



Appendice 1

L'état, par pays, des
législations nationales
en matière de ressources
phytogénétiques
pour l'alimentation et
l'agriculture

LÉGENDE:

X	Législation adoptée avant le 1er janvier 1996
X	Législation adoptée après le 1er janvier 1996
Y	Partie d'une législation adoptée avant le 1er janvier 1996
Y	Partie d'une législation adoptée après le 1er janvier 1996
O	Projet de loi ou législation en voie d'adoption
Z	Partie d'un projet de loi ou d'une législation en voie d'adoption
P	Partie du Traité ou de la Convention avant le 1er janvier 1996
P	Signataire du Traité ou de la Convention après le 1er janvier 1996
S	Signataire du Traité ou de la Convention avant le 1er janvier 1996
S	Partie du Traité ou de la Convention après le 1er janvier 1996
Régional	Accord régional (information qui est fournie uniquement lorsque le pays qui a signé l'accord régional n'a pas adopté la législation nationale)

Sources d'informations:

- <http://www.cbd.int/abs/measures/>
- <http://www.cbd.int/biosafety/parties/reports.shtml>
- <http://www.ecolex.org/start.php>
- <http://faolex.fao.org/faolex/index.htm>
- https://www.ipcc.int/index.php?id=1110520&no_cache=1&type=legislation&cat=4&L=0
- <http://www.unep.org/biosafety/national%20Biosafety%20frameworks.aspx>
- <http://www.upov.int/en/publications/npvlaws/index.html>
- <http://www.wipo.int/clea/en/>

APPENDICE 1

AFRIQUE
AFRIQUE OCCIDENTALE

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences						Protection des plantes				Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité	
	International		National		Certification des semences	Phyto-sanitaire	National	International		National		Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	International	National	
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantageux ²	Droits des agriculteurs				UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité					
Benin	P	P			X				P	Regional			P		X	
Burkina Faso	P	P			X	P	X	P	P	Y			P		X	
Cap-Vert	S	P				P	X	P	P				P		O	
Côte d'Ivoire	P	P			X	P	X	P	P	Regional					O	
Gambie		P	Y				X		P				P		O	
Ghana	P	P		O	X	P	X	P	P	O			P		O	
Guinée	P	P				P	X	P	P	Regional			P		O	
Guinée-Bissau	P	P			X	P	X	P	P	Regional			P		O	
Liberia	P	P				P	X	P					P		O	
Mali	P	P			X	P	X	P	P	Regional			P		O	
Mauritanie	P	P			X	P	X	P	P	Regional			P			
Niger	P	P			X	P	X	P	P	Regional			P		O	
Nigeria	S	P	Y		X	P	X	P	P				P		O	
Sénégal	P	P			X	P	X	P	P	Regional			P		O	

¹ Aucune information n'était disponible pour Andorre et pour la Cisjordanie et la Bande de Gaza...

² La législation sur l'accès et sur le partage des avantages comprend également les approches, les politiques, les cadres et les principes directeurs nationaux sur ce domaine ainsi que les réglementations régissant les banques de gènes.

³ Il est indiqué seulement la loi la plus récente à laquelle le pays a adhéré. Cependant, la couleur ne fait pas référence à la date d'adhésion du pays à la loi la plus récente, mais à la date d'inscription du pays à l'UPOV (avant ou après 1996).

⁴ La législation en matière de droits des obtenteurs est conforme à l'UPOV.

⁵ La législation en matière de protection des variétés végétales (PVP) n'est pas conforme à l'UPOV.

**AFRIQUE
AFRIQUE OCCIDENTALE (suite)**

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences				Protection des plantes		Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité		
	International		National		Inter-national	National	International		National		International	National	
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité
Sierra Leone	P	P				P	X		P				O
Tchad	P	P				P	X		P	Regional		P	O
Togo	P	P				P	X		P	Regional		P	O

**AFRIQUE
AFRIQUE CENTRALE**

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences				Protection des plantes		Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité		
	International		National		Inter-national	National	International		National		International	National	
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité
Cameroun	P	P			X	P	X		P	Y		P	X
Congo	P	P				P	X		P	Regional		P	O
Gabon	P	P				P	X		P	Regional		P	O
Guinée équatoriale		P				P				Regional			
République centrafricaine	P	P				P	X		P	Regional		P	O
Rép. démocratique du Congo	P	P					X		P			P	O
Sao Tomé-et-Principe	P	P				P	X						O

APPENDICE 1

AFRIQUE
AFRIQUE AUSTRALE

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences						Protection des plantes				Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité	
	International		National				Inter-national	National	International		National	International		National	International	National
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité			
Afrique du sud		P	X		X	P	X	P	1978	P	X		P	X		
Angola	P	P	X		X			P					P			
Botswana		P			X	P	X	P					P	O		
Lesotho	P	P	Y					P					P	O		
Malawi	P	P	X	O	X	P	X	P			O		P	X		
Mozambique		P			X	P	X	P					P	O		
Namibie	P	P	O	O	Z	P	O	P			O		P	X		
République-Unie de Tanzanie	P	P	O		X	P	X	P				X	P	X		
Swaziland	S	P			X	P	X	P				X	P	O		
Zambie	P	P	O		X	P	X	P				X	P	X		
Zimbabwe	P	P	Y		X		X	P					P	X		

AFRIQUE
AFRIQUE ORIENTALE

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences						Protection des plantes				Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité	
	International		National		Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	International		National		ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	National
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs				UPOV (loi la plus récente) ³								
Burundi	P	P			X	P	X		P					P		O
Djibouti	P	P				P		P						P		O
Erythrée	P	P			X	P	X							P		O
Éthiopie	P	P	X	O	X	P	X				O			P		O
Kenya	P	P	X		X	P	X	1978	P		X			P		O
Ouganda	P	P	X		X	P	X		P		O			P		X
Rwanda		P			X	P	X		P					P		O
Somalie		P														
Soudan	P	P			X	P	X							P		O

APPENDICE 1

AFRIQUE ÎLES DE L'OcéAN INDIEN

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences						Protection des plantes				Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité	
	International		National				Inter-national	National	International		National		International	National	International	National
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	UPOV (loi la plus récente) ³			ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena				
Comores		P				P	O							P		O
Madagascar	P	P	O		X	P	X			P				P		O
Maurice	P	P				P	X			P		O		P		X
Seychelles	P	P	O			P	X							P		O

**AMÉRIQUES
AMÉRIQUE DU SUD**

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences						Protection des plantes				Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité	
	International		National				Inter-national	National			International	National			International	National
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité			
Argentine	S	P	O		X	P	X	1978	P	X		S	Y			
Bolivie (État plurinational de)		P	X		X	P	X	1978	P	X		P	X			
Brésil	P	P	X	Y	X	P	X	1978	P	X		P	X			
Chili	S	P	O		X	S	X	1978	P	X		S	X			
Colombie	S	P	X		X	P	X	1978	P	X		P	X			
Équateur	P	P	Z		X	P	X	1978	P	X		P	O			
Paraguay	P	P	Y	Y	X	P	X	1978	P	X		P	X			
Pérou	P	P	X		X	P	X		P	X		P	X			
Uruguay	P	P	O		X	P	X	1978	P	X		S	X			
Venezuela (République bolivarienne du)	P	P	X		X	P	X		P		X	P	X			

APPENDICE 1

AMÉRIQUES AMÉRIQUE CENTRALE ET MEXIQUE

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences				Protection des plantes		Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité		
	International		National		Inter-national	National	International		National		International	National	
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité
Costa Rica	P	P	X	Y	X	P	X	1991	P	X		P	X
El Salvador	P	P			X	P	X		P		X	P	X
Guatemala	P	P	Y		X	P	X		P	O		P	X
Honduras	P	P			X	P	X		P			P	X
Mexique		P	X		X	P	X	1978	P	X		P	X
Nicaragua	P	P	Y		X	P	X	1978	P	X		P	O
Panama	P	P	X		X	P	X	1978	P	X		P	X

**AMÉRIQUES
CARAÏBES**

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences						Protection des plantes			Droits de propriété intellectuelle			Biosécurité		
	International		National		Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	National
	TIRPAA	CDB	Droits des agriculteurs	Certification des semences											
Antigua-et-Barbuda		P					P	X		P				P	O
Bahamas		P					P	X						P	O
Barbade		P					P	X		P			X	P	O
Belize		P					P	X		P			X	P	X
Cuba	P	P	Y	Y	X		P	X		P			X	P	X
Dominique		P					P	X		P			X	P	O
Grenada		P					P	X		P				P	O
Guyana		P	O	O			P	X		P				P	O
Haïti	S	P					P	X		P				S	
Jamaïca	P	P					P	X		P				S	O
République dominicaine	S	P	O	X			P	X		P	1991	X		P	O
Sainte-Lucie	P	P					P	X		P				P	O
Saint-Kitts et Nevis		P					P	X		P				P	O
Saint-Vincent-et-les-Grenadines		P					P	X		P			O	P	O

APPENDICE 1

AMÉRIQUES CARAÏBES (suite)

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences				Protection des plantes		Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité		
	International		National		Inter-national	National	International		National		International	National	
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité
Suriname		P				S	X		P			P	O
Trinité-et-Tobago	P	P				P	X	1978	P	X		P	

AMÉRIQUES AMÉRIQUE DU NORD

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences				Protection des plantes		Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité		
	International		National		Inter-national	National	International		National		International	National	
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité
Canada		P			X	P	X	1978	P				
États-Unis d'Amérique	S	S			X	P	X	1991	P	X		S	Y

ASIE ET PACIFIQUE
ASIE DU SUD

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences						Protection des plantes				Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité	
	International		National				Inter-national	National			International		National		International	National
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité			
Bangladesh	P	P	X	X	X	P	X		P		X	P	O			
Bhoutan	P	P	X		X	P	X				X	P	O			
Inde	P	P	X	X	X	P	X		P		X	P	X			
Maldives	P	P				P			P			P				
Népal	P	P	O	O	X	P	X		P		O	S	X			
Sri Lanka		P	O		X	P	X		P		X	P	O			

APPENDICE 1

ASIE ET PACIFIQUE
ASIE DU SUD-EST

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences						Protection des plantes				Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité	
	International		National				Inter-national	National		ADPIC - OMC	National		Protocole de Cartagena	National		
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV		Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³		Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵		Régulations en matière de biosécurité		
Brunéi Darussalam		P	Regional					X		P						
Cambodge	P	P	Regional			P		X		P			P		P	O
Indonésie	P	P	Y		X	P		X		P			P		P	X
Malaisie	P	P	O	Y	X	P		X		P			P		P	X
Myanmar	P	P	Regional		O	P				P			P		P	O
Philippines	P	P	X	O	X	P		X		P			P		P	X
République démocratique populaire lao	P	P	Regional		X	P		X					P			
Singapour		P	Régional		X			X		P	1991					
Thaïlande	S	P	Y	Y	X	P		X		P			P		P	O
Timor-Leste		P														
Viet Nam		P	Y		X	P		X		P	1991		P		P	X

ASIE ET PACIFIQUE
ASIE DE L'EST

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences				Protection des plantes		Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité		
	International		National		Inter-national	National	International	National	International	National	International	National	
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité
Chine		P	Y		X	P	X	1978	P	X		P	X
Japan		P			X	P	X	1991	P	X		P	X
Mongolia		P				P			P			P	O
Republic of Korea	P	P	Y		X	P	X	1991	P	X		P	X
Rép. populaire démocratique de Corée	P	P				P	X					P	O

APPENDICE 1

ASIE ET PACIFIQUE
PACIFIQUE

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences				Protection des plantes		Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité		
	International		National		Inter-national	National	International		National		International	National	
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité
Australie	P	P	Y		X	P	X	1991	P				X
Fidji	P	P				P	X		P			P	
Iles Cook	P	P				P	X					S	O
Iles Marshall	S	P					X					P	
Iles Salomon		P				P	X		P			P	
Kiribati	P	P					X					P	
Micronésie (États fédérés de)		P				P	X						
Nauru		P				P						P	
Nioué		P				P	X					P	O
Nouvelle-Zélande		P	O			P	X	1978	P	X		P	X
Palaos	P	P				P	X					P	O
Papouasie-Nouvelle-Guinée		P				P	X		P			P	O
Samoa	P	P				P	X					P	O
Tonga		P				P	X		P			P	O
Tuvalu		P				P	X						
Vanuatu		P	Y			P	X						O

EUROPE
EUROPE OCCIDENTALE

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences				Protection des plantes				Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité	
	International		National		Inter-national	National	International	National	International	National	International	National	International	National
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité	
Allemagne	P	P	Y	Y	X	P	X	1991	P	X		P	X	
Autriche	P	P	Y	Y	X	P	X	1991	P	X		P	X	
Belgique	P	P			X	P	X	1972	P	X		P	X	
Danemark	P	P	Regional		X	P	X	1991	P	X		P	X	
Espagne	P	P			X	P	X	1991	P	X		P	X	
Finlande	P	P	Regional		X	P	X	1991	P	X		P	X	
France	P	P		Y	X	P	X	1978	P	X		P	X	
Grèce	P	P	X		X	P	X		P	Regional		P	Y	
Irlande	P	P			X	P	X	1978	P	X		P	X	
Islande	P	P	Regional			P	X	1991	P	O	X	S		
Italie	P	P	X	X	X	P	X	1978	P	X		P	X	
Liechtenstein		P							P					
Luxembourg	P	P			X	P	X		P	Regional		P	X	
Monaco		P										S		
Norvège	P	P	Z		X	P	X	1978	P	X		P	X	

APPENDICE 1

EUROPE
EUROPE OCCIDENTALE (suite)

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences				Protection des plantes		Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité		
	International		National		Inter-national	National	International		National		International	National	
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité
Pays-Bas	P	P			X	P	X	1991	P	X		P	X
Portugal	P	P	X		X	P	X	1978	P	X		P	X
Royaume-Uni	P	P			X	P	X	1991	P	X		P	X
Saint-Marin		P											
Suède	P	P	Regional		X	P	X	1991	P	X		P	X
Suisse	P	P			X	P	X	1991	P	X		P	X

EUROPE
EUROPE ORIENTALE

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences						Protection des plantes				Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité	
	International		National				Inter-national	National	International		National		International	National	International	National
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité			
Albanie	P	P	Y		X	P	X	1991	P	X		P	O			
Arménie	P	P			X	P	X		P		X	P	O			
Bélarus		P			X	P	X	1991		X		P	X			
Bosnie-Herzégovine		P				P				O	X	P	O			
Bulgarie		P	Y			P	X	1991	P	X		P	X			
Croatie		P			X	P	X	1991	P	X		P	O			
Estonie		P		Y	X	P	X	1991	P	X		P	X			
Fédération de Russie		P			X	P	X	1991		X			X			
Géorgie		P			X	P	X	1991	P	X		P	O			
Hongrie		P	X		X	P	X	1991	P	X		P	X			
Lettonie		P			X	P	X	1991	P	X		P	X			
l'ex-République yougoslave de Macédoine		S			X	P	X		P	O		P	X			
Lituanie		P	Y		X	P	X	1991	P	X		P	X			
Monténégro		P				P				O	X	P				

APPENDICE 1

EUROPE
EUROPE ORIENTALE (suite)

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences				Protection des plantes		Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité		
	International		National		Inter-national	National	International		National		International	National	
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité
Pologne	P	P			X	P	X	1991	P	X		P	X
République de Moldova		P			X	P	X	1991	P	X		P	X
République tchèque	P	P	X		X	P	X	1991	P	X		P	X
Roumanie	P	P			X	P	X	1991	P	X		P	X
Serbie	S	P			X	P	X			O	X	P	X
Slovaquie		P	X		X	P	X	1991	P	X		P	X
Slovénie	P	P			X	P	X	1991	P	X		P	X
Ukraine		P	O		X	P	X	1991	P	X		P	X

PROCHE-ORIENT
MÉDITERRANÉE DU SUD ET DE L'EST

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences						Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité		
	International		National		Inter-national	National	International	National	International	National	International	National	
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité
Algérie	P	P			X	P	X				X	P	O
Chypre	P	P			X	P	X		P		X	P	X
Égypte	P	P	Y		X	P	X		P	O	X	P	X
Israël		P			X	P	X	1991	P		X		X
Jamahiya arabe libyenne	P	P				P	X					P	O
Jordanie	P	P	O		X	P	X	1991	P	X		P	O
Liban	P	P	O		X	P	X						O
Malte	S	P			X	P	X		P		X	P	X
Maroc	P	P	O		X	P	X	1991	P	X		S	O
République arabe syrienne	P	P	O		X	P	X					P	X
Tunisie	P	P	O		X	P	X	1991	P	X		P	O

APPENDICE 1

PROCHE-ORIENT
ASIE DE L'OUEST

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences				Protection des plantes		Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité		
	International		National		Inter-national	National	International	National		International	National		
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs	Certification des semences	CIPV	Phyto-sanitaire	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	Droits des obtenteurs ⁴	PVP ⁵	Protocole de Cartagena	Régulations en matière de biosécurité
Afghanistan	P	P	Y		X								
Arabie saoudite	P	P				P		P			X	P	
Bahreïn		P				P		P			X		
Émirats arabes unis	P	P			X	P		P					
Iran (République islamique d')	P	P			X	P					X	P	O
Iraq		P			X	P					X		
Koweït	P	P				P		P					
Oman	P	P				P	1991	P	X			P	O
Pakistan	P	P	O		X	P		P		X		P	X
Qatar	P	P				P		P				P	O
Turquie	P	P	Y		X	P	1991	P	X			P	O
Yémen	P	P			X	P				X		P	O

PROCHE-ORIENT
ASIE CENTRALE

Pays ¹	Biodiversité agricole y compris l'accès aux ressources phytogénétiques et aux semences						Protection des plantes				Droits de propriété intellectuelle				Biosécurité		
	International		National		Inter-national	National	Inter-national	National	International	UPOV (loi la plus récente) ³	ADPIC - OMC	National		International	National	International	National
	TIRPAA	CDB	Accès et partage avantages ²	Droits des agriculteurs								Certification des semences	Phyto-sanitaire				
Azerbaïdjan		P			P	X			1991			X		P			
Kazakhstan		P				X							X	P			X
Kirghizistan	P	P			P	X			1991	P		X		P			O
Ouzbékistan		P				X			1991			X					
Tadjikistan		P				X						O		P			X
Turkménistan		P				X										Regional	P



Appendice 2

Principales collections de
matériel génétique, par
culture et par institution

LÉGENDE:

Les collections d'entrées de matériel génétique des cultures principales sont groupées selon les catégories de base des cultures (céréales; légumineuses alimentaires; racines et tubercules; légumes; fruits à coque, fruits et baies; plantes oléagineuses; cultures fourragères; plantes saccharifères; plantes textiles; plantes médicinales, aromatiques, stimulantes et épices; et cultures industrielles et plantes décoratives). Les collections sont classées par institution (indiquée par le sigle et le code WIEWS de l'institution) en ordre descendant, selon la taille de la collection. Le pourcentage des entrées est le pourcentage du total du genre.

Les entrées sont classées par type, exprimé en pourcentage de la collection de l'institution: espèces sauvages; variétés locales/anciens cultivars; cultivars avancés; lignées en sélection.

- ES: espèces sauvages.
- VL: variétés locales/anciens cultivars.
- LS: matériels de recherche/lignées en sélection.
- CA: cultivars avancés.
- AU: autres: type inconnu ou mélange de deux ou plusieurs types.

L'information de cet appendice se base sur le nombre d'entrées, ou d'échantillons, de matériel génétique.

Les noms complets des institutions mentionnées dans le tableau ci-après sont indiqués à la section 'Sigles et abréviations', à la fin du document.

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Céréales										
Blé	<i>Triticum</i>	MEX002	CIMMYT	110 281	13	6	31	50	7	6
Blé	<i>Triticum</i>	USA029	NSGC	57 348	7	4	57	24	14	<1
Blé	<i>Triticum</i>	CHN001	ICGR-CAAS	43 039	5	5				95
Blé	<i>Triticum</i>	IND001	NBPGR	35 889	4	4	2	9	1	84
Blé	<i>Triticum</i>	SYR002	ICARDA	34 951	4	5	75		<1	21
Blé	<i>Triticum</i>	JPN003	NIAS	34 652	4	3	4	31		61
Blé	<i>Triticum</i>	RUS001	VIR	34 253	4	1	43	20	35	<1
Blé	<i>Triticum</i>	ITA004	IGV	32 751	4	2	98			
Blé	<i>Triticum</i>	DEU146	IPK	26 842	3	4	49	12	32	4
Blé	<i>Triticum</i>	AUS003	TAMAWC	23 811	3		3	50	32	16
Blé	<i>Triticum</i>	IRN029	NPGBI-SPII	18 442	2					100
Blé	<i>Triticum</i>	KAZ023	RIA	18 000	2					100
Blé	<i>Triticum</i>	BRA015	CNPT	13 464	2					100
Blé	<i>Triticum</i>	ETH085	IBC	13 421	2		100			<1
Blé	<i>Triticum</i>	BGR001	IPGR	12 539	1	<1	9	7	2	82
Blé	<i>Triticum</i>	POL003	IHAR	11 586	1		3	88	7	3
Blé	<i>Triticum</i>	FRA040	INRA-CLERMON	10 715	1					100
Blé	<i>Triticum</i>	CAN004	PGRC	10 514	1	19	14	35	28	3
Blé	<i>Triticum</i>	CZE122	RICP	10 419	1	2	7	27	64	<1
Blé	<i>Triticum</i>	GBR011	IPSR	9 462	1		11	28	25	36
Blé	<i>Triticum</i>	CHL008	INIA QUIL	9 333	1					100
Blé	<i>Triticum</i>	UZB006	UzRIPI	9 277	1					100
Blé	<i>Triticum</i>	HUN003	RCA	8 569	1		2	<1	12	86
Blé	<i>Triticum</i>	CYP004	ARI	7 696	1		1	99		
Blé	<i>Triticum</i>	CHE001	RAC	7 266	1					100
Blé	<i>Triticum</i>	UKR001	IR	7 220	1		4	42	53	1
Blé	<i>Triticum</i>	PER002	UNALM	7 000	1					100
Blé	<i>Triticum</i>		Autres (202)	237 428	28	5	14	15	22	44
Blé	<i>Triticum</i>		Total	856 168	100	4	24	20	13	39

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Céréales										
Riz	<i>Oryza</i>	PHL001	IRRI	109 136	14	4	44	9	3	39
Riz	<i>Oryza</i>	IND001	NBPGR	86 119	11	1	18	<1	12	69
Riz	<i>Oryza</i>	CHN121	CNRRI	70 104	9	1	70	13	9	7
Riz	<i>Oryza</i>	JPN003	NIAS	44 489	6	<1	22	19		59
Riz	<i>Oryza</i>	KOR011	RDAGB-GRD	26 906	3	5	5	13	4	74
Riz	<i>Oryza</i>	USA970	DB NRRC	23 090	3	<1	5	93	2	
Riz	<i>Oryza</i>	CIV033	WARDA	21 527	3	1	47	51		1
Riz	<i>Oryza</i>	THA399	BRDO	20 000	3		100			
Riz	<i>Oryza</i>	LAO010	NARC	13 193	2		100			
Riz	<i>Oryza</i>	MYS117	SR, MARDI	11 596	1	1	99			
Riz	<i>Oryza</i>	BRA008	CNPAF	10 980	1					100
Riz	<i>Oryza</i>	CIV005	IDESSA	9 675	1					100
Riz	<i>Oryza</i>	FRA014	Cirad	7 306	1					100
Riz	<i>Oryza</i>	BGD002	BRRRI	6 259	1	2	79	14		5
Riz	<i>Oryza</i>	VNM049	PRC	6 083	1					100
Riz	<i>Oryza</i>	IDN009	CRISA	5 917	1					100
Riz	<i>Oryza</i>	PHL158	PhilRice	5 000	1		100			
Riz	<i>Oryza</i>	PAK001	PGRI	4 949	1		100			
Riz	<i>Oryza</i>	PER017	INIA-EEA.POV	4 678	1				100	
Riz	<i>Oryza</i>		Autres (160)	286 941	37	3	26	6	11	54
Riz	<i>Oryza</i>		Total	773 948	100	2	35	11	7	45
Orge	<i>Hordeum</i>	CAN004	PGRC	40 031	9	12	41	27	13	7
Orge	<i>Hordeum</i>	USA029	NSGC	29 874	6	7	56	23	15	
Orge	<i>Hordeum</i>	BRA003	CENARGEN	29 227	6					100
Orge	<i>Hordeum</i>	SYR002	ICARDA	26 679	6	7	67		<1	25
Orge	<i>Hordeum</i>	JPN003	NIAS	23 471	5	<1	6	15		79
Orge	<i>Hordeum</i>	DEU146	IPK	22 093	5	6	56	12	24	2
Orge	<i>Hordeum</i>	CHN001	ICGR-CAAS	18 617	4					100
Orge	<i>Hordeum</i>	KOR011	RDAGB-GRD	17 660	4		25	10	<1	64
Orge	<i>Hordeum</i>	RUS001	VIR	16 791	4		25			75
Orge	<i>Hordeum</i>	ETH085	IBC	16 388	4		94			6

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Céréales										
Orge	<i>Hordeum</i>	MEX002	CIMMYT	15 473	3	<1	3	77	11	9
Orge	<i>Hordeum</i>	SWE054	NORDGEN	14 109	3	5	5	84	4	2
Orge	<i>Hordeum</i>	GBR011	IPSR	10 838	2		17	30	23	29
Orge	<i>Hordeum</i>	IND001	NBPGR	9 161	2	11	3	13	2	71
Orge	<i>Hordeum</i>	AUS091	SPB-UWA	9 031	2					100
Orge	<i>Hordeum</i>	IRN029	NPGBI-SPII	7 816	2					100
Orge	<i>Hordeum</i>	ISR003	ICCI-TELAVUN	6 658	1	100	<1			<1
Orge	<i>Hordeum</i>	POL003	IHAR	6 184	1		2	94	2	2
Orge	<i>Hordeum</i>	BGR001	IPGR	6 171	1	<1	<1	4	7	88
Orge	<i>Hordeum</i>		Autres (180)	140 259	30	4	12	13	11	60
Orge	<i>Hordeum</i>		Total	466 531	100	5	23	17	8	47
Maïs										
Maïs	<i>Zea</i>	MEX002	CIMMYT	26 596	8	1	89	2	8	
Maïs	<i>Zea</i>	PRT001	BPGV-DRAEDM	24 529	7		8	91	1	
Maïs	<i>Zea</i>	USA020	NC7	19 988	6	2	79	17	2	1
Maïs	<i>Zea</i>	CHN001	ICGR-CAAS	19 088	6					100
Maïs	<i>Zea</i>	MEX008	INIFAP	14 067	4	1				99
Maïs	<i>Zea</i>	RUS001	VIR	10 483	3		31			69
Maïs	<i>Zea</i>	IND001	NBPGR	6 909	2	6	16	15	2	61
Maïs	<i>Zea</i>	JPN003	NIAS	5 935	2		7	4		88
Maïs	<i>Zea</i>	SRB001	MRIZP	5 475	2		55	45		
Maïs	<i>Zea</i>	COL029	CORPOICA	5 234	2					100
Maïs	<i>Zea</i>	ROM007	BRGV Suceava	4 815	1		69	28	3	<1
Maïs	<i>Zea</i>	BGR001	IPGR	4 700	1		23	14	<1	63
Maïs	<i>Zea</i>	FRA041	INRA-Montpellier	4 139	1		28	72		
Maïs	<i>Zea</i>	BRA003	CENARGEN	4 112	1					100
Maïs	<i>Zea</i>	UKR001	IR	3 974	1		13	83	5	<1
Maïs	<i>Zea</i>	PER002	UNALM	3 023	1		100			
Maïs	<i>Zea</i>	VNM237	SSJC	2 914	1			100		
Maïs	<i>Zea</i>	HUN003	RCA	2 765	1		38	8	3	51
Maïs	<i>Zea</i>	ARG1346	BAP	2 584	1		100			
Maïs	<i>Zea</i>	ESP004	INIACRF	2 344	1	<1	95	1		4

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Céréales										
Maïs	<i>Zea</i>	UZB006	UzRIPI	2 200	1					100
Maïs	<i>Zea</i>	GRC001	CERi	2 048	1			85	14	<1
Maïs	<i>Zea</i>	PHL130	IPB-UPLB	2 013	1	<1	100			
Maïs	<i>Zea</i>	ECU021	EETP	2 000	1				100	
Maïs	<i>Zea</i>		Autres (257)	145 997	45	<1	29	17	5	49
Maïs	<i>Zea</i>		Total	327 932	100	1	33	21	4	42
Sorgho	<i>Sorghum</i>	IND002	ICRISAT	37 904	16	1	86	13	<1	
Sorgho	<i>Sorghum</i>	USA016	S9	36 173	15	1	41	8	3	48
Sorgho	<i>Sorghum</i>	CHN001	ICGR-CAAS	18 263	8					100
Sorgho	<i>Sorghum</i>	IND001	NBPGR	17 466	7	15	73	1	1	10
Sorgho	<i>Sorghum</i>	ETH085	IBC	9 772	4		100			<1
Sorgho	<i>Sorghum</i>	BRA001	CNPMS	7 225	3					100
Sorgho	<i>Sorghum</i>	Ken015	KARI-NGBK	5 866	2	2	52	<1	1	44
Sorgho	<i>Sorghum</i>	JPN003	NIAS	5 074	2	<1	6	12		81
Sorgho	<i>Sorghum</i>	AUS048	ATCFE	4 487	2	8	2	70	6	15
Sorgho	<i>Sorghum</i>	MEX008	INIFAP	3 990	2					100
Sorgho	<i>Sorghum</i>	RUS001	VIR	3 963	2		16	3	1	81
Sorgho	<i>Sorghum</i>	FRA202	ORSTOM-MONTP	3 859	2	1			99	
Sorgho	<i>Sorghum</i>	ZMB030	SPGRC	3 720	2	1	99			<1
Sorgho	<i>Sorghum</i>	ARG1342	BBC-INTA	3 249	1					100
Sorgho	<i>Sorghum</i>	SDN001	ARC	3 145	1					100
Sorgho	<i>Sorghum</i>	MLI070	URG	2 673	1		100			
Sorgho	<i>Sorghum</i>	UGA001	SAARI	2 635	1					100
Sorgho	<i>Sorghum</i>	VEN152	DANAC	2 068	1			100		
Sorgho	<i>Sorghum</i>	HND005	EAPZ	2 000	1					100
Sorgho	<i>Sorghum</i>		Autres (153)	62 156	26	<1	14	10	11	63
Sorgho	<i>Sorghum</i>		Total	235 688	100	2	38	9	5	47
Avoine	<i>Avena</i>	CAn004	pGRC	27 676	21	55	12	20	12	1
Avoine	<i>Avena</i>	USA029	nSGC	21 195	16	49	14	24	13	

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Céréales										
Avoine	<i>Avena</i>	RUS001	VIR	11 857	9	19	41	<1	1	39
Avoine	<i>Avena</i>	DEU146	IPK	4 799	4	15	33	9	38	4
Avoine	<i>Avena</i>	KEN015	KARI-NGBK	4 197	3	<1				100
Avoine	<i>Avena</i>	AUS003	TAMAWC	3 674	3			<1	<1	99
Avoine	<i>Avena</i>	CHN001	ICGR-CAAS	3 357	3					100
Avoine	<i>Avena</i>	GBR011	IPSR	2 598	2	<1	17	22	53	8
Avoine	<i>Avena</i>	POL003	IHAR	2 328	2	<1	5	44	48	3
Avoine	<i>Avena</i>	BGR001	IPGR	2 311	2	<1	1	6	2	91
Avoine	<i>Avena</i>	MAR088	INRA CRRAS	2 133	2		<1			100
Avoine	<i>Avena</i>	CZE047	KROME	2 011	2	<1	3	1	53	42
Avoine	<i>Avena</i>	ISR003	ICCI-TELAUVUN	1 604	1	100				
Avoine	<i>Avena</i>	JPN003	NIAS	1 540	1		2	6		92
Avoine	<i>Avena</i>	FRA010	INRA-RENNES	1 504	1					100
Avoine	<i>Avena</i>	ESP004	INIACRF	1 318	1	<1	97		1	1
Avoine	<i>Avena</i>	HUN003	RCA	1 301	1	<1	6		8	86
Avoine	<i>Avena</i>	ARG1224	EEA INTA Bordenave	1 287	1			100		
Avoine	<i>Avena</i>	PER002	UNALM	1 200	1					100
Avoine	<i>Avena</i>	IND027	IGFRI	1 125	1					100
Avoine	<i>Avena</i>		Autres (104)	31 638	24	3	12	7	13	66
Avoine	<i>Avena</i>		Total	130 653	100	24	14	13	12	37
Mil à chandelle	<i>Pennisetum</i>	IND002	ICRISAT	21 583	33	3	86	9	1	1
Mil à chandelle	<i>Pennisetum</i>	BRA001	CNPMS	7 225	11					100
Mil à chandelle	<i>Pennisetum</i>	IND064	NBPGR	5 772	9		100			
Mil à chandelle	<i>Pennisetum</i>	FRA202	ORSTOM-MONTP	4 405	7	8		10	82	
Mil à chandelle	<i>Pennisetum</i>	CAN004	PGRC	3 816	6	1	98	<1	<1	1
Mil à chandelle	<i>Pennisetum</i>	NER047	ICRISAT	2 817	4		100			
Mil à chandelle	<i>Pennisetum</i>	UGA001	SAARI	2 142	3					100
Mil à chandelle	<i>Pennisetum</i>	USA016	S9	2 063	3	1	28	3	1	68
Mil à chandelle	<i>Pennisetum</i>		Autres (96)	15 624	24	10	57	3	1	29
Mil à chandelle	<i>Pennisetum</i>		Total	65 447	100	4	62	4	6	24

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Céréales										
Millet	<i>Setaria</i>	CHN001	ICGR-CAAS	26 233	56					100
Millet	<i>Setaria</i>	IND001	NBPGR	4 392	9	<1	17		<1	82
Millet	<i>Setaria</i>	FRA202	ORSTOM-MONTP	3 500	8					100
Millet	<i>Setaria</i>	JPN003	NIAS	2 531	5	1	38	1		60
Millet	<i>Setaria</i>	IND002	ICRISAT	1 535	3	4	96			
Millet	<i>Setaria</i>	USA020	NC7	1 010	2	2	11	1	2	84
Millet	<i>Setaria</i>		Autres (74)	7 405	16	8	51	1	2	38
Millet	<i>Setaria</i>		Total	46 606	100	1	15	<1	<1	83
Blé	<i>Aegilops</i>	ISR003	ICCI-TELAVUN	9 146	22	100				<1
Blé	<i>Aegilops</i>	SYR002	ICARDA	3 847	9	100				<1
Blé	<i>Aegilops</i>	IRN029	NPGBI-SPII	2 653	6	99				1
Blé	<i>Aegilops</i>	JPN003	NIAS	2 433	6	5				95
Blé	<i>Aegilops</i>	RUS001	VIR	2 248	5					100
Blé	<i>Aegilops</i>	USA029	NSGC	2 207	5	100				
Blé	<i>Aegilops</i>	ARM035	LPGPB	1 827	4	100		<1		
Blé	<i>Aegilops</i>	DEU146	IPK	1 526	4	100				<1
Blé	<i>Aegilops</i>	MEX002	CIMMYT	1 326	3	99		<1		<1
Blé	<i>Aegilops</i>	FRA010	INRA-RENNES	1 070	3					100
Blé	<i>Aegilops</i>		Autres (52)	12 643	31	81	3	2		14
Blé	<i>Aegilops</i>		Total	40 926	100	80	1	1		18
Blé	<i>Triticosecale</i>	MEX002	CIMMYT	17 394	46	<1		97	3	<1
Blé	<i>Triticosecale</i>	RUS001	VIR	2 030	5					100
Blé	<i>Triticosecale</i>	USA029	NSGC	2 009	5		1	83	16	
Blé	<i>Triticosecale</i>	CAN091	SCRDC-AAFC	2 000	5					100
Blé	<i>Triticosecale</i>	UKR001	IR	1 748	5			86	13	1
Blé	<i>Triticosecale</i>	POLO25	LUBLIN	1 748	5			63	33	3
Blé	<i>Triticosecale</i>	DEU146	IPK	1 577	4		2	81	17	<1
Blé	<i>Triticosecale</i>		Autres (62)	8 934	24	4	<1	36	11	49
Blé	<i>Triticosecale</i>		Total	37 440	100	1	<1	68	8	23

APPENDIX 2

TABEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Céréales										
Millet	<i>Eleusine</i>	IND001	NBPGR	9 522	27	<1	18	<1	1	80
Millet	<i>Eleusine</i>	IND002	ICRISAT	5 949	17	2	95	1	2	
Millet	<i>Eleusine</i>	KEN015	KARI-NGBK	2 931	8	3	61	1		35
Millet	<i>Eleusine</i>	ETH085	IBC	2 173	6	<1	100			<1
Millet	<i>Eleusine</i>	UGA001	SAARI	1 231	3					100
Millet	<i>Eleusine</i>	ZMB030	SPGRC	1 040	3	<1	100			<1
Millet	<i>Eleusine</i>	NPL055	CPBBD	869	2		100			
Millet	<i>Eleusine</i>	USA016	S9	766	2		<1			100
Millet	<i>Eleusine</i>		Autres (38)	10 901	31	1	71	<1	<1	28
Millet	<i>Eleusine</i>		Total	35 382	100	1	59	<1	1	39
Amarante	<i>Amaranthus</i>	IND001	NBPGR	5 760	20	6	25		5	65
Amarante	<i>Amaranthus</i>	USA020	NC7	3 341	12	11	22	4	4	59
Amarante	<i>Amaranthus</i>	BRA003	CENARGEN	2 328	8					100
Amarante	<i>Amaranthus</i>	PER027	UNSAAC/CICA	1 600	6		100			
Amarante	<i>Amaranthus</i>	CHN001	ICGR-CAAS	1 459	5					100
Amarante	<i>Amaranthus</i>		Autres (106)	13 825	49	6	47	3	1	42
Amarante	<i>Amaranthus</i>		Total	28 313	100	5	36	2	2	54
Sègle	<i>Secale</i>	RUS001	VIR	2 928	14		34			66
Sègle	<i>Secale</i>	DEU146	IPK	2 392	11	9	27	27	30	7
Sègle	<i>Secale</i>	POL003	IHAR	2 266	11	<1	12	86		2
Sègle	<i>Secale</i>	USA029	NSGC	2 106	10	4	77	3	16	1
Sègle	<i>Secale</i>	CAN004	PGRC	1 446	7	10	23	16	47	3
Sègle	<i>Secale</i>	BGR001	IPGR	1 248	6	<1	3	61	<1	35
Sègle	<i>Secale</i>		Autres (88)	8 806	42	9	26	12	17	36
Sègle	<i>Secale</i>		Total	21 192	100	6	29	22	15	27
Chénopode	<i>Chenopodium</i>	BOL138	BNGGA-PROINPA	4 312	27	9	91			
Chénopode	<i>Chenopodium</i>	PER014	INIA-EEA.ILL	1 396	9		18			82
Chénopode	<i>Chenopodium</i>	DEU146	IPK	1 056	6	93	1		<1	6

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Céréales										
Chénopode	<i>Chenopodium</i>	ECU023	DENAREF	681	4	2	62	2	3	32
Chénopode	<i>Chenopodium</i>	ARG1191	UBA-FA	500	3	100	100			
Chénopode	<i>Chenopodium</i>	COL006	U.NACIONAL	300	2	100				100
Chénopode	<i>Chenopodium</i>		Autres (69)	8 018	49	6	49	<1	1	44
Chénopode	<i>Chenopodium</i>		Total	16 263	100	11	55	<1	1	32
Teff	<i>Eragrostis</i>	ETH085	IBC	4 741	54	100	100			
Teff	<i>Eragrostis</i>	USA022	W6	1 302	15	44	15	<1	4	37
Teff	<i>Eragrostis</i>	KEN015	KARI-NGBK	1 051	12	5	<1	95		95
Teff	<i>Eragrostis</i>	JPN003	niAS	327	4	8	2	1	89	89
Teff	<i>Eragrostis</i>	IND001	NBPGR	269	3	6	94			94
Teff	<i>Eragrostis</i>	MEX035	CIFAP-CAL	258	3	100				100
Teff	<i>Eragrostis</i>		Autres (42)	872	10	60	13	1	1	24
Teff	<i>Eragrostis</i>		Total	8 820	100	14	57	<1	1	28

Légumineuses alimentaires										
Haricot	<i>Phaseolus</i>	COL003	CIAT	35 891	14	6	85	2	7	
Haricot	<i>Phaseolus</i>	USA022	W6	14 674	6	6	67	3	21	4
Haricot	<i>Phaseolus</i>	BRA008	CNPAF	14 460	6					100
Haricot	<i>Phaseolus</i>	MEX008	INIFAP	12 752	5	17				83
Haricot	<i>Phaseolus</i>	DEU146	IPK	8 680	3	1	66	4	28	1
Haricot	<i>Phaseolus</i>	CHN001	ICGR-CAAS	7 365	3					100
Haricot	<i>Phaseolus</i>	RUS001	VIR	6 144	2		22	20	3	55
Haricot	<i>Phaseolus</i>	MWI004	BCA	6 000	2		100			
Haricot	<i>Phaseolus</i>	HUN003	RCA	4 350	2		70	<1	<1	30
Haricot	<i>Phaseolus</i>	IDN002	LBN	3 846	1					100
Haricot	<i>Phaseolus</i>	KEN015	KARI-NGBK	3 534	1	<1	34	3	35	28
Haricot	<i>Phaseolus</i>	BGR001	IPGR	3 220	1		32		<1	68
Haricot	<i>Phaseolus</i>	ECU023	DENAREF	3 102	1	2	6	17	<1	75
Haricot	<i>Phaseolus</i>	RWA002	ISAR	3 075	1					100
Haricot	<i>Phaseolus</i>	ESP004	INIACRF	3 038	1		98	<1	<1	1

APPENDIX 2

TABEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Légumineuses alimentaires										
Haricot	<i>Phaseolus</i>		Autres (231)	131 832	50	1	30	5	13	52
Haricot	<i>Phaseolus</i>		Total	261 963	100	2	39	4	10	45
Soja	<i>Glycine</i>	CHN001	ICGR-CAAS	32 021	14	21				79
Soja	<i>Glycine</i>	USA033	SOY	21 075	9	10	80	5	4	1
Soja	<i>Glycine</i>	KOR011	RDAGB-GRD	17 644	8	<1	45	5	1	50
Soja	<i>Glycine</i>	TWN001	AVRDC	15 314	7		<1		<1	100
Soja	<i>Glycine</i>	BRA014	CNPSO	11 800	5					100
Soja	<i>Glycine</i>	JPN003	NIAS	11 473	5	5	33	21		40
Soja	<i>Glycine</i>	RUS001	VIR	6 439	3		9	40	41	11
Soja	<i>Glycine</i>	IND016	AICRP-Soybean	4 022	2	<1				100
Soja	<i>Glycine</i>	CIV005	IDESSA	3 727	2					100
Soja	<i>Glycine</i>	TWN006	TARI	2 745	1					100
Soja	<i>Glycine</i>	DEU146	IPK	2 661	1	1	23	53	23	
Soja	<i>Glycine</i>	ZWE003	CBICAU	2 236	1					100
Soja	<i>Glycine</i>	IDN182	ICRR	2 198	1	<1				100
Soja	<i>Glycine</i>	AUS048	ATCFE	2 121	1	3	<1	38	52	6
Soja	<i>Glycine</i>	NGA039	IITA	1 909	1		5	4	1	90
Soja	<i>Glycine</i>	FRA060	AMFO	1 582	1					100
Soja	<i>Glycine</i>	THA005	FCRI-DAVTH	1 510	1			100		
Soja	<i>Glycine</i>	MEX001	INIA-Iguala	1 500	1					100
Soja	<i>Glycine</i>	PHL130	IPB-UPLB	1 381	1		100			
Soja	<i>Glycine</i>	UKR001	IR	1 288	1	3	1	21	72	3
Soja	<i>Glycine</i>	COL017	ICA/REGION 1	1 235	1		<1	64	13	22
Soja	<i>Glycine</i>	SRB002	IFVCNS	1 200	1				100	
Soja	<i>Glycine</i>	ROM002	ICCPT Fundul	1 024	<1			62	38	<1
Soja	<i>Glycine</i>		Autres (166)	81 839	36	7	11	4	27	51
Soja	<i>Glycine</i>		Total	229 944	100	6	17	7	13	56
Arachide	<i>Arachis</i>	IND002	ICRISAT	15 419	12	3	46	32	7	13
Arachide	<i>Arachis</i>	IND001	NBPGR	13 144	10	7	15	1	5	72
Arachide	<i>Arachis</i>	USA016	S9	9 964	8	2	19	15	3	61

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Légumineuses alimentaires										
Arachide	<i>Arachis</i>	ARG1342	BBC-INTA	8 347	6	4				96
Arachide	<i>Arachis</i>	NER047	ICRISAT	7 262	6		100			
Arachide	<i>Arachis</i>	CHN001	ICGR-CAAS	6 565	5					100
Arachide	<i>Arachis</i>	BRA214	CENARGEN	2 042	2					100
Arachide	<i>Arachis</i>	THA005	FCRI-DA/TH	2 030	2			100		
Arachide	<i>Arachis</i>	IDN179	ICABIOGRAD	1 730	1					100
Arachide	<i>Arachis</i>	RUS001	VIR	1 667	1		41	40	19	
Arachide	<i>Arachis</i>	ZMB014	MRS	1 500	1					100
Arachide	<i>Arachis</i>	UZB006	UzRIPI	1 438	1					100
Arachide	<i>Arachis</i>	PHL130	IPB-UPLB	1 272	1		100			
Arachide	<i>Arachis</i>	AUS048	ATCFC	1 196	1	5	14	61	11	8
Arachide	<i>Arachis</i>	JPN003	NIAS	1 181	1	1	22	13		64
Arachide	<i>Arachis</i>	BOL160	CIFP	1 040	1	2	98			
Arachide	<i>Arachis</i>		Autres (130)	52 638	41	3	34	6	6	51
Arachide	<i>Arachis</i>		Total	128 435	100	3	31	10	4	52
Pois chiche										
Pois chiche	<i>Cicer</i>	IND002	ICRISAT	20 140	20	1	91	6	<1	1
Pois chiche	<i>Cicer</i>	IND001	NBPGR	14 704	15	2	13	<1	13	72
Pois chiche	<i>Cicer</i>	SYR002	ICARDA	13 219	13	2	52		<1	46
Pois chiche	<i>Cicer</i>	AUS039	ATFCC	8 655	9	3	28	38	30	2
Pois chiche	<i>Cicer</i>	USA022	W6	6 195	6	3	91	1	5	<1
Pois chiche	<i>Cicer</i>	IRN029	NPGBI-SPII	5 700	6					100
Pois chiche	<i>Cicer</i>	PAK001	PGRI	2 146	2	1	99			
Pois chiche	<i>Cicer</i>	RUS001	VIR	2 091	2		5			95
Pois chiche	<i>Cicer</i>	TUR001	AARI	2 075	2	1	99		<1	
Pois chiche	<i>Cicer</i>	MEX001	INIA-Iguala	1 600	2					100
Pois chiche	<i>Cicer</i>	ETH085	IBC	1 173	1		99			1
Pois chiche	<i>Cicer</i>	HUN003	RCA	1 170	1	<1	2	14		83
Pois chiche	<i>Cicer</i>	UZB006	UzRIPI	1 055	1					100
Pois chiche	<i>Cicer</i>	UKR001	IR	1 021	1		16	73	11	<1
Pois chiche	<i>Cicer</i>		Autres (104)	17 369	18	1	50	7	4	38
Pois chiche	<i>Cicer</i>		Total	98 313	100	1	50	7	6	36

APPENDIX 2

TABEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Légumineuses alimentaires										
Pois	<i>Pisum</i>	AUS039	ATFCC	7 230	8	1	36	20	13	31
Pois	<i>Pisum</i>	RUS001	VIR	6 653	7	<1	13	<1		87
Pois	<i>Pisum</i>	SYR002	ICARDA	6 129	7	4	27		<1	69
Pois	<i>Pisum</i>	DEU146	IPK	5 508	6	1	33	6	55	6
Pois	<i>Pisum</i>	USA022	W6	5 399	6	3	53	2	27	14
Pois	<i>Pisum</i>	ITA004	IGV	4 090	4					100
Pois	<i>Pisum</i>	CHN001	ICGR-CAAS	3 825	4					100
Pois	<i>Pisum</i>	GBR165	SASA	3 302	4	3	<1	5		92
Pois	<i>Pisum</i>	IND001	NBPGR	3 070	3	<1	9	<1	5	86
Pois	<i>Pisum</i>	POL033	SHRWIAT	2 960	3	<1				100
Pois	<i>Pisum</i>	SWE054	NORDGEN	2 821	3	2	16	54	15	14
Pois	<i>Pisum</i>	BRA012	CNPH	1 958	2					100
Pois	<i>Pisum</i>	ETH085	IBC	1 768	2		99			1
Pois	<i>Pisum</i>	UKR001	IR	1 671	2	<1	4	3	46	47
Pois	<i>Pisum</i>	BGR001	IPGR	1 589	2	<1	<1	17	3	79
Pois	<i>Pisum</i>	SRB002	IFVCNS	1 578	2				100	
Pois	<i>Pisum</i>	CZE090	SUMPERK	1 276	1	2	4	19	74	1
Pois	<i>Pisum</i>	HUN003	RCA	1 199	1		6	<1	3	90
Pois	<i>Pisum</i>	CHL004	INIA CARI	1 142	1		100			
Pois	<i>Pisum</i>	NLD037	CGN	1 002	1	2	34	9	50	5
Pois	<i>Pisum</i>	FRA065	INRA-VERSAIL	1 000	1					100
Pois	<i>Pisum</i>		Autres (149)	28 831	31	3	14	12	20	51
Pois	<i>Pisum</i>		Total	94 001	100	2	19	8	17	54
Niébé	<i>Vigna</i>	NGA039	IITA	15 588	24	4	64	8	<1	24
Niébé	<i>Vigna</i>	USA016	S9	8 043	12	2	62	<1	<1	35
Niébé	<i>Vigna</i>	BRA003	CENARGEN	5 501	8					100
Niébé	<i>Vigna</i>	IDN002	LBN	3 930	6					100
Niébé	<i>Vigna</i>	IND001	NBPGR	3 317	5	<1	9	<1	12	79
Niébé	<i>Vigna</i>	CHN001	ICGR-CAAS	2 818	4					100
Niébé	<i>Vigna</i>	JPN003	NIAS	2 431	4	<1	13	<1		86
Niébé	<i>Vigna</i>	PHL130	IPB-UPLB	1 821	3		100			

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Légumineuses alimentaires										
Niébé	<i>Vigna</i>	BWA002	DAR	1 435	2	<1	4			95
Niébé	<i>Vigna</i>	RUS001	VIR	1 337	2		9			91
Niébé	<i>Vigna</i>	TWN001	AVRDC	1 152	2		28		3	69
Niébé	<i>Vigna</i>		Autres (114)	17 950	27	7	46	6	3	38
Niébé	<i>Vigna</i>		Total	65 323	100	3	40	4	2	52
Lentille	<i>Lens</i>	SYR002	ICARDA	10 864	19	5	41		<1	54
Lentille	<i>Lens</i>	IND001	NBPGR	9 989	17	<1	2	<1	1	97
Lentille	<i>Lens</i>	AUS039	ATFCC	5 251	9	4	54	10	5	26
Lentille	<i>Lens</i>	IRN029	NPGBI-SPII	3 011	5	11	52			37
Lentille	<i>Lens</i>	USA022	W6	2 874	5	5	79	1	6	10
Lentille	<i>Lens</i>	RUS001	VIR	2 375	4		70	<1	4	26
Lentille	<i>Lens</i>	CHL004	INIA CARI	1 345	2					100
Lentille	<i>Lens</i>	CAN004	PGRC	1 171	2	1	7	<1	3	88
Lentille	<i>Lens</i>	HUN003	RCA	1 074	2		3	1		96
Lentille	<i>Lens</i>	TUR001	AARI	1 073	2	1	98		1	
Lentille	<i>Lens</i>	ARM006	SCAPP	1 001	2			99	1	
Lentille	<i>Lens</i>		Autres (94)	18 377	31	2	38	4	4	52
Lentille	<i>Lens</i>		Total	58 405	100	3	36	4	3	55
Fève	<i>Vicia</i>	SYR002	ICARDA	9 186	21		26		<1	74
Fève	<i>Vicia</i>	CHN001	ICGR-CAAS	4 207	10					100
Fève	<i>Vicia</i>	AUS039	ATFCC	2 565	6	<1	46	30	<1	24
Fève	<i>Vicia</i>	DEU146	IPK	1 921	4	<1	68	13	17	1
Fève	<i>Vicia</i>	FRA010	INRA-RENNES	1 700	4		59		41	
Fève	<i>Vicia</i>	ECU003	UC-ICN	1 650	4					100
Fève	<i>Vicia</i>	ITA004	IGV	1 420	3					100
Fève	<i>Vicia</i>	RUS001	VIR	1 259	3		2	3		95
Fève	<i>Vicia</i>	ESP004	INIACRF	1 252	3		91	2	5	2
Fève	<i>Vicia</i>	ETH085	IBC	1 143	3		100			
Fève	<i>Vicia</i>		Autres (122)	17 392	40	2	34	15	11	38
Fève	<i>Vicia</i>		Total	43 695	100	1	32	9	7	52

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Légumineuses alimentaires										
Cajan	<i>Cajanus</i>	IND002	ICRISAT	13 289	33	2	62	36	1	<1
Cajan	<i>Cajanus</i>	IND001	NBPGR	12 859	32	4	30	2	4	60
Cajan	<i>Cajanus</i>	KEN015	KARI-NGBK	1 288	3	<1	73	4	2	21
Cajan	<i>Cajanus</i>	PHL130	IPB-UPLB	629	2	100	100			
Cajan	<i>Cajanus</i>	AUS048	ATCFC	406	1	50	12	23	1	13
Cajan	<i>Cajanus</i>		Autres (85)	12 349	30	3	50	2	1	45
Cajan	<i>Cajanus</i>		Total	40 820	100	3	49	13	2	33
Lupin	<i>Lupinus</i>	AUS002	WADA	3 880	10	52	19	21	8	<1
Lupin	<i>Lupinus</i>	DEU146	IPK	2 464	6	17	47	9	15	11
Lupin	<i>Lupinus</i>	RUS001	VIR	2 411	6	24	39	19	19	19
Lupin	<i>Lupinus</i>	FRA001	INRA-Poitou	2 046	5	13	85	2		2
Lupin	<i>Lupinus</i>	PER003	UNSAAC	1 940	5	7	93			
Lupin	<i>Lupinus</i>	ESP010	SIAEX	1 519	4	46	47	1	4	2
Lupin	<i>Lupinus</i>	GBR045	RNG	1 300	3	100				100
Lupin	<i>Lupinus</i>	USA022	W6	1 294	3	46	38	1	9	6
Lupin	<i>Lupinus</i>	CHL004	INIA CARI	1 259	3	100	100			
Lupin	<i>Lupinus</i>	POL033	SHRWIAT	1 049	3	48	17	35		35
Lupin	<i>Lupinus</i>		Autres (98)	18 888	50	12	19	4	6	60
Lupin	<i>Lupinus</i>		Total	38 050	100	18	27	12	6	36
Pois bambara	<i>Vigna</i>	NGA039	IITA	2 031	33	<1	100			
Pois bambara	<i>Vigna</i>	FRA202	ORSTOM-MONTP	1 416	23		100			
Pois bambara	<i>Vigna</i>	BWA002	DAR	338	6	2	98			98
Pois bambara	<i>Vigna</i>	GHA091	PGRRI	296	5	100				100
Pois bambara	<i>Vigna</i>	TZA016	NPGRC	283	5	<1	81	18		18
Pois bambara	<i>Vigna</i>	ZMB030	SPGRC	232	4	100	100			
Pois bambara	<i>Vigna</i>		Autres (26)	1 549	25	1	59	9	1	29
Pois bambara	<i>Vigna</i>		Total	6 145	100	<1	79	2	<1	18

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Légumineuses alimentaires										
Haricot	<i>Psophocarpus</i>	PNG005	DOA	455	11	45	55			55
Haricot	<i>Psophocarpus</i>	MYS009	DGCB-UM	435	10	100				100
Haricot	<i>Psophocarpus</i>	CZE075	TROPIC	413	10	<1	22	<1	77	77
Haricot	<i>Psophocarpus</i>	LKA005	IDI	400	9	<1	100			
Haricot	<i>Psophocarpus</i>	IDN002	LBN	380	9	100				100
Haricot	<i>Psophocarpus</i>		Autres (35)	2 134	51	3	41	1	12	43
Haricot	<i>Psophocarpus</i>		Total	4 217	100	2	35	3	6	55

Racines et tubercules										
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	FRA179	INRA-RENNES	10 461	11	6	2	84	8	
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	RUS001	VIR	8 889	9		46	3	26	25
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	PER001	CIP	7 450	8	2	69	2	<1	27
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	DEU159	IPK	5 392	5	18	37	7	32	6
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	USA004	NR6	5 277	5	65	21	9	5	<1
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	JPN003	NIAS	3 408	3	3	1	31		65
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	COL029	CORPOICA	3 043	3					100
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	IND029	CPRI	2 710	3	15		85		
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	BOL064	BNGTRA-PROINPA	2 393	2	26	74			
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	CZE027	HBROD	2 207	2	5	1	29	52	13
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	ARG1347	BAL	1 739	2	85	15			
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	BRA012	CNPH	1 735	2					100
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	GBR165	SASA	1 671	2					100
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	NLD028	ROPTA	1 610	2	3	1		1	95
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	MEX116	PNP-INIFAP	1 500	2					100
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	TWN006	TARI	1 282	1					100
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	UZB033	SAMAI	1 223	1					100
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	POL002	IPRBON	1 182	1			8	92	

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Racines et tubercules										
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	KAZ004	RIPV	1 117	1	26	2	15	57	
Pomme de terre	<i>Solanum</i>	SVK006	SVKLOMNICA	1 080	1	1	2	47	41	9
Pomme de terre	<i>Solanum</i>		Autres (154)	32 916	33	19	15	3	16	46
Pomme de terre	<i>Solanum</i>		Total	98 285	100	15	20	16	14	35
Patate douce	<i>Ipomoea</i>	PER001	CIP	6 417	18	23	77		<1	
Patate douce	<i>Ipomoea</i>	JPN003	NIAS	5 736	16	1	2	4		93
Patate douce	<i>Ipomoea</i>	USA016	S9	1 208	3	16	13	9	32	31
Patate douce	<i>Ipomoea</i>	PNG039	MHRP	1 161	3					100
Patate douce	<i>Ipomoea</i>	BRA012	CNPH	1 043	3					100
Patate douce	<i>Ipomoea</i>	CHN146	BAAFS	800	2					100
Patate douce	<i>Ipomoea</i>	TWN006	TARI	757	2					100
Patate douce	<i>Ipomoea</i>	PER055	FF.C.C.AA.	750	2	100				
Patate douce	<i>Ipomoea</i>	ARG1342	BBC-INTA	567	2	36	56	1	6	
Patate douce	<i>Ipomoea</i>	VNM049	PRC	532	1		100			
Patate douce	<i>Ipomoea</i>	MYS003	MARDI	528	1		100			
Patate douce	<i>Ipomoea</i>		Autres (146)	15 979	45	5	24	21	11	39
Patate douce	<i>Ipomoea</i>		Total	35 478	100	10	30	10	6	44
Manioc	<i>Manihot</i>	COL003	CIAT	5 436	17	1	87	11		<1
Manioc	<i>Manihot</i>	BRA004	CNPMF	2 889	9					100
Manioc	<i>Manihot</i>	NGA039	IITA	2 756	8		28	47		25
Manioc	<i>Manihot</i>	IND007	ICAR	1 327	4					100
Manioc	<i>Manihot</i>	NGA002	NRCRI	1 174	4					100
Manioc	<i>Manihot</i>	UGA001	SAARI	1 136	4	<1	4	90	7	
Manioc	<i>Manihot</i>	MWI001	MARS	978	3		22	72	6	
Manioc	<i>Manihot</i>	IDN182	ICRR	954	3				100	
Manioc	<i>Manihot</i>	THA005	FCRI-DA/TH	609	2			100		
Manioc	<i>Manihot</i>	BEN018	FAST	600	2		100			
Manioc	<i>Manihot</i>	TGO035	ITRA	435	1		100			
Manioc	<i>Manihot</i>		Autres (133)	14 148	44	6	26	3	14	51
Manioc	<i>Manihot</i>		Total	32 442	100	3	32	15	9	41

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Racines et tubercules										
Igname	<i>Dioscorea</i>	NGA039	IITA	3 319	21	1	68	20		12
Igname	<i>Dioscorea</i>	CIV006	UNCI	1 538	10	25	75			
Igname	<i>Dioscorea</i>	BEN030	UAC	1 100	7	55	45			
Igname	<i>Dioscorea</i>	GHA091	PGRI	756	5		65			35
Igname	<i>Dioscorea</i>	SLB001	DCRS	480	3		97	3	<1	
Igname	<i>Dioscorea</i>	LKA002	PU	474	3	1	99			
Igname	<i>Dioscorea</i>		Autres (93)	8 236	52	8	48	1	8	35
Yam	<i>Dioscorea</i>		Total	15 903	100	10	59	5	4	22
Taro	<i>Colocasia</i>	PNG006	WLMP	859	12					100
Taro	<i>Colocasia</i>	FJI049	RGC	850	12					100
Taro	<i>Colocasia</i>	MYS003	MARDI	622	9		100			
Taro	<i>Colocasia</i>	IND024	NBPGR	469	6		100			
Taro	<i>Colocasia</i>	THA056	HRI-DA/THA	453	6			100		
Taro	<i>Colocasia</i>	VNM049	PRC	393	5		100			
Taro	<i>Colocasia</i>	IDN002	LBN	350	5					100
Taro	<i>Colocasia</i>	USA037	UH	308	4					100
Taro	<i>Colocasia</i>	SLB001	DCRS	268	4	<1				100
Taro	<i>Colocasia</i>	JPN003	NIAS	250	3	<1	5			95
Taro	<i>Colocasia</i>	GHA091	PGRI	215	3		73			27
Taro	<i>Colocasia</i>	AUS019	RSPAS	193	3	15			73	12
Taro	<i>Colocasia</i>		Autres (59)	2 072	28	5	55	<1	17	23
Taro	<i>Colocasia</i>		Total	7 302	100	2	38	6	7	47
Légumes										
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	TWN001	AVRDC	7 548	9		1	3	1	96
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	USA003	NE9	6 283	8	4	8	3	9	75
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	PHL130	IPB-UPLB	4 751	6	9	86			5
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	DEU146	IPK	4 062	5	3	40	22	33	1
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	RUS001	VIR	2 540	3		19	1	79	1
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	JPN003	NIAS	2 428	3	<1	1	5		93
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	CAN004	PGRC	2 137	3	1	1	27	69	1

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Légumes										
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	COL004	ICA/REGION 5	2 018	2					100
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	ESP026	BGUPV	1 927	2	9	69	<1	1	20
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	IND001	NBPGR	1 796	2	4	10	22	8	56
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	HUN003	RCA	1 749	2	1	16	<1	2	82
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	BRA006	IAC	1 688	2					100
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	KAZ004	RIPV	1 500	2	2	11	36	51	
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	NLD037	CGN	1 306	2	8	7	13	55	17
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	FRA215	GEVES	1 254	1				100	
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	BGD186	EWS R&D	1 235	1					100
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	CZE061	RICP	1 232	1	3	8	3	84	2
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	BGR001	IPGR	1 128	1		10	11	3	76
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	AUS048	ATCFC	1 074	1	9		6	74	12
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	SRB002	IFVCNS	1 030	1				100	
Tomate	<i>Lycopersicon</i>	VNM006	FCRI	1 000	1		100			
Tomate	<i>Lycopersicon</i>		Autres (143)	34 034	41	5	12	33	14	35
Tomate	<i>Lycopersicon</i>		Total	83 720	100	4	17	18	19	42
Piments	<i>Capsicum</i>	TWN001	AVRDC	7 860	11		3		3	94
Piments	<i>Capsicum</i>	USA016	S9	4 698	6	1	9	<1	16	74
Piments	<i>Capsicum</i>	MEX008	INIFAP	4 661	6				2	98
Piments	<i>Capsicum</i>	IND001	NBPGR	3 835	5	13	15	1	9	62
Piments	<i>Capsicum</i>	BRA006	IAC	2 321	3					100
Piments	<i>Capsicum</i>	JPN003	NIAS	2 271	3	1	2	2		95
Piments	<i>Capsicum</i>	PHL130	IPB-UPLB	1 880	3		84			16
Piments	<i>Capsicum</i>	TWN005	TSS-PDAF	1 800	2				100	
Piments	<i>Capsicum</i>	DEU146	IPK	1 526	2	1	66	4	28	2
Piments	<i>Capsicum</i>	CHN004	BVRC	1 394	2					100
Piments	<i>Capsicum</i>	FRA011	INRA-UGAFL	1 371	2	1			88	11
Piments	<i>Capsicum</i>	TUR001	AARI	1 334	2		99		1	
Piments	<i>Capsicum</i>	RUS001	VIR	1 273	2		6		53	41
Piments	<i>Capsicum</i>	CRI001	CATIE	1 163	2					100
Piments	<i>Capsicum</i>	PER002	UNALM	1 157	2		54			46

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Légumes										
Piments	<i>Capsicum</i>	ESP026	BGUPV	1 074	1	1	88	<1	2	10
Piments	<i>Capsicum</i>	HUN001	VEGTBUD	1 069	1					100
Piments	<i>Capsicum</i>	SRB002	IFVCNS	1 055	1				100	
Piments	<i>Capsicum</i>	NLD037	CGN	1 009	1	5	22	2	50	21
Piments	<i>Capsicum</i>		Autres (167)	30 767	42	3	22	4	13	58
Piments	<i>Capsicum</i>		Total	73 518	100	2	19	2	15	62
Cucumis	<i>Cucumis</i>	USA020	NC7	4 878	11	6	24	5	7	59
Cucumis	<i>Cucumis</i>	JPN003	NIAS	4 242	10	1	3	4		92
Cucumis	<i>Cucumis</i>	RUS001	VIR	2 998	7	1	3	33	4	59
Cucumis	<i>Cucumis</i>	CHN001	ICGR-CAAS	2 892	7					100
Cucumis	<i>Cucumis</i>	BRA012	CNPH	2 400	5					100
Cucumis	<i>Cucumis</i>	KAZ004	RIPV	2 377	5		1	95	3	
Cucumis	<i>Cucumis</i>	FRA215	GEVES	1 399	3				100	
Cucumis	<i>Cucumis</i>	DEU146	IPK	1 154	3	<1	38	3	53	6
Cucumis	<i>Cucumis</i>	IND001	NBPGR	1 070	2	29	44	1	17	8
Cucumis	<i>Cucumis</i>	IRN029	NPGBI-SPII	1 046	2		18			82
Cucumis	<i>Cucumis</i>	BGR001	IPGR	1 006	2		5	1	<1	94
Cucumis	<i>Cucumis</i>		Autres (127)	18 836	43	2	28	12	9	49
Cucumis	<i>Cucumis</i>		Total	44 298	100	3	18	13	10	56
Cucurbita	<i>Cucurbita</i>	RUS001	VIR	5 771	15		53	25	12	10
Cucurbita	<i>Cucurbita</i>	CRI001	CATIE	2 612	7					100
Cucurbita	<i>Cucurbita</i>	BRA003	CENARGEN	1 897	5					100
Cucurbita	<i>Cucurbita</i>	CHN001	ICGR-CAAS	1 767	4					100
Cucurbita	<i>Cucurbita</i>	MEX008	INIFAP	1 580	4					100
Cucurbita	<i>Cucurbita</i>	JPN003	NIAS	1 295	3		2	1		96
Cucurbita	<i>Cucurbita</i>	USA016	S9	1 276	3	10	44	<1	3	42
Cucurbita	<i>Cucurbita</i>	DEU146	IPK	1 042	3		52	3	32	14
Cucurbita	<i>Cucurbita</i>		Autres (144)	22 343	56	3	38	1	7	52
Cucurbita	<i>Cucurbita</i>		Total	39 583	100	2	32	4	6	56

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Légumes										
Allium	<i>Allium</i>	IND1457	NRCOG	2 050	7		100			
Allium	<i>Allium</i>	RUS001	VIR	1 888	6		34		61	5
Allium	<i>Allium</i>	JPN003	NIAS	1 352	5	<1	2	5		94
Allium	<i>Allium</i>	USA003	NE9	1 304	4	<1	20	3	10	68
Allium	<i>Allium</i>	DEU146	IPK	1 264	4	8	58	8	22	4
Allium	<i>Allium</i>	GBR004	RBG	1 100	4	11			89	
Allium	<i>Allium</i>	TWN001	AVRDC	1 082	4		<1		7	93
Allium	<i>Allium</i>		Autres (168)	19 858	66	6	25	6	16	48
Allium	<i>Allium</i>		Total	29 898	100	5	29	4	19	43
Navette	<i>Brassica</i>	CHN001	ICGR-CAAS	4 090	16					100
Navette	<i>Brassica</i>	IND001	NBPGR	2 585	10	<1	33		3	64
Navette	<i>Brassica</i>	BGD028	BINA	2 100	8					100
Navette	<i>Brassica</i>	JPN003	NIAS	1 579	6	<1	6	4		90
Navette	<i>Brassica</i>	AUS039	ATFCC	1 184	5	<1	6	1	3	90
Navette	<i>Brassica</i>	TWN001	AVRDC	1 091	4		10		69	21
Navette	<i>Brassica</i>	PAK001	PGRI	682	3		100			
Navette	<i>Brassica</i>	USA020	NC7	645	3	<1	6	2	1	90
Navette	<i>Brassica</i>	GBR006	HRIGRU	581	2	1	30		69	
Navette	<i>Brassica</i>	DEU146	IPK	493	2	<1	27	3	51	18
Navette	<i>Brassica</i>		Autres (80)	10 536	41	1	31	1	7	59
Navette	<i>Brassica</i>		Total	25 566	100	1	21	1	9	68
Gombo	<i>Abelmoschus</i>	CIV005	IDESSA	4 185	19					100
Gombo	<i>Abelmoschus</i>	USA016	S9	2 969	13	<1	10		<1	89
Gombo	<i>Abelmoschus</i>	IND001	NBPGR	2 651	12	16	30	<1	3	51
Gombo	<i>Abelmoschus</i>	PHL130	IPB-UPLB	968	4	4	96			
Gombo	<i>Abelmoschus</i>	FRA202	ORSTOM-MONTP	965	4	9			91	
Gombo	<i>Abelmoschus</i>	GHA091	PGRI	595	3					100
Gombo	<i>Abelmoschus</i>	TUR001	AARI	563	3		98		2	
Gombo	<i>Abelmoschus</i>		Autres (88)	9 532	43	3	55	1	4	38
Gombo	<i>Abelmoschus</i>		Total	22 428	100	4	35	<1	6	55

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Légumes										
Aubergine	<i>Solanum</i>	IND001	NBGR	3 060	15	11	23	<1	5	61
Aubergine	<i>Solanum</i>	TWN001	AVRDC	3 003	14		17	<1	2	80
Aubergine	<i>Solanum</i>	JPN003	NIAS	1 223	6	<1	7	4		89
Aubergine	<i>Solanum</i>	USA016	S9	887	4	1	2		2	94
Aubergine	<i>Solanum</i>	BGD186	EWS R&D	826	4					100
Aubergine	<i>Solanum</i>	PHL130	IPB-UPLB	661	3	2	98			
Aubergine	<i>Solanum</i>	NLD037	CGN	659	3	27	47	2	14	10
Aubergine	<i>Solanum</i>		Autres (124)	10 776	51	17	33	8	7	36
Aubergine	<i>Solanum</i>		Total	21 095	100	11	28	4	5	52
Oleracea	<i>Brassica</i>	GBR165	SASA	2 367	12		1			99
Oleracea	<i>Brassica</i>	USA003	NE9	1 625	8		6	1	5	88
Oleracea	<i>Brassica</i>	CHN004	BVRC	1 235	6					100
Oleracea	<i>Brassica</i>	DEU146	IPK	1 215	6	2	32	3	60	3
Oleracea	<i>Brassica</i>	FRA215	GEVES	1 200	6				100	
Oleracea	<i>Brassica</i>	RUS001	VIR	980	5		26		74	<1
Oleracea	<i>Brassica</i>	JPN003	NIAS	672	3		1	7		91
Oleracea	<i>Brassica</i>	NLD037	CGN	631	3	<1	12	2	75	11
Oleracea	<i>Brassica</i>		Autres (98)	10 257	51	3	24	5	34	35
Oleracea	<i>Brassica</i>		Total	20 182	100	1	16	3	33	46
Pastèque	<i>Citrullus</i>	RUS001	VIR	2 412	16	1	40	54	2	3
Pastèque	<i>Citrullus</i>	USA016	S9	1 841	12	5	26	<1	5	64
Pastèque	<i>Citrullus</i>	CHN001	ICGR-CAAS	1 197	8					100
Pastèque	<i>Citrullus</i>	ISR002	IGB	840	6					100
Pastèque	<i>Citrullus</i>	UZB006	UzRIPI	805	5					100
Pastèque	<i>Citrullus</i>	BRA017	CPATSA	753	5					100
Pastèque	<i>Citrullus</i>	JPN003	NIAS	594	4	1	2	4		94
Pastèque	<i>Citrullus</i>	IRN029	NPGBI-SPII	570	4		65			35
Pastèque	<i>Citrullus</i>	KAZ004	RIPV	450	3		5	93	2	
Pastèque	<i>Citrullus</i>		Autres (81)	5 681	38	9	37	3	13	39
Pastèque	<i>Citrullus</i>		Total	15 143	100	4	26	13	6	51

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Légumes										
Carotte	<i>Daucus</i>	USA020	NC7	1 126	14	28	13	1	8	50
Carotte	<i>Daucus</i>	GBR006	HRIGRU	1 094	13	10	20	3	67	
Carotte	<i>Daucus</i>	RUS001	VIR	1 001	12	2	17			82
Carotte	<i>Daucus</i>	POL030	SKV	541	7	45	25	8	12	10
Carotte	<i>Daucus</i>	DEU146	IPK	488	6	35	16	1	48	1
Carotte	<i>Daucus</i>	CHN004	BVRC	407	5					100
Carotte	<i>Daucus</i>	FRA215	GEVES	384	5				100	
Carotte	<i>Daucus</i>	CZE061	RICP	366	4	6	1	1	89	4
Carotte	<i>Daucus</i>	JPN003	NIAS	342	4			4		96
Carotte	<i>Daucus</i>	UKR021	IOB	320	4		14	37	26	24
Carotte	<i>Daucus</i>		Autres (67)	2 243	27	14	23	4	20	39
Carotte	<i>Daucus</i>		Total	8 312	100	14	16	4	28	38
Radis	<i>Raphanus</i>	JPN003	NIAS	877	11	<1	7	8		85
Radis	<i>Raphanus</i>	DEU146	IPK	741	9	23	35	1	38	3
Radis	<i>Raphanus</i>	USA003	NE9	696	9	1	4		16	80
Radis	<i>Raphanus</i>	RUS001	VIR	626	8		8	92	<1	
Radis	<i>Raphanus</i>	IND001	NBPGR	458	6	4	7	2	15	72
Radis	<i>Raphanus</i>	GBR165	SASA	453	6					100
Radis	<i>Raphanus</i>	NLD037	CGN	307	4		4	16	56	24
Radis	<i>Raphanus</i>		Autres (85)	3 848	48	4	31	1	29	35
Radis	<i>Raphanus</i>		Total	8 006	100	5	20	9	22	44

Fruits à coque, fruits et baies										
Prunus	<i>Prunus</i>	RUS001	VIR	6 579	9	18	13	2	24	44
Prunus	<i>Prunus</i>	USA276	UNMIHT	6 100	9			98		2
Prunus	<i>Prunus</i>	ITA378	CRA-FRU	2 421	3	<1	18	6	51	25
Prunus	<i>Prunus</i>	HUN021	EFOPP	2 259	3				5	95
Prunus	<i>Prunus</i>	TUR001	AARI	1 874	3	<1	81		19	
Prunus	<i>Prunus</i>	UKR046	KPS	1 458	2	1	11	1	41	46
Prunus	<i>Prunus</i>	CHE065	FRUCTUS	1 450	2		39			61

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Fruits à coque, fruits et baies										
Prunus	<i>Prunus</i>	JPN003	NIAS	1 423	2	1	13	29		57
Prunus	<i>Prunus</i>	FRA057	INRA-BORDEAU	1 220	2	<1	<1		19	81
Prunus	<i>Prunus</i>	MEX008	INIFAP	1 116	2	3			97	<1
Prunus	<i>Prunus</i>	ROM009	ICPP Pitesti	1 093	2	2	30	37	29	1
Prunus	<i>Prunus</i>	IRN029	NPGBI-SPII	1 006	1					100
Prunus	<i>Prunus</i>	BRA020	CPACT/EMBRAP	1 006	1					100
Prunus	<i>Prunus</i>		Autres (211)	40 492	58	4	10	10	38	38
Prunus	<i>Prunus</i>		Total	69 497	100	4	12	16	30	38
Pomme										
Pomme	<i>Malus</i>	USA167	GEN	6 980	12	64	<1	9	1	26
Pomme	<i>Malus</i>	RUS001	VIR	3 743	6	3	17	23	5	52
Pomme	<i>Malus</i>	JPN003	NIAS	2 671	4	7	2	6		85
Pomme	<i>Malus</i>	GBR030	NFC	2 223	4					100
Pomme	<i>Malus</i>	CHE063	PSR	1 935	3					100
Pomme	<i>Malus</i>	AUT024	KLOST	1 904	3					100
Pomme	<i>Malus</i>	FRA028	INRA-ANGERS	1 895	3	10			90	
Pomme	<i>Malus</i>	KAZ027	PG	1 719	3	3	<1		97	
Pomme	<i>Malus</i>	BRA044	IAPAR	1 464	2					100
Pomme	<i>Malus</i>	BEL019	CragXPP	1 175	2					100
Pomme	<i>Malus</i>	CZE031	HOLOVOU	1 094	2	2	13	37	43	5
Pomme	<i>Malus</i>	POL029	SKF	1 069	2	2		5	93	
Pomme	<i>Malus</i>		Autres (157)	32 050	53	2	18	4	31	45
Pomme	<i>Malus</i>		Total	59 922	100	9	11	6	25	49
Raisin										
Raisin	<i>Vitis</i>	FRA139	INRA/ENSA-M	5 158	9					100
Raisin	<i>Vitis</i>	DEU098	JKI	3 657	6	4	22	44	28	2
Raisin	<i>Vitis</i>	CHE019	RAC	3 254	5					100
Raisin	<i>Vitis</i>	USA028	DAV	3 038	5	<1	<1	9	1	89
Raisin	<i>Vitis</i>	UKR050	IVM	2 201	4	<1	57	24	8	10
Raisin	<i>Vitis</i>	ITA388	CRA-VIT	2 106	4		1	37	60	2
Raisin	<i>Vitis</i>	SVK018	SVKBRAT	1 900	3		<1	83	15	2

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Fruits à coque, fruits et baies										
Raisin	<i>Vitis</i>	UZB006	UzRIPI	1 580	3					100
Raisin	<i>Vitis</i>	TUR001	AARI	1 437	2		100			
Raisin	<i>Vitis</i>	BRA141	CNPUV	1 345	2					100
Raisin	<i>Vitis</i>	ESP080	IMIACM	1 224	2					100
Raisin	<i>Vitis</i>	ROM017	ICVV Valea C	1 187	2	1		5	95	
Raisin	<i>Vitis</i>	HUN047	UHFI-RIVE	1 135	2					100
Raisin	<i>Vitis</i>		Autres (125)	30 385	51	3	12	6	26	53
Raisin	<i>Vitis</i>		Total	59 607	100	2	12	11	20	55
Citron										
Citron	<i>Citrus</i>	BRA125	CCSM-IASP	2 134	7		5			95
Citron	<i>Citrus</i>	JPN003	NIAS	2 118	7	<1	8	3		89
Citron	<i>Citrus</i>	CHN020	CRI	1 880	6	1	31			68
Citron	<i>Citrus</i>	USA129	NCGRCD	1 103	4	<1	1	1	71	27
Citron	<i>Citrus</i>	FRA014	Cirad	1 100	4					100
Citron	<i>Citrus</i>	ZAF004	CSFRI	1 005	3					100
Citron	<i>Citrus</i>		Autres (144)	20 350	69	1	13	13	25	48
Citron	<i>Citrus</i>		Total	29 690	100	1	12	9	20	59
Mangue										
Mangue	<i>Mangifera</i>	AUS088	Ayr DPI	18 606	73	<1		99	1	
Mangue	<i>Mangifera</i>	IND045	CISH	726	3		100			
Mangue	<i>Mangifera</i>	THA056	HRI-DA/THA	252	1			100		
Mangue	<i>Mangifera</i>	USA047	MIA	240	1			1	48	51
Mangue	<i>Mangifera</i>	IDN177	ILETRI	239	1				100	
Mangue	<i>Mangifera</i>	SLE015	NUC	200	1				100	
Mangue	<i>Mangifera</i>		Autres (109)	5 396	21	<1	27	6	31	37
Mangue	<i>Mangifera</i>		Total	25 659	100	<1	8	74	10	8
Poire										
Poire	<i>Pyrus</i>	USA026	COR	2 232	9	11	5	34	48	2
Poire	<i>Pyrus</i>	RUS001	VIR	1 486	6		<1			100
Poire	<i>Pyrus</i>	CHE090	OSS Roggwil	1 240	5		1			99
Poire	<i>Pyrus</i>	FRA097	CBNA	914	4					100

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Fruits à coque, fruits et baies										
Poire	<i>Pyrus</i>	BEL019	CRAGXPP	855	3					100
Poire	<i>Pyrus</i>	ITA378	CRA-FRU	761	3	2	29	12	30	27
Poire	<i>Pyrus</i>	JPN003	NIAS	744	3	14	11	7		68
Poire	<i>Pyrus</i>	UKR046	KPS	671	3	3	4	1	23	69
Poire	<i>Pyrus</i>	KAZ027	PG	607	2	100				
Poire	<i>Pyrus</i>	TUR001	AARI	553	2	<1	100			
Poire	<i>Pyrus</i>		Autres (137)	14 679	59	2	20	4	28	45
Poire	<i>Pyrus</i>		Total	24 742	100	5	16	6	23	50
Banane	<i>Musa</i>	BEL084	INIBAP	1 198	9	14	73			13
Banane	<i>Musa</i>	FRA014	Cirad	520	4				4	96
Banane	<i>Musa</i>	HND003	DTRUFC	490	4	40		30	30	
Banane	<i>Musa</i>	AUS035	QDPI	400	3					100
Banane	<i>Musa</i>	BRA004	CNPMF	400	3					100
Banane	<i>Musa</i>	CMR052	CARBAP	385	3				100	
Banane	<i>Musa</i>	IND349	NRCB	364	3	2	95	3		
Banane	<i>Musa</i>	THA002	AD-KU	323	2	<1				100
Banane	<i>Musa</i>	COL029	CORPOICA	310	2					100
Banane	<i>Musa</i>	UGA003	RRS-AD	309	2	<1			100	
Banane	<i>Musa</i>	COD003	INERA	300	2					100
Banane	<i>Musa</i>	NGA039	IITA	283	2					100
Banane	<i>Musa</i>	JAM003	BB	257	2			9	53	38
Banane	<i>Musa</i>	PHL019	SEABGRC-BPI	245	2					100
Banane	<i>Musa</i>	CRI011	CORBANA	240	2	100				
Banane	<i>Musa</i>	PNG004	DLP Laloki	230	2					100
Banane	<i>Musa</i>	MYS142	HRC, MARDI	217	2		100			
Banane	<i>Musa</i>		Autres (115)	7 015	52	5	21	3	23	47
Banane	<i>Musa</i>		Total	13 486	100	7	21	3	19	49
Fraise	<i>Fragaria</i>	CAN004	PGRC	1 897	16	4			4	92
Fraise	<i>Fragaria</i>	USA026	COR	1 822	15	34	3	35	28	<1

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Fruits à coque, fruits et baies										
Fraise	<i>Fragaria</i>	RUS001	VIR	940	8		7	2	69	23
Fraise	<i>Fragaria</i>	JPN003	NIAS	912	8	2		10		88
Fraise	<i>Fragaria</i>	DEU451	JKI	622	5					100
Fraise	<i>Fragaria</i>	CHL008	INIA QUIL	500	4	100				
Fraise	<i>Fragaria</i>	GBR012	GBREMR	329	3	10			85	5
Fraise	<i>Fragaria</i>	ITA380	CRA-FRF	220	2		1	<1	99	
Fraise	<i>Fragaria</i>	ROM009	ICPP Pitesti	201	2	5	<1	81	7	5
Fraise	<i>Fragaria</i>		Autres (68)	4 584	38	16	1	5	33	45
Fraise	<i>Fragaria</i>		Total	12 027	100	16	2	9	27	46
Anacardier	<i>Anacardium</i>	GHA005	CRIG	3 382	35			100		
Anacardier	<i>Anacardium</i>	IND003	CPCRI	880	9					100
Anacardier	<i>Anacardium</i>	THA022	PHES	744	8				100	
Anacardier	<i>Anacardium</i>	BRA146	CNPAT	621	6					100
Anacardier	<i>Anacardium</i>	NGA008	CRIN	574	6					100
Anacardier	<i>Anacardium</i>	MOZ003	UDAC	530	5		100			
Anacardier	<i>Anacardium</i>	COL029	CORPOICA	473	5					100
Anacardier	<i>Anacardium</i>		Autres (64)	2 546	26	<1	32	9	4	55
Anacardier	<i>Anacardium</i>		Total	9 750	100	<1	14	37	9	40
Groseiller	<i>Ribes</i>	USA026	COR	1 510	17	46	6	6	40	2
Groseiller	<i>Ribes</i>	RUS001	VIR	888	10		1	4	63	32
Groseiller	<i>Ribes</i>	GBR048	SCRI	860	10					100
Groseiller	<i>Ribes</i>	NOR001	SFL	522	6	<1		96	4	
Groseiller	<i>Ribes</i>	LTU010	BGVU	393	4	27		12	61	
Groseiller	<i>Ribes</i>	FRA028	INRA-ANGERS	390	4					100
Groseiller	<i>Ribes</i>	UKR029	LFS	356	4		9	1	70	20
Groseiller	<i>Ribes</i>	CHE063	PSR	305	3					100
Groseiller	<i>Ribes</i>		Autres (50)	3 584	41	2	2	3	46	47
Groseiller	<i>Ribes</i>		Total	8 808	100	10	2	9	38	41

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Fruits à coque, fruits et baies										
Rose	<i>Rosa</i>	FRA217	GEVES	1 200	32					100
Rose	<i>Rosa</i>	JPN003	NIAS	634	17					100
Rose	<i>Rosa</i>	AZE017	CBG	250	7	60			40	
Rose	<i>Rosa</i>		Autres (44)	1 710	45	19	9	8	23	42
Rose	<i>Rosa</i>		Total	3 794	100	12	4	3	13	67
Noisetier	<i>Corylus</i>	USA026	COR	837	28	13	13	25	48	1
Noisetier	<i>Corylus</i>	TUR001	AARI	413	14		100			
Noisetier	<i>Corylus</i>	UKR046	KPS	188	6				1	99
Noisetier	<i>Corylus</i>	AZE009	HSCRI	169	6		32	22	46	
Noisetier	<i>Corylus</i>	ESP014	IRTAMB	120	4		6			94
Noisetier	<i>Corylus</i>	UZB031	UzRIHVWM	118	4					100
Noisetier	<i>Corylus</i>		Autres (53)	1 153	38	3	9	13	37	39
Noisetier	<i>Corylus</i>		Total	2 998	100	5	23	13	30	29
Palmier-pêche	<i>Bactris</i>	CRI016	UCR-BIO	800	31					100
Palmier-pêche	<i>Bactris</i>	BRA006	IAC	332	13					100
Palmier-pêche	<i>Bactris</i>	COL029	CORPOICA	254	10					100
Palmier-pêche	<i>Bactris</i>	ECU022	EENP	145	6		100			
Palmier-pêche	<i>Bactris</i>	PAN002	INRENARE	65	3				100	
Palmier-pêche	<i>Bactris</i>		Autres (23)	997	38	7	2	<1	1	90
Palmier-pêche	<i>Bactris</i>		Total	2 593	100	3	6	<1	3	88
Pistache	<i>Pistacia</i>	IRN029	NPGBI-SPII	340	29					100
Pistache	<i>Pistacia</i>	USA028	DAV	304	26	4	<1			96
Pistache	<i>Pistacia</i>	ESP014	IRTAMB	106	9					100
Pistache	<i>Pistacia</i>	AZE015	GRI	60	5		3	88	8	
Pistache	<i>Pistacia</i>		Autres (28)	358	31	33	4	3	28	31
Pistache	<i>Pistacia</i>		Total	1 168	100	11	2	6	9	73

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Fruits à coque, fruits et baies										
Sorbier	<i>Sorbus</i>	USA026	COR	282	37	32	44	13	6	6
Sorbier	<i>Sorbus</i>	GBR004	RBG	110	14	100				
Sorbier	<i>Sorbus</i>	AUT024	KLOST	71	9					100
Sorbier	<i>Sorbus</i>	UKR030	DFS	59	8					100
Sorbier	<i>Sorbus</i>	NLD145	NAKB	46	6				100	
Sorbier	<i>Sorbus</i>		Autres (30)	195	26	18	15	7	11	48
Sorbier	<i>Sorbus</i>		Total	763	100	31	20	7	11	31

Plantes oléagineuses										
Sésame	<i>Sesamum</i>	IND001	NBPGR	8 413	17	2	32	<1	26	39
Sésame	<i>Sesamum</i>	CHN001	ICGR-CAAS	4 726	9					100
Sésame	<i>Sesamum</i>	ISR001	REHOVOT	3 000	6					100
Sésame	<i>Sesamum</i>	KEN015	KARI-NGBK	2 477	5	1	3			96
Sésame	<i>Sesamum</i>	BRA003	CENARGEN	1 950	4					100
Sésame	<i>Sesamum</i>	JPN003	NIAS	1 789	4	<1	15	14		71
Sésame	<i>Sesamum</i>	MEX001	INIA-Iguala	1 600	3					100
Sésame	<i>Sesamum</i>	RUS001	VIR	1 504	3	<1	66	27	8	
Sésame	<i>Sesamum</i>	UZB006	UzRIPI	1 334	3					100
Sésame	<i>Sesamum</i>	USA016	S9	1 215	2	<1	14	1	12	72
Sésame	<i>Sesamum</i>	VEN132	INIA - CENIAP	1 024	2		100			
Sésame	<i>Sesamum</i>		Autres (69)	21 432	42	1	55	5	1	38
Sésame	<i>Sesamum</i>		Total	50 464	100	1	34	4	5	57
Tournesol	<i>Helianthus</i>	SRB002	IFVCNS	5 330	14	6			94	
Tournesol	<i>Helianthus</i>	USA020	NC7	3 729	9	42	7	16	8	28
Tournesol	<i>Helianthus</i>	CHN001	ICGR-CAAS	2 646	7					100
Tournesol	<i>Helianthus</i>	FRA040	INRA-CLERMON	2 500	6		32	20	48	
Tournesol	<i>Helianthus</i>	BRA014	CNPSO	2 400	6					100
Tournesol	<i>Helianthus</i>	RUS001	VIR	1 701	4					100
Tournesol	<i>Helianthus</i>	AUS048	ATCFE	1 290	3	17	1	47	18	18
Tournesol	<i>Helianthus</i>	IND041	DOR	1 260	3		100			

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Plantes oléagineuses										
Tournesol	<i>Helianthus</i>	MAR088	INRA CRRAS	1 223	3					100
Tournesol	<i>Helianthus</i>	POL003	IHAR	1 105	3		<1			100
Tournesol	<i>Helianthus</i>	HUN003	RCA	1 032	3	<1	30	<1	61	9
Tournesol	<i>Helianthus</i>		Autres (82)	15 164	39	8	15	12	8	58
Tournesol	<i>Helianthus</i>		Total	39 380	100	8	12	9	22	49
Carthame	<i>Carthamus</i>	IND041	DOR	6 863	24		100			
Carthame	<i>Carthamus</i>	CHN001	ICGR-CAAS	2 499	9					100
Carthame	<i>Carthamus</i>	USA022	W6	2 453	8	17	52	8	9	13
Carthame	<i>Carthamus</i>	MEX001	INIA-Iguala	1 550	5					100
Carthame	<i>Carthamus</i>	IRN029	NPGBI-SPII	816	3					100
Carthame	<i>Carthamus</i>	BRA007	CNPA	800	3					100
Carthame	<i>Carthamus</i>		Autres (53)	14 214	49	2	22	3	3	70
Carthame	<i>Carthamus</i>		Total	29 195	100	2	39	2	2	55
Palmier	<i>Elaeis</i>	COD003	INERA	17 631	84	1		99	<1	
Palmier	<i>Elaeis</i>	MYS104	MPOB	1 467	7	100				
Palmier	<i>Elaeis</i>	BRA027	CPAA	564	3					100
Palmier	<i>Elaeis</i>	COL096	ICA/REGION 5	301	1				100	
Palmier	<i>Elaeis</i>	IDN193	IOPRI	237	1		1	97		2
Palmier	<i>Elaeis</i>	SLE015	NUC	200	1				100	
Palmier	<i>Elaeis</i>	GHA019	OPRI	150	1		100			
Palmier	<i>Elaeis</i>		Autres (22)	553	3	1	17		41	41
Palmier	<i>Elaeis</i>		Total	21 103	100	8	1	84	4	4
Ricin	<i>Ricinus</i>	IND001	NBPGR	4 307	24	3	15	<1	<1	81
Ricin	<i>Ricinus</i>	CHN001	ICGR-CAAS	2 111	12					100
Ricin	<i>Ricinus</i>	BRA007	CNPA	1 000	6					100
Ricin	<i>Ricinus</i>	RUS001	VIR	696	4	<1	5			95
Ricin	<i>Ricinus</i>	USA995	NCGRP	669	4			<1	<1	100
Ricin	<i>Ricinus</i>	ETH085	IBC	510	3	88	2			10

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Plantes oléagineuses										
Ricin	<i>Ricinus</i>		Autres (52)	8 699	48	37	17	3	1	42
Ricin	<i>Ricinus</i>		Total	17 992	100	21	12	1	<1	65
Pignon d'Inde	<i>Jatropha</i>	MEX006	UACH	1 444	44	4	96			
Pignon d'Inde	<i>Jatropha</i>	IND001	NBPGR	1 260	39	68	17		1	14
Pignon d'Inde	<i>Jatropha</i>	BRA007	CNPA	143	4					100
Pignon d'Inde	<i>Jatropha</i>		Autres (20)	417	13	64	3	<1		32
Pignon 'Inde	<i>Jatropha</i>		Total	3 264	100	36	49	<1	<1	14
Olive	<i>Olea</i>	ITA401	CRA-OLI	443	17		33		67	
Olive	<i>Olea</i>	ESP046	CIFACOR	309	12		63			37
Olive	<i>Olea</i>	IRN029	NPGBI-SPII	247	9		15			85
Olive	<i>Olea</i>	USA028	DAV	142	5					100
Olive	<i>Olea</i>	AZE009	HSCRI	136	5			81	19	
Olive	<i>Olea</i>	TUR001	AARI	130	5		100			
Olive	<i>Olea</i>		Autres (46)	1 222	46	2	15	5	45	34
Olive	<i>Olea</i>		Total	2 629	100	1	26	6	33	34
Cultures fourragères										
Légumineuses	Plusieurs	IND001	NBPGR	19 579	11	6	20	<1	13	61
Légumineuses	Plusieurs	COL003	CIAT	13 690	7	99	<1			1
Légumineuses	Plusieurs	CHN001	ICGR-CAAS	11 201	6					100
Légumineuses	Plusieurs	TWN001	AVRDC	10 207	6		2		<1	98
Légumineuses	Plusieurs	AUS048	ATCFE	8 951	5	29	6	9	2	54
Légumineuses	Plusieurs	USA016	S9	7 474	4	7	3	7	<1	82
Légumineuses	Plusieurs	PHL130	IPB-UPLB	7 445	4	<1	100			<1
Légumineuses	Plusieurs	ETH013	ILRI-Ethiopia	7 310	4	99			1	
Légumineuses	Plusieurs	JPN003	NIAS	6 040	3	6	18	1		75
Légumineuses	Plusieurs	KEN015	KARI-NGBK	4 473	2	8	19	3		71
Légumineuses	Plusieurs	SYR002	ICARDA	3 435	2	98	2			<1
Légumineuses	Plusieurs	NZL001	AGRESEARCH	3 104	2					100
Légumineuses	Plusieurs	GBR004	RBG	2 809	2	100				

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Cultures fourragères										
Légumineuses	Plusieurs	MEX001	INIA-Iguala	2 300	1					100
Légumineuses	Plusieurs	THA005	FCRI-DA/TH	2 250	1			100		
Légumineuses	Plusieurs		Autres (301)	72 810	40	28	28	2	3	39
Légumineuses	Plusieurs		Total	183 078	100	29	19	3	3	47
Medicago	<i>Medicago</i>	AUS006	AMGRC	27 827	30	78	1	16	3	3
Medicago	<i>Medicago</i>	UZB036	UzRICBSP	10 043	11					100
Medicago	<i>Medicago</i>	SYR002	ICARDA	9 164	10	90	4			6
Medicago	<i>Medicago</i>	USA022	W6	7 845	9	54	18	4	11	13
Medicago	<i>Medicago</i>	MAR088	INRA CRRAS	3 373	4	18	<1			82
Medicago	<i>Medicago</i>	RUS001	VIR	2 909	3	13	33			53
Medicago	<i>Medicago</i>	FRA041	INRA-MONTPEL	2 479	3	7	8			85
Medicago	<i>Medicago</i>	IRN029	NPGBI-SPII	2 415	3		15			85
Medicago	<i>Medicago</i>	LBY001	ARC	1 927	2	100				<1
Medicago	<i>Medicago</i>	JPN003	NIAS	1 486	2		1	3		96
Medicago	<i>Medicago</i>	ITA363	PERUG	1 338	1	16	7	50	5	23
Medicago	<i>Medicago</i>	TUR001	AARI	1 006	1	100			<1	
Medicago	<i>Medicago</i>		Autres (130)	20 110	22	22	11	7	18	42
Medicago	Medicago		Total	91 922	100	47	6	7	6	34
Trèfle	<i>Trifolium</i>	AUS137	WADA	11 326	15	99		<1	1	
Trèfle	<i>Trifolium</i>	NZL001	AGRESEARCH	6 607	9					100
Trèfle	<i>Trifolium</i>	SYR002	ICARDA	4 522	6	82	4			14
Trèfle	<i>Trifolium</i>	GBR016	IBERS-GRU	4 362	6	32	1	17	15	35
Trèfle	<i>Trifolium</i>	ESP010	SIAEX	4 031	5	88		1	1	10
Trèfle	<i>Trifolium</i>	USA022	W6	3 476	5	46	9	5	17	23
Trèfle	<i>Trifolium</i>	RUS001	VIR	2 965	4	33	28	4		35
Trèfle	<i>Trifolium</i>	ITA394	CRA-FLC	1 878	3	94	1	1	4	
Trèfle	<i>Trifolium</i>	IRN029	NPGBI-SPII	1 626	2		14			86
Trèfle	<i>Trifolium</i>	ETH013	ILRI-Ethiopia	1 529	2	95			5	
Trèfle	<i>Trifolium</i>	JPN003	NIAS	1 441	2	2	1	4		93
Trèfle	<i>Trifolium</i>	TUR001	AARI	1 055	1	100				

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Cultures fourragères										
Trèfle	<i>Trifolium</i>	DEU146	IPK	1 052	1	62	<1	1	18	19
Trèfle	<i>Trifolium</i>		Autres (124)	28 288	38	43	7	4	9	37
Trèfle	<i>Trifolium</i>		Total	74 158	100	53	5	3	6	33
Graminées	Plusieurs	JPN055	KNAES	5 614	10					100
Graminées	Plusieurs	NZL001	AGRESEARCH	5 063	9					100
Graminées	Plusieurs	USA022	W6	4 502	8	67	4	1	5	23
Graminées	Plusieurs	KEN015	KARI-NGBK	4 491	8	4	10	<1		86
Graminées	Plusieurs	ETH013	ILRI-Ethiopia	2 016	4	96			4	
Graminées	Plusieurs	AUS048	ATCFC	1 528	3	40	<1	<1	1	59
Graminées	Plusieurs	MEX008	INIFAP	1 509	3	2				98
Graminées	Plusieurs	GBR004	RBG	1 337	2	100				
Graminées	Plusieurs		Autres (210)	28 895	53	34	3	5	3	55
Graminées	Plusieurs		Total	54 955	100	31	3	3	2	61
Vesce	<i>Vicia</i>	SYR002	ICARDA	6 108	16	52	11			38
Vesce	<i>Vicia</i>	RUS001	VIR	5 751	15		27	1		72
Vesce	<i>Vicia</i>	DEU146	IPK	3 254	8	4	39	25	11	21
Vesce	<i>Vicia</i>	AUS039	ATFCC	2 749	7	6	<1	<1	<1	94
Vesce	<i>Vicia</i>	ITA004	IGV	2 210	6					100
Vesce	<i>Vicia</i>	TUR001	AARI	1 985	5	41	58		<1	
Vesce	<i>Vicia</i>	USA022	W6	1 841	5	46	14	<1	5	35
Vesce	<i>Vicia</i>	GBR001	SOUTA	1 781	5	100				
Vesce	<i>Vicia</i>	ESP004	INIACRF	1 516	4	15	83		<1	2
Vesce	<i>Vicia</i>	BGR001	IPGR	1 399	4	17			<1	83
Vesce	<i>Vicia</i>		Autres (101)	9 866	26	23	26	4	5	41
Vesce	<i>Vicia</i>		Total	38 460	100	25	23	3	3	46
Fétuque	<i>Festuca</i>	POL003	IHAR	4 777	14		<1			100
Fétuque	<i>Festuca</i>	JPN003	NIAS	4 258	13		4	3		93
Fétuque	<i>Festuca</i>	USA022	W6	2 452	7	63	6	1	14	16
Fétuque	<i>Festuca</i>	DEU271	IPK	2 180	7	62	<1	4	25	9

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Cultures fourragères										
Fétuque	<i>Festuca</i>	GBR016	IBERS-GRU	1 498	5	65	5	6	6	19
Fétuque	<i>Festuca</i>		Autres (99)	17 843	54	22	24	1	7	46
Fétuque	<i>Festuca</i>		Total	33 008	100	24	14	2	7	54
Graminées	<i>Dactylis</i>	POL022	BYDG	6 010	19		97		1	2
Graminées	<i>Dactylis</i>	JPN019	NGRI	2 684	9					100
Graminées	<i>Dactylis</i>	DEU271	IPK	1 929	6	79	<1	4	14	2
Graminées	<i>Dactylis</i>	USA022	W6	1 588	5	58	8	4	8	22
Graminées	<i>Dactylis</i>	GBR016	IBERS-GRU	1 094	3	66	2	16	9	7
Graminées	<i>Dactylis</i>		Autres (93)	18 089	58	50	4	1	4	41
Graminées	<i>Dactylis</i>		Total	31 394	100	39	21	2	4	34
Gesse	<i>Lathyrus</i>	FRA092	LEM/IBEAS	3 627	14	9				91
Gesse	<i>Lathyrus</i>	SYR002	ICARDA	3 225	12	45	12			43
Gesse	<i>Lathyrus</i>	IND001	NBPGR	2 797	11	<1	2	<1	3	94
Gesse	<i>Lathyrus</i>	BGD164	BARI	1 845	7		100			
Gesse	<i>Lathyrus</i>	CHL004	INIA CARI	1 424	5	100				
Gesse	<i>Lathyrus</i>	AUS039	ATFCC	1 366	5					100
Gesse	<i>Lathyrus</i>	GBR001	SOUTA	1 185	5	100				
Gesse	<i>Lathyrus</i>		Autres (88)	10 597	41	20	29	1	1	49
Gesse	<i>Lathyrus</i>		Total	26 066	100	25	21	<1	1	53
Graminées	<i>Lolium</i>	DEU271	IPK	3 408	13	61	<1	3	27	9
Graminées	<i>Lolium</i>	GBR016	IBERS-GRU	3 194	12	58	1	10	20	11
Graminées	<i>Lolium</i>	POL022	BYDG	2 152	8		96		2	3
Graminées	<i>Lolium</i>	JPN003	NIAS	1 896	7	3	1	13		84
Graminées	<i>Lolium</i>	NZL001	AGRESEARCH	1 841	7					100
Graminées	<i>Lolium</i>	USA022	W6	1 364	5	45	6	<1	26	23
Graminées	<i>Lolium</i>	FRA040	INRA-CLERMON	1 000	4	70				30
Graminées	<i>Lolium</i>		Autres (93)	10 732	42	25	8	2	17	48
Graminées	<i>Lolium</i>		Total	25 587	100	31	12	3	15	39

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Cultures fourragères										
Millet	<i>Panicum</i>	JPN003	NIAS	5 758	33	2	<1	1		97
Millet	<i>Panicum</i>	KEN015	KARI-NGBK	2 328	13	1	<1			98
Millet	<i>Panicum</i>	USA016	S9	784	4	2	<1	2	2	93
Millet	<i>Panicum</i>	CIV010	CN	570	3					100
Millet	<i>Panicum</i>	COL003	CIAT	563	3	98				2
Millet	<i>Panicum</i>		Autres (86)	7 630	43	16	2	7	1	74
Millet	<i>Panicum</i>		Total	17 633	100	11	1	3	1	84
Stylosanthes	<i>Stylosanthes</i>	COL003	CIAT	4 276	40	99	<1			<1
Stylosanthes	<i>Stylosanthes</i>	AUS048	ATCF	1 849	17	7		1	<1	92
Stylosanthes	<i>Stylosanthes</i>	BRA010	CNPGC	1 062	10					100
Stylosanthes	<i>Stylosanthes</i>	KEN015	KARI-NGBK	1 056	10	3	90			8
Stylosanthes	<i>Stylosanthes</i>	ETH013	ILRI-Ethiopia	994	9	98			2	
Stylosanthes	<i>Stylosanthes</i>	USA016	S9	111	1			1	1	98
Stylosanthes	<i>Stylosanthes</i>		Autres (39)	1 385	13	7	6	2	1	84
Stylosanthes	<i>Stylosanthes</i>		Total	10 733	100	51	10	<1	<1	38
Graminées	<i>Poa</i>	POL022	BYDG	2 329	23		96		3	1
Graminées	<i>Poa</i>	USA022	W6	1 716	17	82	2	1	10	5
Graminées	<i>Poa</i>	DEU271	IPK	1 122	11	60	<1	4	26	10
Graminées	<i>Poa</i>	SWE054	NORDGEN	594	6	81	4	2	10	2
Graminées	<i>Poa</i>	NZL001	AGRESEARCH	321	3					100
Graminées	<i>Poa</i>	JPN003	NIAS	271	3	17	2	44		37
Graminées	<i>Poa</i>		Autres (64)	3 897	38	29	1	2	12	56
Graminées	<i>Poa</i>		Total	10 250	100	36	23	3	10	28
Graminées	<i>Phleum</i>	POL003	IHAR	2 549	27		<1			100
Graminées	<i>Phleum</i>	DEU271	IPK	1 093	12	73	2	2	18	6
Graminées	<i>Phleum</i>	SWE054	NORDGEN	767	8	65	21	1	7	5
Graminées	<i>Phleum</i>	USA022	W6	692	7	37	10	<1	16	36
Graminées	<i>Phleum</i>	JPN003	NIAS	222	2		12	7		81

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Cultures fourragères										
Graminées	<i>Phleum</i>		Autres (56)	4 011	43	15	62	2	9	12
Graminées	<i>Phleum</i>		Total	9 334	100	23	30	1	8	38
Lotier	<i>Lotus</i>	AUS006	AMGRC	1 934	24	92	<1	4	5	<1
Lotier	<i>Lotus</i>	NZL001	AGRESEARCH	1 157	14					100
Lotier	<i>Lotus</i>	USA022	W6	929	11	56	3	4	12	24
Lotier	<i>Lotus</i>	GBR016	IBERS-GRU	492	6	20	1	30	16	34
Lotier	<i>Lotus</i>	POL003	IHAR	269	3		4			96
Lotier	<i>Lotus</i>	CHL004	INIA CARI	260	3	100				
Lotier	<i>Lotus</i>	ITA363	PERUG	246	3	63		7	12	17
Lotier	<i>Lotus</i>		Autres (82)	2 895	35	51	15	2	5	28
Lotier	<i>Lotus</i>		Total	8 182	100	52	6	4	5	32
Graminées	<i>Bromus</i>	USA022	W6	1 203	15	68	5	1	9	17
Graminées	<i>Bromus</i>	NZL001	AGRESEARCH	840	11					100
Graminées	<i>Bromus</i>	CHL028	INIA INTIH	595	8	100				
Graminées	<i>Bromus</i>	ARG1227	EEA INTA Anguil	490	6	100				
Graminées	<i>Bromus</i>	KAZ019	SPCGF	364	5	21		79		
Graminées	<i>Bromus</i>	URY002	FAGRO	320	4	100				
Graminées	<i>Bromus</i>	DEU146	IPK	317	4	11	<1		2	87
Graminées	<i>Bromus</i>	CAN004	PGRC	293	4	77	10	2	10	2
Graminées	<i>Bromus</i>	AUS006	AMGRC	229	3	93		<1	4	3
Graminées	<i>Bromus</i>		Autres (82)	3 157	40	50	1	2	3	44
Graminées	<i>Bromus</i>		Total	7 808	100	55	2	5	3	35
Seigle	<i>Elymus</i>	USA022	W6	3 310	67	92	3	<1	1	3
Seigle	<i>Elymus</i>	SWE054	NORDGEN	305	6	100				
Seigle	<i>Elymus</i>	AUS006	AMGRC	179	4	92			6	2
Seigle	<i>Elymus</i>	DEU146	IPK	125	3	6	1		2	90
Seigle	<i>Elymus</i>	CHN001	ICGR-CAAS	117	2					100
Seigle	<i>Elymus</i>	CZE122	RICP	110	2	98			2	

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Cultures fourragères										
Seigle	<i>Elymus</i>		Autres (40)	770	16	68	<1	1	3	28
Seigle	<i>Elymus</i>		Total	4 916	100	85	2	<1	2	11
Graminées	<i>Cenchrus</i>	KEN015	KARI-NGBK	1 138	30	1	2			96
Graminées	<i>Cenchrus</i>	GBR016	IBERS-GRU	469	12	74		1	3	23
Graminées	<i>Cenchrus</i>	AUS048	ATCFC	395	11	10			<1	90
Graminées	<i>Cenchrus</i>	ETH013	ILRI-Ethiopia	293	8	95			5	
Graminées	<i>Cenchrus</i>	BRA017	CPATSA	237	6					100
Graminées	<i>Cenchrus</i>	JPN003	NIAS	195	5	5	1			94
Graminées	<i>Cenchrus</i>		Autres (45)	1 031	27	22	5	8	<1	66
Graminées	<i>Cenchrus</i>		Total	3 758	100	24	2	2	1	71
Graminées	<i>Andropogon</i>	USA995	NCGRP	1 071	61	1			1	99
Graminées	<i>Andropogon</i>	KEN015	KARI-NGBK	116	7	1				99
Graminées	<i>Andropogon</i>	ETH013	ILRI-Ethiopia	104	6	98			2	
Graminées	<i>Andropogon</i>	COL003	CIAT	93	5	100				
Graminées	<i>Andropogon</i>	CAN041	LRS	55	3	100				
Graminées	<i>Andropogon</i>	ARG1133	IBONE	50	3					100
Graminées	<i>Andropogon</i>		Autres (42)	277	16	28	5	4	5	58
Graminées	<i>Andropogon</i>		Total	1 766	100	19	1	1	1	78
Plantes saccharifères										
Canne à sucre	<i>Saccharum</i>	BRA189	CTC	5 000	12					100
Canne à sucre	<i>Saccharum</i>	CUB041	INICA	3 619	9	2			98	
Canne à sucre	<i>Saccharum</i>	BRB001	WICSBS	3 493	8					100
Canne à sucre	<i>Saccharum</i>	JPN003	NIAS	2 916	7	8	1	27		64
Canne à sucre	<i>Saccharum</i>	USA047	MIA	2 426	6	10	3	2	7	77
Canne à sucre	<i>Saccharum</i>	GUY016	GSC	2 223	5				100	
Canne à sucre	<i>Saccharum</i>	DOM010	CRC	1 965	5					100
Canne à sucre	<i>Saccharum</i>	BGD015	BSRI	1 364	3	3	27	31		40
Canne à sucre	<i>Saccharum</i>	PAK130	SRI	1 200	3			100		
Canne à sucre	<i>Saccharum</i>	PHL251	SRA-LGAREC	1 161	3		1	22	77	

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Plantes saccharifères										
Canne à sucre	<i>Saccharum</i>	THA005	FCRI-DA/TH	1 093	3	59		41		
Canne à sucre	<i>Saccharum</i>		Autres (49)	14 668	36	1	10	4	27	58
Canne à sucre	<i>Saccharum</i>		Total	41 128	100	3	5	9	26	56
Betterave	<i>Beta</i>	USA022	W6	2 510	11	26	34	19	15	5
Betterave	<i>Beta</i>	DEU146	IPK	2 209	10	48	17	8	24	3
Betterave	<i>Beta</i>	SRB002	IFVCNS	2 140	10				100	
Betterave	<i>Beta</i>	FRA043	INRA-DIJON	1 630	7	11	31	28	31	
Betterave	<i>Beta</i>	CHN001	ICGR-CAAS	1 388	6					100
Betterave	<i>Beta</i>	RUS001	VIR	1 354	6		1	50	46	3
Betterave	<i>Beta</i>	JPN003	NIAS	1 339	6	2		21		77
Betterave	<i>Beta</i>		Autres (95)	9 776	44	12	7	10	10	61
Betterave	<i>Beta</i>		Total	22 346	100	14	11	14	23	39
Plantes textiles										
Coton	<i>Gossypium</i>	UZB036	UzRICBSP	12 048	11					100
Coton	<i>Gossypium</i>	USA049	COT	9 387	9	21	2	8	4	64
Coton	<i>Gossypium</i>	IND512	CICR	9 000	9		100			
Coton	<i>Gossypium</i>	CHN001	ICGR-CAAS	7 226	7	7				93
Coton	<i>Gossypium</i>	RUS001	VIR	6 205	6		23	16	58	3
Coton	<i>Gossypium</i>	FRA002	IRCT-Cirad	4 116	4	12	38			50
Coton	<i>Gossypium</i>	BRA003	CENARGEN	3 179	3					100
Coton	<i>Gossypium</i>	PAK009	CCRI	1 830	2	2		98		
Coton	<i>Gossypium</i>	VNM013	INCORD	1 400	1			100		
Coton	<i>Gossypium</i>	AZE015	GRI	1 370	1			<1	100	
Coton	<i>Gossypium</i>		Autres (98)	49 019	47	5	6	7	5	78
Coton	<i>Gossypium</i>		Total	104 780	100	5	15	8	7	65
Lin	<i>Linum</i>	RUS001	VIR	5 282	12		10	39	<1	50
Lin	<i>Linum</i>	ETH085	IBC	3 433	8		100			
Lin	<i>Linum</i>	CAN004	PGRC	3 418	8	2	6	12	11	69

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Plantes textiles										
Lin	<i>Linum</i>	CHN001	ICGR-CAAS	3 003	7					100
Lin	<i>Linum</i>	USA020	NC7	2 994	7	3	1	<1	5	90
Lin	<i>Linum</i>	ROM002	ICCPT Fundul	2 880	7	3	2	44	51	
Lin	<i>Linum</i>	IND849	Linseed	2 730	6		100			
Lin	<i>Linum</i>	DEU146	IPK	2 323	5	2	39	15	40	3
Lin	<i>Linum</i>	ARG1342	BBC-INTA	2 226	5				100	
Lin	<i>Linum</i>	CZE090	SUMPERK	2 054	5		25	24	50	1
Lin	<i>Linum</i>	BGR001	IPGR	1 437	3	<1	3		<1	96
Lin	<i>Linum</i>	UKR015	ILK	1 063	2		14	3	74	10
Lin	<i>Linum</i>		Autres (69)	10 158	24	1	25	19	23	32
Lin	<i>Linum</i>		Total	43 001	100	1	26	15	22	36
Jute	<i>Corchorus</i>	IND001	NBPGR	5 408	46	5	37	3	2	54
Jute	<i>Corchorus</i>	BGD001	BJRI	4 110	35	7				93
Jute	<i>Corchorus</i>	KEN015	KARI-NGBK	203	2	22	66			12
Jute	<i>Corchorus</i>	THA005	FCRI-DA/TH	160	1			100		
Jute	<i>Corchorus</i>	RUS001	VIR	150	1		1			99
Jute	<i>Corchorus</i>	TWN001	AVRDC	143	1		26		1	73
Jute	<i>Corchorus</i>		Autres (35)	1 515	13	29	38	11	1	22
Jute	<i>Corchorus</i>		Total	11 689	100	9	24	4	1	63
Plantes médicinales, aromatiques, stimulantes et épices										
Café	<i>Coffea</i>	CIV011	IRCC/Cirad	6 560	22	87			2	11
Café	<i>Coffea</i>	BRA006	IAC	4 152	14					100
Café	<i>Coffea</i>	FRA014	Cirad	3 800	13				55	45
Café	<i>Coffea</i>	CRI134	CATIE	1 835	6					100
Café	<i>Coffea</i>	CUB035	ECICC	1 597	5	10	64	10	16	
Café	<i>Coffea</i>	ETH075	JARC	1 284	4				7	93
Café	<i>Coffea</i>	COL014	CENICAFE	1 119	4	4				96
Café	<i>Coffea</i>		Autres (57)	9 960	33	6	18	9	10	57
Café	<i>Coffea</i>		Total	30 307	100	21	9	3	12	54

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Plantes médicinales, aromatiques, stimulantes et épicées										
Moutarde	<i>Sinapis</i>	IND001	NBPGR	5 509	21	1	23	<1	2	75
Moutarde	<i>Sinapis</i>	CHN001	ICGR-CAAS	3 073	12					100
Moutarde	<i>Sinapis</i>	AUS039	ATFCC	1 547	6	2	11	19	17	51
Moutarde	<i>Sinapis</i>	RUS001	VIR	1 372	5		4	17	79	
Moutarde	<i>Sinapis</i>	VNM006	FCRI	1 300	5		100			
Moutarde	<i>Sinapis</i>		Autres (79)	13 610	52	3	57	2	5	32
Moutarde	<i>Sinapis</i>		Total	26 411	100	2	40	3	8	47
Tabac	<i>Nicotiana</i>	CHN001	ICGR-CAAS	3 407	16					100
Tabac	<i>Nicotiana</i>	IND115	CTRI	2 550	12	6				94
Tabac	<i>Nicotiana</i>	USA074	TOB	2 108	10	6	6	6	26	55
Tabac	<i>Nicotiana</i>	ITA403	CRA-CAT	1 711	8	84			16	
Tabac	<i>Nicotiana</i>	AUS048	ATCFCC	948	4	42	3	43	10	1
Tabac	<i>Nicotiana</i>	POL057	PULT	908	4					100
Tabac	<i>Nicotiana</i>	CUB029	IIT	780	4	4	7	88	1	
Tabac	<i>Nicotiana</i>	TUR001	AARI	638	3		94		6	
Tabac	<i>Nicotiana</i>	UKR079	KST	612	3		13		9	77
Tabac	<i>Nicotiana</i>		Autres (60)	8 053	37	4	11	15	22	49
Tabac	<i>Nicotiana</i>		Total	21 715	100	11	8	11	13	57
Cacao	<i>Theobroma</i>	TTO005	CRU	2 325	19	44	1		55	
Cacao	<i>Theobroma</i>	GHA005	CRIG	1 000	8			100		
Cacao	<i>Theobroma</i>	BRA074	CEPEC	754	6					100
Cacao	<i>Theobroma</i>	COL029	CORPOICA	746	6					100
Cacao	<i>Theobroma</i>	CRI134	CATIE	710	6					100
Cacao	<i>Theobroma</i>	CIV059	IDEFOR-DCC	700	6					100
Cacao	<i>Theobroma</i>	FRA014	Cirad	700	6				29	71
Cacao	<i>Theobroma</i>	ECU021	EETP	645	5					100
Cacao	<i>Theobroma</i>	SLE015	NUC	200	2				100	
Cacao	<i>Theobroma</i>		Autres (51)	4 593	37	<1	22	8	6	64
Cacao	<i>Theobroma</i>		Total	12 373	100	8	8	11	16	56

APPENDIX 2

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Plantes médicinales, aromatiques, stimulantes et épices										
Thé	<i>Camellia</i>	JPN003	NIAS	7 312	62	<1	<1	2		98
Thé	<i>Camellia</i>	VNM025	VINATRI	2 500	21		100			
Thé	<i>Camellia</i>	IND368	UPASI-TRI	567	5		100			
Thé	<i>Camellia</i>	LKA123	TRI	560	5			100		
Thé	<i>Camellia</i>	BGD012	BTRI	474	4	<1	76		<1	24
Thé	<i>Camellia</i>	ARG1222	EEA INTA Cerro Azul	189	2			100		
Thé	<i>Camellia</i>	AZE009	HSCRI	81	1			86	14	
Thé	<i>Camellia</i>		Autres (10)	156	1	3	13	40		45
Thé	<i>Camellia</i>		Total	11 839	100	<1	29	9	<1	62
Opium	<i>Papaver</i>	TUR001	AARI	3 559	35	1	99			
Opium	<i>Papaver</i>	DEU146	IPK	1 154	11	4	59	3	21	14
Opium	<i>Papaver</i>	UKR008	UDS	1 081	11		3	28	1	68
Opium	<i>Papaver</i>	HUN003	RCA	967	10	<1	66		13	21
Opium	<i>Papaver</i>	IND001	NBPGR	823	8	1	<1	17	<1	81
Opium	<i>Papaver</i>	USA022	W6	338	3	79	4		1	16
Opium	<i>Papaver</i>	RUS001	VIR	267	3		61	1	32	5
Opium	<i>Papaver</i>	SVK001	SVKPIEST	262	3		49	28	23	1
Opium	<i>Papaver</i>	BGR001	IPGR	244	2		2		<1	98
Opium	<i>Papaver</i>		Autres (38)	1 377	14	15	20	5	16	45
Opium	<i>Papaver</i>		Total	10 072	100	6	54	6	7	27
Cultures industrielles et plantes décoratives										
Para	<i>Hevea</i>	MYS111	MRB	60 000	81	100				
Para	<i>Hevea</i>	IND031	RRII	4 772	6	95			5	
Para	<i>Hevea</i>	CIV061	IDEFOR-DPL	2 330	3					100
Para	<i>Hevea</i>	LBR004	FPC	1 215	2			99	1	
Para	<i>Hevea</i>	BRA006	IAC	1 000	1					100
Para	<i>Hevea</i>	VNM009	RRI	960	1					100

TABLEAU A2
Collections de matériel génétique par culture

Groupe de cultures	Genre	Banque de gènes		Entrées		Type d'entrée (%)				
		Code de l'institution	Sigle	No.	%	ES	VL	LS	CA	AU
Cultures industrielles et plantes décoratives										
Para	<i>Hevea</i>		Autres (16)	3 379	5	3	<1		6	91
Para	<i>Hevea</i>		Total	73 656	100	88	<1	2	1	10
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>	FRA219	INRA-BORDEAU	24 275	40					100
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>	NLD039	IBN-DLO	10 795	18	2	2		1	96
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>	BRA190	CNPF	4 000	7					100
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>	GBR004	RBG	1 080	2	100				
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>	COL102	CC	791	1					100
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>	ARG1342	BBC-INTA	777	1	21	21		12	46
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>	IRL007	COILLTE	612	1	37		63		
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>	USA131	NA	529	1	60	13		1	26
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>	HND030	CONSEFORH	485	1	68	<1		32	
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>	POL001	PAN	450	1					100
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>	LTU001	LIA	302	<1		3	35		63
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>	ESP022	INIAFOR	240	<1				83	17
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>	HUN044	UHFI-DFD	239	<1	10			57	32
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>		Autres (94)	15 986	26	7	3	1	3	86
Cultures ligneuses	<i>Plusieurs</i>		Total	60 561	100	6	1	1	2	90
Plantes décoratives										
Plantes décoratives	<i>Plusieurs</i>	JPN003	NIAS	3 807	22		<1	1		99
Plantes décoratives	<i>Plusieurs</i>	FRA179	INRA-RENNES	1 650	9		3		97	
Plantes décoratives	<i>Plusieurs</i>	POL001	PAN	1 540	9					100
Plantes décoratives	<i>Plusieurs</i>	CZE079	PRUHON	1 288	7	1	1	<1	93	5
Plantes décoratives	<i>Plusieurs</i>	BRA203	IBOT	1 272	7					100
Plantes décoratives	<i>Plusieurs</i>		Autres (75)	8 112	46	17	3	19	20	41
Plantes décoratives	<i>Plusieurs</i>		Total	17 669	100	8	2	9	25	56



Appendice 3

L'état de la technique:
méthodologies et
technologies pour
l'identification, la
conservation et
l'utilisation des ressources
phytogénétiques
pour l'alimentation et
l'agriculture

A3.1 Introduction

L'ampleur et la structure de la diversité génétique d'une population déterminent la capacité de cette population à s'adapter à son environnement par le biais de la sélection naturelle. Lorsque la diversité génétique est faible, les combinaisons possibles de gènes qui confèrent la valeur sélective se réduisent ainsi que la capacité d'adaptation aux variations des conditions environnementales, ce qui diminue la probabilité de croissance de nouveaux spécimens dans la population. Par conséquent, une population qui pousse dans la nature (ou qui se gère dans une aire protégée) doit posséder une diversité génétique appropriée pour assurer son existence continue face aux éléments biotiques et abiotiques en évolution de son écosystème.

Un scénario parallèle qui décrit les populations naturelles se produit dans les programmes d'amélioration des cultures en ce qui concerne la variation transmissible disponible au sein du matériel génétique. Les sélectionneurs recherchent et recombinent la variabilité génétique de leurs populations d'amélioration, et détectent les caractères souhaités ou les caractéristiques qui permettent aux cultures de réussir dans les milieux ciblés ou contre les ravageurs ou les pathogènes visés. Par conséquent, il est nécessaire que les sélectionneurs aient accès à une diversité génétique adéquate pour garantir le succès de leurs programmes de sélection.

Derrière ces scénarios (variations dans la nature et dans les collections de matériel génétique pour la sélection), qui ont été conceptualisés de façon superficielle par l'expression 'la diversité, c'est bien' dans la nature et dans les programmes de sélection des cultures, se trouvent de nombreuses questions complexes. Il est urgent, fondamental et nécessaire de faire la distinction entre la diversité phénotypique (résultat net de l'interaction entre les éléments hérissables et non hérissables de la variation) et la diversité génétique (hérissable). D'autres considérations sont associées aux stratégies à utiliser pour trouver, préserver, mesurer et contrôler la diversité génétique, ainsi qu'aux mécanismes à concevoir pour l'exploiter le plus efficacement possible. Les processus des deux scénarios peuvent encore plus se compliquer en raison de la biologie de l'espèce qui englobe son système de sélection, qu'elle soit annuelle ou vivace, les niveaux de ploïdie et ses tolérances écologiques. Par conséquent, le niveau de

compréhension de ces facteurs impacte sur la capacité des chercheurs à élaborer des stratégies de sélection ou de conservation pour l'espèce en question.

Il existe également des aspects non biologiques qui peuvent compliquer les pratiques de gestion pour les populations naturelles et pour les matériels de sélection, c'est-à-dire les aspects organisationnels, politiques, juridiques et économiques. Et encore, des problèmes se posent aux niveaux national, régional et mondial en ce qui concerne la collaboration, les mesures d'incitation et les compétences qui facilitent la conservation et l'utilisation des ressources génétiques.

L'objectif de cet appendice est, premièrement, de résumer l'état des connaissances scientifiques, des pratiques et des technologies en matière de diversité génétique qui ont vu le jour depuis la publication du *Premier Rapport* en 1998 et dont un résumé semblable figurait à l'annexe 1. On abordera également l'état de l'environnement propice à l'aspect social car ses éléments ont un impact direct sur les capacités nationales en matière de conservation et d'utilisation des ressources génétiques.

L'annexe 1 du *Premier Rapport* exposait clairement l'importance de la diversité génétique dans le cadre de la conservation et de l'utilisation du matériel génétique végétal; les disparités entre la variation génétique qualitative et quantitative et l'importance distincte accordée à ces deux aspects par les conservateurs et par les utilisateurs des ressources génétiques; les moyens et les techniques de la conservation; les différentes stratégies de sélection et leurs fonctions et défis en ce qui concerne les objectifs de sélection; et enfin les questions juridiques et économiques qui peuvent promouvoir ou empêcher la conservation et l'utilisation des ressources génétiques. Cet appendice ne va pas répéter ces informations, mais se concentre sur les développements intervenus depuis la publication du *Premier Rapport*.

A3.2 Progrès accomplis dans la connaissance de la génétique relative à la conservation et à l'utilisation des RPGAA

Les principaux progrès accomplis en matière de compréhension et d'application de l'hérédité dans la

APPENDICE 3

gestion des RPGAA au cours des 12 dernières années se dégagent des énormes avancées réalisées dans la biologie moléculaire au cours de cette période, surtout en ce qui concerne la génomique, qui est l'étude de la totalité de la constitution génétique d'un individu (génome). Grâce à la capacité de caractériser et de cloner des génomes entiers de façon opportune et rentable, cette période a été déterminée par un volume toujours croissant d'informations accessibles au grand public, relatives à la séquence de l'ADN, des gènes et des protéines. Ces progrès ont été accompagnés par des avancements formidables dans la portée de la production et de l'analyse des données à des niveaux qui étaient insondables il y a vingt ans. Ce paradigme se trouve en nette opposition avec le degré de compréhension beaucoup plus limité de l'hérédité qui avait été possible jusqu'à présent avec les méthodes de la génétique classique d'isolement.

La génomique et les domaines associés de la protéomique (étude des protéines), de la métabolomique (étude des métabolites) et de la plus récente phénotypique (étude des phénotypes par rapport à la génomique) se sont développés grâce à la convergence de la génétique classique, des outils automatisés de laboratoire pour la production de données moléculaires et des méthodes de gestion des informations, surtout la bioinformatique. Les progrès réalisés dans la taxonomie et dans la systématique, largement imputables à la meilleure qualité des informations tirées de l'utilisation des approches de biologie moléculaire dans la caractérisation du génome, ont abouti à une meilleure compréhension de la structure des pools de gènes, des relations au sein et entre les groupements taxonomiques et, dans certains cas, à l'inversion des classements taxonomiques attribués jusqu'alors. Ces nouveaux domaines des sciences biologiques ont des implications directes dans la gestion du matériel génétique (par exemple, dans l'établissement des collections de référence) et dans l'identification du besoin d'autres collections de ressources génétiques. En outre, les données moléculaires ne sont pas affectées par leur environnement et sont particulièrement utiles pour concevoir les stratégies d'amélioration des cultures, y compris les activités de présélection, car elles conviennent particulièrement à

parcourir le pool de gènes à la recherche de nouvelles sources d'allèles.

Les contributions de la génomique, et des autres disciplines scientifiques à suffixes «-omique», à la biologie de base ont été aussi essentielles car leur application avisée consent de mieux interpréter les processus métaboliques, leurs éléments clés et leurs voies, ce qui permet aux chercheurs d'identifier avec plus de précision les gènes et leurs allèles et de les utiliser dans l'amélioration des cultures. Un autre aspect assez important se trouve dans les techniques de biologie moléculaire qui permettent de mieux comprendre, et avec plus de précision, l'adaptation et l'évolution. Il est par conséquent possible de déterminer de façon fiable la différence entre la diversité génétique neutre et la diversité génétique adaptative, et la fonction que les différents marqueurs peuvent exercer dans l'identification et dans l'utilisation de la diversité génétique.

Compte tenu du fait qu'il est à présent possible, de façon généralisée, d'utiliser les approches moléculaires appropriées pour identifier les segments de génome qui différencient les individus (connus sous le nom de marqueurs moléculaires) et d'appliquer les algorithmes statistiques pour identifier exactement les localisations génomiques de ces «points de référence», les marqueurs moléculaires sont à présent les outils de choix pour tracer l'hérédité des régions ciblées des génomes dans les programmes de sélection (sélection assistée par marqueurs) et pour la caractérisation des collections de matériel génétique. L'utilisation courante des outils moléculaires pour analyser les collections de matériel génétique améliorera l'efficacité de la gestion des collections. Les avantages comprendront la possibilité d'identifier et d'éliminer plus facilement les doubles (ou d'autres niveaux de redondance) présents dans les collections de matériel génétique et, en même temps, de créer plus aisément des collections de référence.

Un autre domaine de la gestion des RPGAA où les applications des techniques de biologie moléculaire ont eu un impact considérable se situe dans la génétique des populations en raison de l'utilisation répandue des données moléculaires dans l'étude des populations (diversité et structure). La grande dépendance des données moléculaires dans l'étude des populations a

engendré le néologisme, génomique des populations. Par exemple, il est de plus en plus simple d'identifier des loci spécifiques dans la sélection naturelle, et donc d'importance adaptative, simplement par l'échantillonnage au niveau de la population. Il est devenu également assez habituel de tracer l'expression génique (sur la base de l'établissement du profil des transcrits; ou transcriptomique), même au niveau des tissus, sous différentes influences environnementales (biotiques et abiotiques) et selon un régime de série chronologique. Une stratégie de ce genre facilite, outre l'identification des gènes qui modulent l'expression phénotypique, l'explication des fonctions des gènes et de leurs interactions avec d'autres gènes. La meilleure connaissance des gènes et de leurs fonctions, et les outils ainsi élaborés auront une valeur incalculable au fur et à mesure que l'on investit dans les programmes d'amélioration des cultures pour développer des variétés qui prospèrent malgré les conditions climatiques extrêmes prévues comme conséquence des variations et du changement climatique mondial.

Un exemple spécifique du contraste frappant entre ce qui était considéré possible en 1995 et ce qui est considéré possible aujourd'hui figure à l'annexe 1 du *Premier Rapport*. Dans cette annexe, il était signalé que l'application directe du séquençage de l'ADN était plus utile dans l'identification d'un gène ou de gènes que pour l'analyse d'un génotype entier. La conclusion était alors qu'il y avait uniquement «a very limited possibility to sample many variants for PGRFA characterization (une possibilité très limitée d'échantillonner plusieurs variants pour la caractérisation de l'ADN)». Aujourd'hui, grâce à l'amélioration des technologies, surtout en ce qui concerne les plates-formes à grande capacité pour l'extraction de l'ADN, pour l'amplification et la visualisation des fragments d'ADN (et d'ARN), avec le séquençage de fragments d'ADN (et des génomes entiers), les capacités améliorées des sciences informatiques (stockage et analyse des données) et la gamme de logiciels analytiques personnalisés, il est devenu normal de caractériser un grand nombre d'entrées pour les polymorphismes (différences des séquences) dans des milliers de loci d'ADN dans le génome.¹

L'identification de l'ordre linéaire des gènes conservé sur les chromosomes, un phénomène connu sous le nom de synténie, est un autre domaine où les progrès depuis 1995 ont été importants. Elle a été établie non seulement entre les espèces étroitement liées, mais également avec des taxons plus éloignés et même entre des espèces qui présentent de très grandes différences dans la taille des génomes. La synténie a été documentée pour de nombreux taxons dans des familles comme *Fabaceae*, *Poaceae*, *Solanaceae* and *Brassicaceae*. Ces résultats ont fourni l'élan pour des investissements dans un nombre considérable d'initiatives en matière de génomique comparée afin de tirer profit des informations sur la séquence génétique des espèces modèles pour l'identification de gènes dans les taxons autres que ceux de l'espèce modèle. La microsynténie (ressemblance entre les taxons dans l'ordre de la séquence des nucléotides le long du même chromosome) n'a été mesurable qu'avec la disponibilité d'une quantité considérable de données sur les séquences du génome qui sont désormais accessibles au grand public. Les cas démontrés de macrosynténie (ressemblance entre les taxons dans l'ordre d'un grand nombre de gènes le long du même chromosome) suggèrent par conséquent qu'il existe des segments de génome ancestral conservés à travers plusieurs taxons, ce qui implique que les marqueurs moléculaires identifiés dans ces segments pourraient être utilisés dans la caractérisation du génome, même à travers des taxons différents. Naturellement, l'utilité de la synténie sera toujours sujette aux influences des remaniements chromosomiques.²

Dans l'ensemble, l'amélioration de la compréhension et des capacités d'étude de la diversité génétique au sein des espèces, des populations et des pools de gènes pour ce qui est de la distribution et de la structure a été l'un des événements clés depuis la publication du *Premier Rapport*. Il est à présent constaté que le polymorphisme des séquences de nucléotides fournit des informations précieuses pour comprendre et utiliser la diversité génétique dans l'amélioration des cultures. L'utilité de ces polymorphismes, comme les marqueurs moléculaires, est même plus importante lorsque le

APPENDICE 3

polymorphisme se produit à l'intérieur d'un gène cible (qui produit des marqueurs fonctionnels). Ci-après quelques exemples représentatifs.

A3.3 Progrès accomplis dans les biotechnologies relatives à la conservation et à l'utilisation des RPGAA

Les applications initiales de la biologie moléculaire pour caractériser les génomes végétaux comprenaient le séquençage d'un seul gène, le développement et l'utilisation des polymorphismes de longueur des fragments de restriction (RFLP) et des types de transfert à faible densité d'arrangements d'ADN (ou transfert de northern). L'état des connaissances favorisait initialement le paradigme 'un gène, un phénotype'. Toutes ces applications étaient en place lors de la publication du *Premier Rapport*, mais elles ont été rapidement remplacées par le séquençage de génomes entiers, par l'utilisation répandue de marqueurs génétiques moléculaires dans la réaction de polymérisation en chaîne (PCR), par les polymorphismes d'un seul nucléotide (SNP), et par les arrangements de densité moyenne (pour la découverte de gènes et pour l'explication des fonctions). Actuellement, le séquençage comparatif de génomes entiers (en utilisant des espèces multiples apparentées), le génotypage à densité extrêmement élevée (impliquant le reséquençage d'individus) et les puces de génomes entiers pour le suivi de la transcription de tout le génome, l'épissage alternatif (ou différentiel) ne sont que quelques exemples des nouveaux outils moléculaires qui changent radicalement la profondeur et l'ampleur de l'analyse génomique du matériel génétique végétal. En outre, le paradigme 'un gène, un phénotype' laisse la place à une nouvelle philosophie qui prévoit un génome dynamique qui répond de façon globale aux voies de développement et aux signaux de l'environnement.³

La vitesse, l'échelle et la taille sont les paramètres sur lesquels les progrès technologiques impactent positivement. La vitesse, ou le débit, a augmenté de façon significative dans plusieurs activités différentes qui vont de l'extraction de l'ADN, par les réactions

de polymérisation en chaîne, à l'établissement des profils du transcriptome des puces d'ADN. L'échelle de l'approche a également augmenté de façon significative comme le montre le nombre de marqueurs moléculaires qui peuvent être utilisés pour analyser simultanément les échantillons individuels d'ADN; le nombre de descendances provenant des événements de mutation ou de recombinaison qui peuvent être examinées pour trouver des réponses à faible probabilité; et le nombre d'échantillons qui peuvent être manipulés simultanément avec la robotique. En général, la quantité et la portée maniable de nombreuses activités et dosages ont augmenté de façon considérable; le nombre de paires de bases nucléotidiques qui peuvent être amplifiées ou séquencées, l'étendue de la couverture du génome dans tout dosage, la densité des marqueurs moléculaires (nombre de marqueurs par centiMorgan) sur une carte de liaison génétique moléculaire, les longueurs des fragments intégrés aux banques de chromosomes artificiels de bactérie (BAC) et les longueurs des contigs qui peuvent être assemblés tout en comparant les données de séquence, ne sont que des exemples de ces améliorations.

Curieusement, les augmentations dans la portée et dans l'échelle ont progressé en même temps que les améliorations des niveaux d'efficacité, car les coûts et le temps par point de donnée unitaire ont baissé considérablement; le matériel et les fournitures sont moins coûteux et, par conséquent, il a été possible d'accéder à des installations de recherche qui ont des niveaux différents de budget, d'infrastructure et de ressources humaines. Cependant, on remarque également que le résultat net des augmentations dans la vitesse, dans l'échelle et dans la taille, et des diminutions des coûts et du temps est en soi un nouveau type de goulot d'étranglement, en raison des énormes volumes de données à stocker, à analyser, à interpréter et à visualiser. Les progrès dans le secteur du matériel et des logiciels informatiques abordent ce problème de façon très satisfaisante, car les chercheurs disposent d'une vaste gamme de choix dans l'attirail des technologies de l'information pour la gestion des données moléculaires.

Le séquençage du génome a également continué de se développer rapidement avec les progrès

mentionnés ci-dessus dans la science de la biologie moléculaire et dans les innovations atteintes dans les plates-formes technologiques auxiliaires. Le premier génome complètement séquencé a été *Arabidopsis thaliana* en 2000.⁴ Cette espèce possède un petit génome et est devenue une espèce végétale modèle pour la recherche en biologie et en génétique. La deuxième espèce végétale séquencée a été une espèce cultivée, le riz, dont les séquences de deux génotypes différents ont été publiées en 2002 (*Oryza sativa indica*⁵ et *O. sativa japonica*⁶). Les trois premiers génomes d'arbres séquencés en 2006 appartenaient à une espèce de peuplier (*Populus trichocarpa*).⁷ Toujours en 2006, la séquence préliminaire du génome de *Medicago truncatula* a été publiée.⁸ Cette espèce fournit un modèle de génome pour les légumineuses. Les autres génomes de cultures ayant été séquencés ont été les génomes du sorgho (*Sorghum bicolor*), du raisin (*Vitis vinifera*) et de la papaye (*Carica papaya*); toutes les trois séquences ont été publiées en 2007.⁹ En 2008,

les séquences préliminaires du soja (*Glycine max*)¹¹ et d'*Arabidopsis lyrata*¹² ont été publiées. L'*Arabidopsis lyrata* est un parent proche d'*A. thaliana*, mais son génome est plus grand. Plus récemment, (2009), les séquences de *Brachypodium distachyon*¹³ (une nouvelle espèce modèle de graminées tempérées et d'espèces herbacées pour la production d'énergie) et du maïs (*Zea mays*)¹⁴ ont été publiées. L'encadré A3.1 identifie les autres espèces de plantes supérieures pour lesquelles des projets de séquençage du génome sont en cours (au début de 2010).¹⁵ Outre le séquençage complet du génome, un grand nombre de données sur les séquences sont disponibles pour de nombreuses espèces végétales; ces données proviennent du séquençage de fragments considérables de leurs génomes (par exemple, le séquençage des banques de BAC ou de chromosomes entiers). Des exemples d'espèces cultivées (ou d'espèces étroitement reliées aux plantes cultivées) avec des dépôts importants de séquences d'ADN dans des bases de données accessibles au grand public sont: *Brassica rapa*, *Carica papaya*, *Gossypium hirsutum*, *Glycine max*, *Hordeum vulgare*, *Lotus japonicus*, *Medicago truncatula*, *Sorghum bicolor*, *Solanum lycopersicum*, *Triticum aestivum*, *Vitis vinifera* et *Zea mays*.¹⁶ Une autre source d'information sur les séquences est représentée par les collections de marqueurs de séquence exprimée (EST – produits par le séquençage d'ADN complémentaire ou des banques d'ADNc) qui sont à présent générés pour de nombreuses cultures. Le maïs, le blé, le riz, l'orge, le soja et l'*Arabidopsis* ont les plus grandes collections de marqueurs de séquence exprimée de plantes: plus d'un million d'EST ont été publiés pour chacune de ces espèces végétales.¹⁷

Encadre A3.1 Liste des espèces végétales pour lesquelles des projets sur le séquençage du génome étaient en cours en 2010¹⁰

Amaranthus tuberculatus, *Aquilegia coerulea*, *A formosa*, *Arabidopsis arenosa*, *Arundo donax*, *Beta vulgaris*, *Brassica napus*, *B. oleracea*, *B rapa*, *Capsella rubella*, *Chlorophytum borivillianum*, *Citrus sinensis*, *C. trifoliata*, *Cucumis sativus*, *Dioscorea alata*, *Eucalyptus grandis*, *Gossypium hirsutum*, *Glycyrrhiza uralensis*, *Hordeum vulgare*, *Jatropha curcas*, *J. tanjorensis*, *Lotus japonicus*, *Madhuca indica*, *Malus x domestica*, *Manihot esculenta*, *Milletia pinnata*, *Mimulus guttatus*, *Miscanthus sinensis*, *Musa acuminata*, *Nicotiana benthamiana*, *N. tabacum*, *Oryza barthii*, *Panicum virgatum*, *Phoenix dactylifera*, *Pinus taeda*, *Ricinus communis*, *Solanum demissum*, *S lycopersicum*, *S. phureja*, *S. pimpinellifolium*, *S. tuberosum*, *Theobroma cacao*, *Triphysaria versicolor*, *Triticum aestivum*, *Vigna radiata* et *Zostera marina*.

Le développement de nouvelles technologies pour le séquençage de l'ADN¹⁸ a été favorisé par les activités de recherche et de développement en matière de génomique humaine, financées par les secteurs public et privé. Un peu en retard, mais profitant largement des avantages découlant des progrès réalisés dans la génomique humaine, ces technologies sont appliquées à la recherche végétale dans son ensemble et, de façon plus spécifique, à l'amélioration des cultures, à l'évolution des plantes et à la conservation des ressources phylogénétiques. Des progrès constants sont réalisés en matière de logiciels et de matériel à utiliser pour le séquençage du génome¹⁹ et il

APPENDICE 3

est envisagé que, dans un avenir proche, le séquençage du génome complet sera tellement accessible qu'il deviendra la stratégie de choix pour la caractérisation. Pour étayer ce pronostic, les plates-formes de séquençage de 'nouvelle génération' (c'est-à-dire, les nouvelles méthodes qui ne se basent pas sur la méthode Sanger de 1997, à savoir, le séquenceur 454 de Roche et le séquenceur SOLEXA d'Illumina, mais reposent plutôt sur la technologie de pyroséquençage qui est plus rentable et plus rapide), sont de plus en plus acceptées et par conséquent atteignent des parts plus élevées du marché du séquençage.

A3.4 Évaluation et analyse de la diversité génétique

Il existe à présent de nombreuses stratégies pour l'évaluation de la diversité génétique et de la structure des populations végétales. Plusieurs de ces stratégies étaient utilisées au cours de la période de la publication du *Premier Rapport*. Elles sont encore valables et comprennent l'analyse généalogique et la répétition des expériences de terrain (pour quantifier les variations héréditaires et leurs composantes). Les outils moléculaires utilisés pour les études sur la caractérisation et sur la diversité du matériel génétique de 1995 comprenaient les marqueurs isozymes, les RFLP, l'amplification aléatoire de l'ADN polymorphe (RAPD), les répétitions de séquences simples (SSR), et les polymorphismes de longueur de fragments amplifiés (AFLP). Avec la grande diffusion du séquençage du génome et de la génération de marqueurs de séquence exprimée, il est à présent plus facile de générer les marqueurs SSR et, par conséquent, leur utilisation est plus généralisée. Les développements dans les systèmes de détection des marqueurs avec criblage à haut débit, surtout les plates-formes qui sont aptes à l'automatisation et à différents degrés de multiplexage, ont également facilité et augmenté l'efficacité de l'utilisation des marqueurs basés sur la PCR, notamment les AFLP. Il est assez important de noter que la capacité de découvrir facilement dans toutes les parties des génomes les SNP, un type de marqueur qui devient rapidement l'option préférée dans les systèmes à haut débit, est le résultat direct de l'amélioration significative des capacités de séquençage. Les SSR et les plus récents SNP sont

appropriés pour fournir l'empreinte du génotype.²⁰ Grâce aux SNP, on prévoit l'obtention d'une carte à plus haute résolution, un plus haut débit, de prix moins élevés et un taux d'erreur plus faible par rapport aux marqueurs SSR.²¹

Une autre caractéristique des marqueurs comme les SNP et les SSR consiste dans la possibilité de les transférer, à partir des génotypes, où ils sont identifiés, aux matériels associés pour lesquels les informations sur la séquence ne sont pas disponibles, sans devoir effectuer une autre séquence.²² La prise des empreintes génétiques d'un individu par le biais des SNP dispersés dans tout le génome, ou d'une section spécifique d'intérêt, est devenue une manière très puissante de caractériser les collections, comme les matériels de sélection (y compris les populations ségrégantées) et les entrées des banques de gènes.²³

L'utilité de la caractérisation du génome sur la base des SNP pour l'amélioration des cultures et pour les banques de gènes (les matériels *in situ* et *ex situ*) peut être compromise dans les situations où les informations de la séquence ne sont pas disponibles. Dans ces cas, on ne peut pas utiliser les SNP; une alternative appropriée serait représentée par la procédure d'analyse des puces à haut débit, la Diversity Array Technology (DArT). Cette technologie différencie les individus sur la base des polymorphismes à partir des comparaisons simultanées avec une représentation génomique commune définie. Il s'agit d'un système à faible coût et à haut débit qui requiert des quantités minimales d'ADN par individu et, en même temps, fournit une couverture globale du génome, même dans les organismes pour lesquels les informations sur la séquence de l'ADN ne sont pas disponibles.²⁴ Depuis la validation de principe avec le riz en 2001, la DArT a été employée pour les analyses à haut débit dans de nombreux genres, y compris l'orge, *Musa* et l'eucalyptus. Par exemple, les marqueurs DArT ont aussi été utiles pour démontrer les relations génétiques entre 48 entrées de *Musa* (provenant de deux espèces sauvages avec des compositions génomiques différentes) tout comme d'autres marqueurs, mais avec un coût moins élevé, une meilleure résolution et plus de vitesse.²⁵

Les caractères qualitatifs (comme les nombreuses résistances aux maladies et les tolérances aux stress)

et les caractères quantitatifs (comme les indices de rendement et de productivité) sont habituellement les cibles de l'amélioration dans les programmes de sélection végétale et de la caractérisation des collections des banques de gènes. Obtenir ces informations pour les collections d'individus est une entreprise laborieuse et coûteuse, qui implique le criblage en présence de pathogènes et de stress dans la répétition des expériences de terrain avec des quantités adéquates d'échantillons. L'utilité des marqueurs moléculaires qui pourraient servir de mesure de substitution pour ce type d'études difficiles et coûteuses est évidente.

La sélection naturelle comme la sélection artificielle sont concentrées sur les gènes. Bien que la sélection soit une force spécifique au locus, elle produit un modèle de variation qui implique quelques loci dans des régions spécifiques du génome. La variation des caractères gouvernés par les gènes devrait par conséquent être la mesure de la diversité génétique adaptative ou des potentialités d'adaptation d'une population ou d'un pool de gènes de sélection. La majorité des marqueurs moléculaires ne mesurent que la variation génétique neutre, c'est-à-dire les variations dans les sections du génome qui ne sont pas impliquées dans le codage des gènes ou dans la réglementation des gènes et qui, par conséquent, ne devraient pas subir la pression de la sélection naturelle. Ces schémas de variation génétique se trouvent dans tout le génome. En raison du fait que les méthodes moléculaires sont rapides et relativement peu coûteuses, les études sur les variations des marqueurs moléculaires sont de plus en plus répandues et représentent un moyen intéressant pour évaluer la diversité génétique entre les populations ou les pools de gènes. Les avantages sont encore plus importants lorsque les marqueurs basés sur les gènes sont utilisés pour l'analyse. L'explication croissante des relations entre la diversité génétique adaptative et la diversité génétique neutre représente un progrès important de la dernière décennie.²⁶

Malheureusement, de nombreux marqueurs moléculaires neutres ne montrent pas les potentialités d'adaptation des populations ou des entrées qu'ils caractérisent (par exemple, RFLP, RAPD, AFLP et SSR).²⁷ Dans certains cas, ils ont été utilisés de façon inappropriée à cette fin, en supposant que

les marqueurs neutres et la variation adaptative quantitative sont positivement corrélés. Certains usages appropriés des marqueurs moléculaires neutres engendrent une grande valeur pour la conservation et pour l'utilisation des ressources génétiques. Lorsque l'on peut mesurer les schémas de variation génétique dans plusieurs marqueurs moléculaires neutres dispersés de façon aléatoire dans le génome, ces schémas peuvent être très utiles pour évaluer les processus à l'intérieur des écosystèmes, comme le flux des gènes, la dérive génétique et la migration ou la dispersion, qui agissent sur le génome entier. Ces informations sont importantes pour la biologie des populations, pour le suivi des progrès dans la préservation des espèces au sein des aires protégées ou pour tester la réussite des connexions spatiales entre les réserves.²⁸

Après les récentes déclarations raisonnées sur les différences entre les types de marqueurs moléculaires et le bien-fondé de leurs utilisations respectives pour la conservation et pour l'utilisation des ressources génétiques, on espère que tout rapport sur l'utilisation des marqueurs moléculaires fournira la justification du type de marqueur utilisé par rapport à l'objectif du travail.²⁹ L'examen de trois types de marqueurs utilisés pour l'orge (SSR et SNP dérivés des EST, et AFLP) dans l'analyse de la diversité en matière de sélection, de populations naturelles et de matériels des banques de gènes représente un exemple de recherche sur l'utilité de marqueurs spécifiques pour des utilisations particulières. Aucun type de marqueur n'a été considéré le plus approprié pour les utilisations analysées.³⁰

Compte tenu de la capacité de travailler avec la séquence génomique brute, il est à présent possible d'estimer le schéma global des polymorphismes de l'ADN à l'intérieur d'une espèce. *Arabidopsis thaliana* est la plante qui a été analysée le plus en profondeur à ce niveau depuis le séquençage de son génome. La variation naturelle est abondante tant pour les marqueurs neutres d'ADN que pour les loci qui produisent les changements phénotypiques.³¹ Il sera de plus en plus possible de mettre à profit ce modèle pour les espèces cultivées au fur et à mesure que les séquences génomiques seront facilement disponibles. Les SNP dérivés des EST ont été utilisés avec succès pour

APPENDICE 3

l'identification des cultivars de melon. Il s'agit d'un exemple d'utilisation du polymorphisme au niveau de l'ADN pour la caractérisation du génome lorsque les outils génomiques disponibles, à l'exception des EST et des cartes génétiques basées sur les premiers marqueurs moléculaires, sont rares.³²

Tandis que les chercheurs bénéficient de ces innovations, il est nécessaire d'insister sur le fait que les stratégies adoptées pour les estimations de la diversité génétique doivent convenir aux objectifs de conservation et d'utilisation des ressources génétiques. En d'autres termes, si le but de l'examen d'un certain nombre de populations d'une espèce pour la diversité (mesurée par un marqueur moléculaire neutre) est d'accorder la plus haute priorité de conservation aux populations les plus différentes, sur la base de l'hypothèse selon laquelle, de cette manière, on conserve également la plus grande diversité génétique adaptative, le chercheur peut décider qu'il faut un nombre relativement restreint de populations pour capturer la plus grande quantité de diversité génétique neutre. Un obstacle possible de ce scénario est que si, par exemple, on renonce aux autres populations, à l'exclusion des quelques rares populations différentes, une quantité significative de diversité génétique adaptative, qui n'est pas répartie avec uniformité parmi toutes les populations, serait ainsi perdue. Cette situation déterminerait le contraire de l'objectif énoncé précédemment pour l'évaluation de la diversité génétique.³³

Les marqueurs moléculaires sont aussi de plus en plus exploités dans un nombre croissant d'applications en aval. Par exemple, outre leur application en tant qu'outils pour la conservation et l'utilisation des ressources génétiques, les marqueurs ont été utilisés avec succès pour analyser les impacts des pratiques agricoles traditionnelles qui sont souvent mal documentées. Une étude de cas sur les ignames du Bénin indique que la pratique traditionnelle utilisée par les agriculteurs qui sélectionnent et cultivent les ignames sauvages spontanées aux alentours des fermes a entraîné la création de nouvelles variétés qui ont des combinaisons génétiques nouvelles. Ces nouveaux variants ont vu le jour en tant que résultat direct d'une reproduction sexuelle entre les ignames sauvages et les ignames cultivées, car on a pu tracer

les allèles jusqu'aux géniteurs. Les marqueurs utilisés dans cette étude étaient les SSR. On a par conséquent conclu que le mélange d'un cycle de reproduction sexuelle suivi par la multiplication végétative (en utilisant les tubercules) produit la culture à grande échelle des meilleurs génotypes, tout en facilitant l'introgession de la diversité potentielle qui pourrait être utile à la future adaptation.³⁴

A3.5 Technologies et stratégies de conservation

Un aspect de l'utilisation et de la conservation des RPGA qui n'a pas enregistré de progrès significatifs depuis la publication du *Premier Rapport* est représenté par les conditions d'entreposage des semences orthodoxes. Les recommandations actuelles en matière de température et d'humidité sont encore les mêmes que celles qui avaient été développées avant le *Premier Rapport*. Depuis, cependant, les rapports nationaux qui font partie du *Deuxième Rapport* et la stratégie de conservation des cultures élaborée par le GCDT font état des inquiétudes quant aux retards dans le testage et dans la régénération des entrées. Par exemple, on mentionne que les résultats du test de viabilité indiquent le besoin de régénération après des périodes d'entreposage plus brèves par rapport aux normes habituelles. Il est possible que, selon la démonstration d'un chercheur, l'humidité représente l'élément le plus important des deux facteurs de l'entreposage, et que son degré à l'intérieur des matériaux d'emballage auquel les semences sont exposées soit plus élevé que le niveau optimal, ce qui provoque la perte de viabilité.³⁵ Compte tenu des améliorations potentielles dans les compétences d'entreposage des semences, il est temps probablement d'appliquer les outils biologiques novateurs qui permettent d'interpréter les interactions apparemment complexes entre les types de réservoirs à graines, la température et les matrices des régimes associées à l'humidité.³⁶

Au cours des 12 dernières années, il y a eu toujours plus de rapports sur les évaluations de l'utilité des marqueurs moléculaires en tant qu'outils fiables pour la gestion de la diversité dans les banques de gènes. Un exemple de ce genre d'études a été l'utilisation

des marqueurs AFLP pour évaluer le degré de diversité génétique à l'intérieur des entrées pour l'espèce autofertilisante de laitue auprès du Centre for Genetic Resources (CGN) aux Pays-Bas. Deux plantes, chacune avec un total de 1 390 entrées (comprenant six types de cultivars) ont été analysées selon la gamme de marqueurs disponibles. Dans l'ensemble, la probabilité moyenne d'une différence entre les deux plantes d'une entrée était très faible (environ un pour cent). Cependant, cette probabilité était différente parmi les types de cultivars. Pour les types constitués d'entrées de cultivars principalement modernes, la probabilité de différence entre les deux plantes était d'environ 0,5 pour cent, tandis que pour les deux types composés d'entrées qui étaient principalement des variétés locales, elle était supérieure à un pour cent. Cette information serait utile pour savoir si et comment le niveau observé de chaque entrée devrait être préservé dans les futures générations de l'entrée.³⁷

L'utilité des marqueurs moléculaires dans les décisions à prendre sur les stratégies de gestion de la diversité conservée a été amplement démontrée dans les collections de terrain. Les techniques de prise d'empreinte génique ont été utilisées pour déterminer l'identité et la redondance dans les grandes collections de terrain. Par exemple, à l'ICGT de Trinité-et-Tobago, plus de 2 000 entrées de cultures sont préservées en tant que collection de terrain, et chaque entrée est représentée par 16 arbres individuels au maximum, avec une moyenne générale de six arbres par entrée. La prise d'empreinte génique avec des SSR sur plusieurs loci a été utilisée avec succès pour résoudre des ambiguïtés issues des erreurs d'étiquetage des plantes, un problème d'importance cruciale dans ces opérations si importantes.³⁸

Une nouvelle tendance des 12 dernières années est la conservation des banques d'ADN des RPGAA. Il y a eu des cas signalés de banques d'ADN d'entrées de matériel génétique, de populations pour la cartographie génétique, de matériels de sélection, etc, qui ont été récupérés à volonté et que l'on a soumis à dosage moléculaire. Cette pratique sera sans doute plus généralisée car les coûts des dosages moléculaires et les installations nécessaires sont moins onéreux, ce qui rendra cette option technologique plus accessible aux professionnels de ce secteur. Il est indicatif de cette

tendance qu'une plus grande partie des conservatoires formels d'ADN végétal ont été mis en place sous les auspices des jardins botaniques (par exemple, la banque d'ADN des Jardins botaniques royaux de Kew ou la banque d'ADN auprès du Jardin botanique et du musée botanique de Berlin) ou en tant qu'entités autonomes (par exemple, la banque australienne d'ADN des plantes et celle du NIAS au Japon). Outre les plates-formes habituelles de gestion des données pour les entrées classiques de matériel génétique, il est nécessaire de disposer d'une installation de bioinformatique associée pour la banque d'ADN afin d'intégrer la gestion des données moléculaires comme les informations sur la séquence et sur les marqueurs de chaque entrée. Les banques d'ADN pourraient être des sources d'informations génétiques sur les taxons en danger sans nécessairement prospecter d'autre matériel génétique.³⁹

A3.6 Méthodologies de sélection

Avant tout, il faut souligner que l'application des outils génomiques dans les différents aspects de la gestion des RPGAA n'a pas réduit l'importance de la caractérisation phénotypique des matériels génétiques, des populations naturelles et pour la cartographie génétique, ou des entrées des banques de gènes. Au contraire, la détermination exhaustive et précise des phénotypes est toujours aussi importante qu'auparavant, et fondamentale pour l'utilité des données moléculaires tout comme les marqueurs n'ont de la valeur que s'ils sont reliés avec précision aux phénotypes.

Les premières initiatives mises en place pour développer un grand nombre de marqueurs moléculaires, de cartes moléculaires à haute densité et de populations pour la cartographie génétique structurées de façon appropriée ont commencé maintenant à développer l'efficacité de l'amélioration génétique de nombreuses espèces cultivées. Les résultats de plusieurs études de cartographie génétique fournissent des estimations largement améliorées sur le nombre de loci, d'effets alléliques et d'action génique qui contrôlent les caractères d'intérêt.⁴⁰ Plusieurs progrès importants dans l'incorporation des

APPENDICE 3

techniques moléculaires aux stratégies de sélection végétale ont été accomplis depuis la publication du *Premier Rapport*. Ces progrès ont abouti au paradigme de la sélection moléculaire, un terme collectif qui englobe la sélection assistée par marqueurs et les technologies de recombinaison de l'ADN en tant que stratégies d'amélioration des cultures.

Sélection assistée par marqueurs moléculaires

Il s'agit d'une nouvelle stratégie d'amélioration des cultures qui utilise les marqueurs moléculaires (points de repère des génomes) pour faciliter la prise de décision dans le dépistage des matériels de sélection. Ce changement de paradigme a été largement facilité par les méthodes à haut débit pour identifier et utiliser les marqueurs moléculaires à grande échelle, notamment l'infrastructure technologique d'information, et par les approches interdisciplinaires qui permettent le phénotypage et la caractérisation des caractères à travers plusieurs environnements. Le contrôle définitif de la co-ségrégation du caractère d'intérêt avec un des plusieurs types possibles de marqueurs d'ADN précède l'utilisation du marqueur pour sélectionner le caractère dans les matériels de sélection. La sélection assistée par marqueurs moléculaires devient un outil précieux pour de nombreuses cultures différentes et on s'attend à ce que son utilité augmente beaucoup lorsque les dosages de biologie moléculaire seront plus rentables.⁴¹ Le développement des marqueurs a été largement facilité par les améliorations dans la localisation génomique des allèles qui contrôlent les caractères. Les progrès dans la construction des cartes de liaison génétique moléculaire, dans la création de cartes physiques et plus récemment dans la cartographie d'association contribuent à peupler continuellement le répertoire des marqueurs moléculaires utiles pour l'amélioration des cultures.

La cartographie d'association, connue également sous le nom de cartographie par déséquilibre de liaison, ou analyse d'associations et les méthodes de cartographie les plus originales, sont des études basées sur les populations qui sont utilisées pour relier les polymorphismes de séquence (habituellement les SNP) aux variations phénotypiques en fonction du déséquilibre de liaison (association non aléatoire

entre les allèles aux loci reliés) sans le besoin de créer des populations pour la cartographie génétique qui soient ségréantes et structurées. En cartographiant les SNP voisins, il est par conséquent possible d'établir les localisations génomiques des gènes associés à un caractère sans devoir cloner les gènes. Les SNP causaux identifiés par le biais des cartes d'association à haute densité sont ensuite habituellement confirmés par le biais de dosages fonctionnels. Les avantages principaux de la cartographie d'association par rapport à l'analyse de liaison sont trois : l'augmentation de la résolution cartographique, la diminution du temps de recherche et un plus grand nombre d'allèles.⁴²

L'utilisation de ces stratégies a été limitée essentiellement aux institutions d'amélioration des cultures qui ont également renforcé la capacité de produire des informations sur la séquence pour leurs cultures cibles. Les programmes nationaux de conservation et d'utilisation des ressources phytogénétiques améliorent de plus en plus le savoir-faire et les capacités globales en matière de biotechnologies végétales, comme le démontrent les rapports nationaux publiés dans le cadre de ce *Deuxième Rapport*.⁴³ Les initiatives internationales et d'autres initiatives nationales en matière de renforcement des capacités et des infrastructures ont contribué à la manifestation de cette tendance. Cependant, les stratégies avancées de sélection, de bioinformatique et les capacités de la génomique n'ont pas été pleinement utilisées dans les pays en développement, et même dans plusieurs pays développés il n'est possible de les mettre en place qu'en collaboration avec d'autres projets nationaux ou internationaux de génomique.

On pourrait affirmer que la difficulté de tout programme de sélection réside dans la conception de stratégies appropriées aux nombreux scénarios différents qui requièrent l'intégration des techniques de biologie moléculaire aux RPGAA.⁴⁴ Par exemple, si le rétrocroisement assisté par marqueurs ne demande que quelques marqueurs pour le génotypage de centaines d'échantillons (descendance rétrocroisée) pour un caractère particulier simplement hérité, comme dans le cas du dépistage des éléments introgressés ou de la construction génique des OGM, la caractérisation génétique, ou empreinte génique, nécessite d'autre part de centaines, voire de milliers, de marqueurs pour

être efficace. Dans l'ensemble, un service de recherche en génomique serait nécessaire pour les programmes caractérisés par une diversité élargie de marqueurs, un haut débit et des tailles considérables d'échantillons. Ces exigences, qui requièrent des investissements de démarrage élevés, expliquent probablement la prépondérance des applications de sélection assistée par marqueurs dans les grandes multinationales de sélection, à l'exclusion des entités financées par les fonds publics.

Transformation génétique

Les méthodes basées sur la recombinaison d'ADN, c'est-à-dire les molécules qui contiennent les séquences d'ADN, provenant de plus d'une source, sont utilisées pour créer des variations génétiques nouvelles. Dans l'amélioration des cultures, cela implique l'incorporation des séquences d'ADN ou d'ARN exogènes, en utilisant soit la biolistique soit des vecteurs, dans le génome de l'organisme récepteur qui, comme résultat, exprime des caractères nouveaux ou utiles du point de vue agronomique. Les nouveaux variants sont appelés organismes génétiquement modifiés ou OGM. Les cultures transgéniques ont été cultivées pour la première fois à l'échelle commerciale vers la moitié des années 90, presque au moment de la publication du *Premier Rapport*. Depuis, les OGM faisant l'objet d'une production commerciale sont quatre cultures de base, notamment le maïs, le soja, la navette et le coton. En 2008, ces cultures, ensemble, représentaient plus de 99,5 pour cent de toute la production végétale transgénique (James, 2008⁴⁵). Il est également intéressant de noter que seulement deux événements de transformation, c'est-à-dire la tolérance aux herbicides et la résistance aux insectes ou leur combinaison, sont exprimés dans ces cultures. Cela signifie par conséquent que plus de 25 ans après la première production réussie de plantes transgéniques, la portée de l'utilité de la transformation génétique en tant que stratégie habituelle d'amélioration des cultures reste encore limitée, malgré les potentialités évidentes de cette technologie. Les inconvénients comprennent le manque de systèmes efficaces de régénération indépendante du génotype pour la plupart des

cultures, et probablement le facteur le plus limitant est représenté par les restrictions en matière de DPI. Lorsque les OGM étaient la propriété exclusive des entreprises de sélection du secteur privé dans les pays développés, plusieurs éléments des initiatives de recherche et de développement qui ont précédé la production des cultures transgéniques ont été restreints (avec des brevets). Les nouvelles et intéressantes tendances – qui pourraient au bout du compte accélérer la révision du lieu des protections des DPI dans le cadre des RPGAA – montrent que les cultures OGM sont à présent cultivées dans les pays en développement, comme l'indiquent la culture du soja transgénique en Amérique du Sud et la culture du coton transgénique en Inde et en Chine (James, 2008; Glover 2007,⁴⁶ 2008⁴⁷).

Au fur et à mesure que les pays en développement acquièrent les capacités nécessaires pour s'occuper des normes réglementaires régissant la culture des OGM, surtout selon les réglementations sur la biosécurité énoncées dans le Protocole de Cartagena sur les risques biotechnologiques, des efforts conjoints seront nécessaires pour se concentrer sur le renforcement des capacités nécessaires à analyser les restrictions des DPI. Ces restrictions ont en réalité freiné l'exploration de toutes les potentialités de la transgénèse des RPGAA. Pour l'avenir, on présume que les initiatives de la recherche viseront le perfectionnement des systèmes de régénération végétale et, de façon assez importante, l'élargissement de la portée des caractères agronomiques qui peuvent être améliorés en utilisant la transformation génétique. Jusqu'à présent, il est encore peu pratique d'empiler plusieurs événements de transformation et de faire en sorte qu'ils expriment des phénotypes dans un organisme récepteur. L'élimination des obstacles technologiques sera une étape fondamentale pour tirer profit du fait que la transformation génétique traite des caractères polygéniques, surtout de ceux qui sont associés au changement climatique et aux variations comme la sécheresse et la salinité. L'élimination de ce goulot d'étranglement sera également importante pour la constitution de pyramides de gènes.

APPENDICE 3

A3.7 Bioinformatique

Une conséquence de la facilité relative dans la production des données génétiques moléculaires a été le besoin d'une capacité toujours croissante de systèmes électroniques pour le stockage, l'analyse et la recherche des données. Actuellement, les exigences de stockage des données sont exprimées en petabytes, environ trois ordres de grandeur supérieure à celle qui était couramment utilisée en 1995. La tendance à la réduction des coûts pour les installations de bioinformatique s'explique par le fait que les coûteuses unités centrales bioinformatiques ont été principalement remplacées aux centres de génomique par des ensembles de serveurs informatiques, qui sont constitués de simples ordinateurs fixes, ou de serveurs exploités de façon conjointe. Ces ensembles assurent des capacités informatiques égales, ou même supérieures, à un coût inférieur et avec une redondance intégrée dans l'unité centrale de traitement (UCT). Ils sont agencés pour garantir une plus grande fiabilité, même en cas de panne d'une unité. L'accès à ces systèmes de stockage et d'analyse est de plus en plus disponible par l'incorporation des serveurs d'Internet à l'intérieur du système.

Un génie logiciel créatif, des systèmes d'exploitation open source et des logiciels de gestion des bases de données, l'accès universel à Internet et son utilisation, et les investissements publics et privés, tous ces éléments ensemble ont abouti à la disponibilité d'outils fiables pour la gestion des laboratoires de génomique, et donc à la capacité de stocker, d'analyser, de distribuer et d'interpréter les énormes ensembles de données générés par les projets de séquençage et par les activités basées sur la biologie moléculaire.

De nouveaux algorithmes et de nouvelles statistiques sont toujours nécessaires pour étudier les relations entre les ensembles de données. Les cartes sont les formats les plus communs pour la présentation des informations génétiques et l'élaboration de logiciels pour la production et l'affichage des cartes est encore un des domaines les plus actifs de la recherche et du développement de la biologie moléculaire. Les progrès dans la bioinformatique seront toujours nécessaires pour faciliter l'analyse des données

génomiques et pour l'intégration des informations de génomique aux données des domaines associés de la transcriptomique, de la protéomique, de la métabolomique et de la phénomique.

Les projets conjoints sur les génomes ont conduit à la création de bases de données qui stockent les données au niveau central, mais qui sont accessibles dans le monde entier. Une partie fondamentale de ces initiatives est représentée par les collections des ressources génomiques dont les inventaires et l'accès sont des composantes de la base de données sur les génomes. Le financement de ces projets est principalement attribué par le secteur public (tant au niveau national qu'au niveau international).

A3.8 Considérations politiques, organisationnelles et juridiques

Depuis 1995, l'instrument international principal et qui a eu un impact sur la conservation et sur l'utilisation des ressources phytogénétiques est le TIRPAA, adopté en 2001 et entré en vigueur en 2004.⁴⁸ Cet accord, conçu pour améliorer les dispositions de la CDB, oblige les Parties contractantes du Traité à élaborer des législations et des réglementations qui remplissent son mandat qui est de faciliter la conservation, l'échange et l'utilisation des ressources génétiques des cultures qu'il couvre. Par la suite, on a élaboré des mécanismes spéciaux de financement pour le TIRPAA et le GCDT a été créé en 2004. À présent, ce Fonds collecte une dotation et de fonds supplémentaires pour améliorer les installations nationales de collection de matériel génétique, pour renforcer les capacités et les systèmes d'information. Une attention particulière a été consacrée au développement fondé sur la collaboration de stratégies régionales et mondiales de conservation des cultures.⁴⁹ Un événement majeur dans l'échange des RPGAA depuis le *Premier Rapport* a été l'ATTM qui fournit aux Parties contractantes un système multilatéral pour l'échange du matériel génétique des cultures.

Les organismes de financement pour la recherche aux niveaux national et international, reconnaissant le besoin de collaboration pour le succès des projets de

génomique, ont adapté certains de leurs programmes de financements pour prendre en charge de façon spécifique les initiatives de collaboration. Les résultats ont produit des investissements publics dans les centres de séquençage, dans les bases de données sur les données génomiques, dans les outils pour les analyses et pour l'accès au public, habituellement par Internet. Bien qu'en 2009, pour la première fois depuis la seconde guerre mondiale, le produit mondial brut ait baissé, les perspectives semblent meilleures avec un redressement en 2010.⁵⁰

Les avancées techniques dans l'empreinte génétique sont probablement importantes pour la protection de la propriété intellectuelle dans la mesure où il est possible d'identifier sans équivoque les cultivars. La prise d'empreinte génique des SNP sera précise et applicable aux processus à haut débit; cependant, l'application répandue est encore limitée aux cultures qui possèdent des bases de données sur les SNP. Les plates-formes pour la prise d'empreinte génique basées sur les marqueurs SSR ou même sur les marqueurs AFLP et RAPD sont à présent utilisées de façon plus répandue.⁵¹

Les inquiétudes concernant la protection des DPI des inventeurs dans les activités relatives aux RPGAA ont été au début limitées à la sauvegarde des droits des obtenteurs. Au niveau national, cette sauvegarde était fournie par le biais de différentes formes de législations qui conféraient les DPI pour de nouvelles variétés de cultures à leur réalisateur, c'est-à-dire le sélectionneur. Les efforts visant à harmoniser ces lois nationales ont eu pour résultat la Convention de l'UPOV en 1961, et ses révisions de 1972, de 1978 et de 1991. Cette dernière révision a été suivie par l'Accord de l'OMC sur les ADPIC qui a été signé en 1994. Les ADPIC contiennent des dispositions spécifiques pour la protection des DPI concernant les innovations dans les produits agricoles (cultures et animaux). Les initiatives visant à engendrer les DPI aux niveaux national et international ont toujours eu pour objectif établi de faciliter un accès aux inventions qui soit juste et équitable. Il est évident que les résultats nets de ces interventions bien intentionnées sont d'autres restrictions à l'accès.

Les inventions en matière de biotechnologie, y compris celles qui concernent les RPGAA, ont produit

pour la première fois une telle quantité de brevets que les tentatives d'avoir accès aux innovations biotechnologiques ont été pratiquement paralysées. Depuis la publication du *Premier Rapport*, le profil des biotechnologies dans l'alimentation et l'agriculture a continué à augmenter, surtout avec l'omniprésence presque totale des cultures OGM dans la production commerciale ou dans les stages d'essai dans de nombreuses régions de la planète. Les protections des brevets pour les cultures, ou même pour les matériels utilisés pour les développer, comme les séquences de la construction génique, ont été notoirement restrictives. Par exemple, des questions de DPI de cette entité ont empêché l'utilisation répandue, en tant que bien public, du riz génétiquement modifié à haut contenu de bêta-carotène. Si l'on tient compte des impératifs moraux de sauvegarde de la sécurité alimentaire, il est surprenant que beaucoup plus d'efforts n'aient pas été entrepris pour débloquer cette situation.

Les options disponibles pour avoir accès aux biotechnologies protégées par les brevets par les organisations nationales de recherche sont sérieusement limitées, car les coûts sont normalement prohibitifs. Les alternatives, qui requièrent habituellement l'accès aux technologies sans permission, impliqueraient l'exploitation des lacunes présentes dans les réglementations sur les brevets et sur les variétés protégées. Les entités internationales de recherche du secteur public, notamment les centres du GCRAI, ont également progressé dans la négociation en faveur de l'accès exempt de droits. Une initiative régionale innovatrice, la Fondation africaine pour les technologies agricoles, a été également en mesure de négocier l'accès aux biotechnologies protégées par les DPI qui ont un impact sur la capacité des programmes nationaux à réunir toutes les potentialités de leurs RPGAA. Dans l'ensemble, les initiatives actuelles qui permettent d'avoir accès à ces technologies dans le cadre des régimes de DPI sont irrégulières, coûteuses et bien évidemment elles nécessitent une collaboration concertée au niveau international. Le point de départ sera l'éducation et le renforcement des capacités pour être en mesure d'aborder les questions très complexes qui sont impliquées dans ce domaine.

APPENDICE 3

A3.9 Perspectives pour l'avenir

À l'avenir, les nombreux défis auxquels on sera confronté en matière de performance des cultures pourront être relevés de façon efficace en associant la mise au point de variétés de cultures résistantes et robustes (par la modification des génomes à travers la sélection végétale, simplifiée de préférence par des approches moléculaires efficaces) à l'introduction d'un éventail de facteurs d'atténuation dans les pratiques de gestion agronomique. Pour accroître la fiabilité des prévisions sur la performance des cultures sur la base des informations génétiques moléculaires, les chercheurs devront être en mesure d'avoir facilement accès aux nouveaux outils qui améliorent la capacité de produire des liaisons plus précises entre les profils moléculaires (génotypes) et la performance (phénotypes).

Il faudra également aborder les nombreuses lacunes en matière de connaissances. Par exemple, la souplesse de la plasticité phénotypique face à l'environnement en voie de changement et les couches de redondance génétique qui caractérisent les systèmes biologiques sont encore largement inexplorées. L'application concertée de la myriade d'outils et de procédures, qui sont disponibles et en voie de développement, laisse espérer la possibilité d'interpréter ces processus et, par conséquent, d'améliorer la capacité de gestion efficace des RPGAA face aux inquiétants défis concernant le climat de plus en plus variable, les populations en hausse dans le monde entier, et les pressions qui visent à détourner les denrées alimentaires vers des utilisations non traditionnelles dans les industries de carburants, d'aliments pour animaux et de fibres.

Tous les progrès réalisés jusqu'à présent dans la génomique et dans ses interventions scientifiques et technologiques secondaires ne sont que le début de la connaissance sur la façon dont un génotype confère un ensemble particulier de caractères à un organisme vivant. De nos jours, il est possible d'analyser un phénotype complexe et de définir où les gènes individuels, ou plus correctement, où les QTL sont physiquement situés le long des chromosomes. Les informations sur les marqueurs d'ADN reliés aux QTL représentent un outil diagnostique puissant qui

permet à l'obteneur de sélectionner les introgressions spécifiques d'intérêt. Avec l'augmentation des gènes d'intérêt qui sont clonés, identifiés ou cartographiés et avec la meilleure compréhension de leurs contributions aux systèmes biologiques de nombreuses possibilités pour créer des «synthèses» de nouvelles variétés émergeront. Certaines opportunités impliqueront des approches de génie génétique, où les nouvelles informations sur les gènes, sur la régulation des gènes et sur les réponses végétales à l'environnement pourront être utilisées de façon novatrice pour perfectionner les variétés végétales existantes et faire en sorte qu'elles utilisent plus efficacement les ressources, fournissent une valeur nutritionnelle plus élevée ou simplement aient un meilleur goût.

Il sera toujours nécessaire d'étendre les stratégies et les capacités moléculaires d'amélioration des cultures aux cultures sous-étudiées et sous-financées (celles qu'on appelle les cultures orphelines) mais qui, ironiquement, représentent le rempart en défense de la sécurité alimentaire d'un pourcentage énorme de l'humanité. Arriver à appliquer de façon répandue et courante les nouvelles biotechnologies aux cultures orphelines, avec leurs impacts potentiels positifs et importants sur le bien-être humain, représente par conséquent une opportunité irrésistible non seulement pour ceux qui se consacrent aux biens publics, mais également pour l'humanité dans son ensemble. Le niveau actuel d'insécurité alimentaire ne peut rester aussi inacceptable et élevé, ni empirer: la gestion avisée des RPGAA, tout en bénéficiant des nouveaux outils et progrès, est la clé pour inverser cette tendance.

Les premières étapes impliqueront l'investissement de ressources dans les études empiriques pour réussir à comprendre les processus biologiques qui sont à la base des phénotypes des cultures mêmes.⁵² À ce jour, les espèces séquencées, ou pour lesquelles le séquençage est en cours, ne représentent qu'environ 13 familles de plantes. Il est extrêmement urgent de faire des progrès pour harmoniser plus de 600 familles de plantes dont la séquence du génome n'a pas encore démarré car les avantages des données sur la séquence complète du génome sont inestimables. Plus précisément, de nombreuses espèces orphelines et d'autres doivent être les premiers candidats pour le séquençage.

Aucun de ces progrès dans les innovations technologiques ne diminue le besoin de disposer des collections de ressources phytogénétiques. En fait, pour utiliser au mieux les nouveaux outils, de nouvelles stratégies sont probablement nécessaires pour saisir une diversité génétique encore plus grande et pour la préserver au cours de la conservation et de la régénération des échantillons. Les banques de gènes sont toujours cruciales et ont besoin d'un soutien plus accentué.⁵³

Encore, les progrès parallèles dans l'analyse du génome des ravageurs et des pathogènes des plantes devraient permettre de mieux comprendre les mécanismes de la résistance aux maladies et à ces ravageurs. Le changement et les variations climatiques au niveau mondial présenteront des défis prévisibles aux systèmes de production agricole (par exemple, les températures plus élevées, la sécheresse, les inondations, les vents plus forts et le nombre croissant de ravageurs et de maladies nouveaux). Pour relever ces défis, la recherche devrait pleinement se servir des outils et des stratégies moléculaires disponibles non seulement pour améliorer la productivité, mais également pour réduire l'impact sur l'environnement, pour augmenter la fixation du carbone et pour remplacer les carburants fossiles.⁵⁴

Références

- 1 **Metzker, M.L.** 2010. Sequencing technologies—the next generation. *Nature Reviews Genetics* 11:31-46. Bien que cette enquête se concentre sur la génomique humaine, les conclusions sur les capacités de séquençage sont aussi importantes pour la génomique des plantes.
- 2 **Delseny, M.** 2004. Re-evaluating the relevance of ancestral shared synteny as a tool for crop improvement. *Current Opinions in Plant Biology* 7:126-131.
- 3 Dans ce paragraphe, la caractérisation des progrès dans la technologie génomique en tant que série de vagues provient de ce rapport: **Borevitz, J.O. et Ecker, J.R.** 2004. Plant genomics: The third wave. *Annu. Rev. Genom. Hum. Genet.* 5:443-447. Bien que cette enquête sur le passé, et sur le futur possible dans la génomique des plantes se base sur les progrès accomplis avec *Arabidopsis thaliana*, beaucoup d'informations sont aussi importantes pour la génomique des plantes en général.
- 4 **The Arabidopsis Genome Initiative.** 2000. Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. *Nature*, 408:796-815.
- 5 **Yu, J., Hu, S., Wang, J., Wong, G.K., Li, S., Liu, B., Deng, Y., Dai, L., Zhou, Y., Zhang, X., Cao, M., Liu, J., Sun, J., Tang, J., Chen, Y., Huang, X., Lin, W., Ye, C., Tong, W., Cong, L., Geng, J., Han, Y., Li, L., Li, W., Hu, G., Huang, X., Li, W., Li, J., Liu, Z., Li, L., Liu, J., Qi, Q., Liu, J., Li, L., Li, T., Wang, X., Lu, H., Wu, T., Zhu, M., Ni, P., Han, H., Dong, W., Ren, X., Feng, X., Cui, P., Li, X., Wang, H., Xu, X., Zhai, W., Xu, Z., Zhang, J., He, S., Zhang, J., Xu, J., Zhang, K., Zheng, X., Dong, J., Zeng, W., Tao, L., Ye, J., Tan, J., Ren, X., Chen, X., He, J., Liu, D., Tian, W., Tian, C., Xia, H., Bao, Q., Li, G., Gao, H., Cao, T., Wang, J., Zhao, W., Li, P., Chen, W., Wang, X., Zhang, Y., Hu, J., Wang, J., Liu, S., Yang, J., Zhang, G., Xiong, Y., Li, Z., Mao, L., Zhou, C., Zhu, Z., Chen, R., Hao, B., Zheng, W., Chen, S., Guo, W., Li, G., Liu, S., Tao, M., Wang, J., Zhu, L., Yuan, L. et Yang, H.** 2002. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* ssp. indica). *Science*, 296:79-92.
- 6 **Goff, S.A., Ricke D., Lan, T. H., Presting, G., Wang, R., Dunn, M., Glazebrook, J., Sessions, A., Oeller, P., Varma, H., Hadley, D., Hutchison, D., Martin, C., Katagiri, F., Lange, B.M., Moughamer, T., Xia, Y., Budworth, P., Zhong, J., Miguel, T., Paszkowski, S., Zhang, S., Colbert, M., Sun, W.L., Chen, L., Cooper, B., Park, S., Wood, T.C., Mao, L., Quail, P., Wing, R., Dean, R., Yu, Y., Zharkikh, A., Shen, R., Sahasrabudhe, S., Thomas, A., Cannings, R., Gutin, A., Pruss, D., Reid, J., Tavtigian, S., Mitchell, J., Eldredge, G., Scholl, T., Miller, R. M., Bhatnagar, S., Adey, N., Rubano, T., Tusneem, N., Robinson, R., Feldhaus, J., Macalma, T., Oliphant, A. et Briggs, S.** 2002. A

APPENDICE 3

- draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* ssp. japonica). *Science*, 296:92-100.
- 7 **Tuskan, G. A., DiFazio, S., Jansson, S., Bohlmann, J., Grigoriev, I., Hellsten, U., Putnam, N., Ralph, S., Rombauts, S., Salamov, A., Schein, J., Sterck, L., Aerts, A., Bhallerao, R.R., Bhallerao, R.P., Blaudez, D., Boerjan, W., Brun, A., Brunner, A., Busov, V., Campbell, M., Carlson, J., Chalot, M., Chapman, J., Chen, G.L., Cooper, D.L., Coutinho, P.M., Couturier, J., Covert, S., Cronk, Q., Cunningham, R., Davis, J., Degroove, S., Déjardin, A., dePamphilis, C., Detter, J., Dirks, B., Dubchak, I., Duplessis, S., Ehling, J., Ellis, B., Gendler, K., Goodstein, D., Gribskov, M., Grimwood, J., Groover, A., Gunter, L., Hamberger, B., Heinze, B., Helariutta, Y., Henrissat, B., Holligan, D., Holt, R., Huang, W., Islam-Faridi, N., Jones, S., Jones-Rhoades, M., Jorgensen, R., Joshi, C., Kangasjärvi, J., Karlsson, J., Kelleher, C., Kirkpatrick, R., Kirst, M., Kohler, A., Kalluri, U., Larimer, F., Leebens-Mack, J., Lepié, J.C., Locascio, P., Lou, Y., Lucas, S., Martin, F., Montanini, B., Napoli, C., Nelson, D.R., Nelson, C., Nieminen, K., Nilsson, O., Pereda, V., Peter, G., Philippe, R., Pilate, G., Poliakov, A., Razumovskaya, J., Richardson, P., Rinaldi, C., Ritland, K., Rouzé, P., Ryaboy, D., Schmutz, J., Schrader, J., Segerman, B., Shin, A., Siddiqui, A., Sterky, F., Terry, A., Tsai, C.J., Uberbacher, E., Unneberg, P., Vahala, J., Wall, K., Wessler, S., Yang, G., Yin, T., Douglas, C., Marra, M., Sandberg, G., Van de Peer, Y. et Rokhsar, D.** 2006. The genome of black cottonwood, *Populus trichocarpa* (Torr. & Gray). *Science*, 313:1596-1604.
- 8 <http://medicago.org/genome/>
- 9 Voir: <http://www.phytozome.net/sorghum>; <http://www.phytozome.net/grape.php>; et <http://www.phytozome.net/papaya.php>
- 10 Les taxons classés proviennent du site du NCBI Entrez Genome Project, à l'adresse électronique, en anglais: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/leuks.cgi?taxgroup=11:|12:Land%20Plants&p3=12:Land%20Plants>.
- 11 <http://www.phytozome.net/soybean.php>
- 12 <http://genome.jgi-psf.org/Araly1/Araly1.info.html>
- 13 <http://brachypodium.pw.usda.gov/>
- 14 <http://maizesequence.org/index.html>
- 15 Deux points d'entrée intéressants pour l'accès aux bases de données sur la séquence et aux navigateurs sur les génomes des plantes sont: PlantGDB à l'adresse électronique, en anglais: <http://www.plantgdb.org/> et Phytozome, à l'adresse électronique, en anglais: <http://www.phytozome.net/>
- 16 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucgss>
- 17 http://www.ncbi.nlm.nih.gov/dbEST/dbEST_summary.html
- 18 **Strausberg, R.L., Levy, S. et Rogers, Y.-H.** 2008. Emerging DNA sequencing technologies for human genomic medicine. *Drug Discovery Today* 13:569-577. Bien que présenté dans le cadre de la génomique humaine, les trois principales technologies de séquençage décrites sont actuellement utilisées dans la recherche des cultures et le pronostic des technologies émergentes est tout aussi pertinent.
- 19 **Metzker, M.L.** 2010. Sequencing technologies—The next generation. *Nature Reviews Genetics* 11:31-46. Une étude plus récente des mêmes trois technologies avec des détails sur une nouvelle plate-forme prévue pour 2010.
- 20 **Angaji, S.A.** 2009. Single nucleotide polymorphism genotyping and its application on mapping and marker-assisted plant breeding. *African Journal of Biotechnology*, 8:908-914.
- 21 **Jones, E., Chu, W.-C., Ayele, M., Ho, J., Bruggeman, E., Yourstone, K., Rafalski, A., Smith, O.S., McMullen, M.D., Bezawada, C., Warren, J., Babayev, J., Basu, S. et Smith, S.** 2009. Development of single nucleotide polymorphism (SNP) markers for use in commercial maize (*Zea mays* L.) germplasm. *Molecular Breeding*, 24:165-176.

- ²² **Vezzulli, S., Micheletti, D., Riaz, S., Pindo, M., Viola, R., This, P., Walker, M.A., Troggio, M. et Velasco, R.** 2008. An SNP transferability survey within the genus *Vitis*. *BMC Plant Biology* 8:128-137. L'information génomique d'un cultivar de *V. vinifera*, pour lequel on disposait des données sur le séquençage, a été utilisée pour donner des renseignements sur d'autres cultivars étroitement reliés et sur les formes sauvages de l'espèce sans devoir répéter le séquençage. Toutefois, l'utilité a été limitée pour les autres espèces de *Vitis*.
- ²³ **Spooner, D., van Treuren, R. et de Vicente, M.C.** 2005. Molecular markers for genebank management. Bulletin technique numéro 10 de l'IPGRI. Institut international des ressources phytogénétiques [à présent Bioversity International, Inc.]. Rome, Italie.
- ²⁴ **Jaccoud, D., Peng, K., Feinstein, D. et Kilian, A.** 2001. Diversity arrays: A solid state technology for sequence information independent genotyping. *Nucleic Acids Research* 29:e25-e31. Il décrit la technique avec une étude de cas sur son utilisation avec le riz.
- ²⁵ **Risterucci, A.-M., Hippolyte, I., Perrier, X., Xia, L., Caig, V., Evers, M., Huttner, E., Kilian, A. et Glaszmann, J.C.** 2009. Development and assessment of Diversity Arrays Technology for high-throughput DNA analyses in *Musa*. *Theor. and Applied Genet.*, 119:1093-1103.
- ²⁶ **González-Martínez, S.C., Krutovsky, K.V. et Neale, D.B.** 2006. Forest tree population genomics and adaptive evolution. *New Phytologist* 170:227-238. Il fournit un examen des différences entre les types de marqueurs.
- ²⁷ **FAO.** 2001. Forest genomics for conserving adaptive genetic diversity. Document préparé par K. Krutovskii et D.B. Neale. Documents de travail sur les ressources génétiques forestières. Document de travail FGR/3 (juillet 2001). Service de la mise en valeur des ressources forestières, Division des ressources forestières. FAO, Rome (*non publié*).
- ²⁸ **Holderegger, R., Kamm, U. et Gugerli, F.** 2006. Adaptive versus neutral genetic diversity: Implications for landscape genetics. *Landscape Ecology* 21:797-807.
- ²⁹ Par exemple, un débat approfondi sur les nombreux types de marqueurs et sur leurs nombreuses utilisations différentes se trouve dans: **De Vicente, M.C., Guzman, F.A., Engels, J.M.M. et Rao, V.R.** 2006. Genetic characterization and its use in decision-making for the conservation of crop germplasm. p. 129-138 dans J. Ruane and A. Sonnino (eds.) *The role of biotechnology in exploring and protecting agricultural genetic resources*. Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture. Rome, Italie.
- ³⁰ **Varshney, R.K., Chabane, K., Hendre, P.S., Aggarwal, R.K. et Graner, A.** 2007. Comparative assessment of EST-SSR, EST-SNP and AFLP markers for evaluation of genetic diversity and conservation of genetic resources using wild, cultivated and elite barleys. *Plant Science*, 173:638-649.
- ³¹ Op. cit. Note 4.
- ³² **Deleu, W., Esteras, C., Roig, C., González-To, M., Fernández-Silva, I., Gonzalez-Ibeas, D., Blanca, J., Aranda, M.A., Arús, P., Nuez, F., Monforte, A.J., Picó, M.B. et Garcia-Mas, J.** 2009. A set of EST-SNPs for map saturation and cultivar identification in melon. *BMC Plant Biology*, 9:90-98.
- ³³ **Bonin, A., Nicole, F., Pompanon, F., Miaud, C. et Taberlet, P.** 2007. Population adaptive index: A new method to help measure intraspecific genetic diversity and prioritize populations for conservation. *Conservation Biology* 21:697-708. Ce document intègre l'analyse des différences entre la diversité neutre et adaptative avec la présentation d'un 'index de population adaptative' proposé en tant que moyen pour faciliter l'utilisation de nombreux marqueurs moléculaires distribué dans le génome entier (une mesure uniquement possible en raison des progrès accomplis dans les biotechnologies). Cela permettra de situer les variations localisées dans le schéma

APPENDICE 3

- de diversité et de découvrir ainsi les loci qui sont supposés être sous la sélection naturelle, et ainsi d'importance adaptative.
- ³⁴ **Scarelli, N., Tostain, S., Vigouroux, Y., Agbangla, C., Dainou, O. et Pham, J.-L.** 2006. Farmers' use of wild relative and sexual reproduction in a vegetatively propagated crop. The case of yam in Benin. *Molecular Ecology*, 15:2421-2431.
- ³⁵ **Gómez-Campo, C.** 2006. Erosion of genetic resources within seed genebanks: The role of seed containers. *Seed Science Research*, 16:291-294.
- ³⁶ **Pérez-García, F., González-Benito, M.E. et Gómez-Campo, C.** 2007. High viability recorded in ultra-dry seeds of *Brassicaceae* after almost 40 years of storage. *Seed Science and Technology* 35:143-153. Ce document présente les données sur l'impact de l'humidité et de la qualité des matériels d'entreposage sur la longévité des semences.
- ³⁷ **Jansen, J., Verbakel, H., Peleman, J. et Van Hintum, T.J.L.** 2006. A note on the measurement of genetic diversity within genebank accessions of lettuce (*Lactuca sativa* L.) using AFLP markers. *Theor. and Applied Genet.*, 112:554-561.
- ³⁸ **Motilal, L.A., Zhang, D., Umaharan, P., Mischke, S., Boccara, M. et Pinney, S.** 2009. Increasing accuracy and throughput in large-scale microsatellite fingerprinting of cacao field germplasm collections. *Tropical Plant Biology*, 2:23-37.
- ³⁹ **Rice, N., Cordeiro, G., Shepherd, M., Bundock, P., Bradbury, L., Pacey-Miller, T., Furtado, A. et Henry, R.** 2006. DNA banks and their role in facilitating the application of genomics to plant germplasm. *Plant Genetic Resources* 4:64-70. Banque d'ADN de l'Australian Plant: <http://www.dnabank.com.au/>; Banque d'ADN du NIAS: <http://www.dna.affrc.go.jp/>; Banque d'ADN des Jardins botaniques royaux de Kew: <http://data.kew.org/dnabank/homepage.html>; Banque d'ADN du Berlin-Dahlem, auprès de Botanic Garden and Botanical Museum (BGBM): <http://www.bgbm.org/bgbm/research/dna/>.
- ⁴⁰ **Moose, S.P. et Mumm, R.H.** 2008. Molecular plant breeding as the foundation for 21st century crop improvement. *Plant Physiology*, 147:969-977.
- ⁴¹ **Guimarães, E.P., Ruane, J., Scherf, B.D., Sonnino, A. et Dargie, J.D.** (eds.) 2007. *Marker-assisted selection: Current status and future perspectives in crops, livestock, forestry and fish*. Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture. Rome, Italie.
- ⁴² **Zhu, C., Gore, M., Buckler, E.S. et Yu, J.,** 2008. Status and prospects of association mapping in plants. *The Plant Genome*, 1:5-20.
- ⁴³ Par exemple, selon les rapports nationaux, les marqueurs moléculaires sont utilisés dans l'amélioration des cultures en Argentine, en Azerbaïdjan, au Brésil, en Chine en Croatie, en Égypte, en Indonésie et dans la République tchèque.
- ⁴⁴ **Bagge, M. et Lübberstedt, T.** 2008. Functional markers in wheat: Technical and economic aspects. *Molecular Breeding*, 22:319-328.
- ⁴⁵ **James, C.** 2008. *Global status of commercialized biotech/GM crops: 2008*. ISAAA Brief No 39. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: www.isaaa.org/resources/publications/briefs/39/default.html
- ⁴⁶ **Glover, D.** 2007. *Monsanto and smallholder farmers: A case-study on corporate accountability*. IDS Working Paper 277. Université de Sussex, Royaume-Uni, Institute of Development Studies.
- ⁴⁷ **Glover, D.** 2008. *Made by Monsanto: The corporate shaping of GM crops as a technology for the poor*. STEPS Working Paper 11. Brighton: STEPS Centre. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: www.steps-centre.org/PDFs/GM_Crops_web_final_small.pdf.
- ⁴⁸ Voir chapitre 7.
- ⁴⁹ Voir chapitre 6 et appendice 4.

- ⁵⁰ **Organisation des Nations Unies.** 2010. *Situation et perspectives de l'économie mondiale 2010*. Département des affaires économiques et sociales. Nations Unies. New York, NY. États-Unis d'Amérique.
- ⁵¹ **Romero, G., Adeva, C. et Battad II, Z.** 2009. Genetic fingerprinting: Advancing the frontiers of crop biology research. *Philippine Science Letters* 2:8-13. Cette étude résume l'état de la prise d'empreinte génétique avec les différents marqueurs, avec des exemples sur les cultures et sur des situations aux Philippines.
- ⁵² **Nelson, R.J., Naylor, R.L. et Jahn, M.M.** 2004. The role of genomics research in improvement of "orphan" crops. *Crop Science*, 44:1901-1904.
- ⁵³ Voir chapitres 3 et 4. Pour un document sur la promotion des stratégies de collection et de conservation plus élargies, voir: **Walck, J. et Dixon, K.** 2009. Time to future-proof plants in storage. *Nature*, 462:721.
- ⁵⁴ Le rapport national du Brésil, chapitre 9, propose une analyse très efficace de ces questions et la justification de la contribution des ressources génétique au développement durable et à la sécurité alimentaire.



Appendice 4

L'état de la diversité des
cultures principales et
secondaires

A4.1 Introduction

Dans l'annexe 2 du Premier Rapport, on avait analysé l'état de la diversité d'un certain nombre de cultures d'importance majeure et secondaire pour la sécurité alimentaire dans une ou plusieurs sous-régions de la planète. De même, on analyse dans cet appendice, les cultures principales

(blé, riz, maïs, sorgho, manioc, pomme de terre, patate douce, haricot (*Phaseolus*), soja, plantes saccharifères et banane/banane plantain) et un certain nombre de cultures secondaires au niveau mondial, mais principales aux niveaux sous-régional ou national (millets, racines et tubercules autres que celles qui sont énoncées ci-dessus, légumes secs autres que les espèces de *Phaseolus*, raisin, fruits à coque et légumes et melons). Bien que cette liste de cultures ne représente pas la série exhaustive des cultures vivrières et oléagineuses de base ou importantes, elle montre en réalité des exemples des différents groupes de cultures (céréales, légumineuses alimentaires, racines et tubercules, produits arboricoles), d'espèces à systèmes de sélection différents (pollinisation croisée, autofécondation, propagation clonale) et de cultures d'origine tempérée et tropicale. Elle comprend également les cultures pour lesquelles les investissements dans la conservation et dans l'amélioration ont été considérables, notamment le blé, le riz et le maïs, ainsi que les cultures pour lesquelles les investissements ont été relativement plus faibles, comme le manioc, la patate douce et la banane plantain. Elle fournit également un échantillonnage approprié des cultures de l'annexe 1 du TIRPAA,¹ même si celles qui sont présentées ici n'y figurent pas toutes (par exemple, soja, arachide, canne à sucre et certains millets).

Le but de cet appendice n'est pas simplement de répéter les informations présentées aux chapitres 1, 2 et 3 de ce rapport, mais de mettre en exergue quelques-unes de ces informations dans un cadre axé sur les cultures. On fournit ici des renseignements d'ordre général concernant: les principaux schémas de production et les superficies récoltées des cultures principales et secondaires au cours de la période allant de 1995 à 2008;² la composition de leur pool de gènes; l'état de la diversité *in situ* pour les espèces cultivées, l'existence des formes sauvages et des espèces sauvages

apparentées, et les programmes de conservation *in situ* (pour plus de détails, voir chapitre 2); les rapports spécifiques en matière d'érosion génétique; les sommaires de l'état des principales collections *ex situ* (pour de plus amples détails, voir chapitre 3 et appendice 2); l'état de la duplication de sécurité des collections *ex situ*, les lacunes, les opportunités et les priorités dans l'étendue de la couverture de la diversité du pool de gènes dans les collections *ex situ*; le degré de documentation, de caractérisation et d'évaluation des collections; les questions relatives à l'utilisation des collections; l'impact du changement climatique sur les priorités et sur les préoccupations en matière de conservation *in situ* et *ex situ*; et la fonction de cultures spécifiques pour les systèmes de production durable, pour les systèmes de production biologique et pour les opportunités des agriculteurs. Dans les sections qui suivent, on met en lumière les préoccupations spécifiques de chaque culture.³

État de la diversité

Depuis 1995, plus de 1 million d'échantillons de matériel génétique ont été ajoutés aux collections *ex situ*, et au moins un quart de ces entrées proviennent de nouvelles missions de collecte (du terrain, des marchés et de la nature).⁴ Les autres sont probablement le résultat d'un échange accru d'entrées dans les collections. Le nombre d'entrées n'est pas une mesure directe de la diversité. Il existe de nombreux descripteurs du matériel génétique d'où l'on peut extrapoler l'état de la diversité d'une collection (par exemple, les données passeport, l'information phénotypique pour de nombreux caractères, l'information génotypique provenant de plusieurs marqueurs et dosages possibles, et la biologie du taxon de base). L'évaluation de la diversité dépend ainsi de la disponibilité uniforme de ces informations pour les collections à étudier. Plusieurs sources indiquent que la documentation inégale du matériel génétique des cultures est un défaut majeur pour la plupart des collections.

Les connaissances sur l'état de la diversité représentée dans les entrées des banques de gènes pour les espèces sauvages apparentées aux plantes cultivées ou sur l'état de la diversité des taxons qui

APPENDICE 4

poussent dans les réserves naturelles, ou dans d'autres zones de conservations *ex situ*, sont encore plus limitées. Le chapitre 2 mentionne que l'évaluation de l'état de la diversité des espèces sauvages apparentées est très faible (<50) par rapport aux centaines d'espèces sauvages apparentées connues. De nombreux rapports nationaux soulignent la préoccupation concernant le manque d'attention pour la conservation *in situ* et *ex situ* de ces espèces. Le chapitre 2 signale également l'étude commissionnée par la CGRAA visant à identifier les priorités de conservation et les sites spécifiques pour la conservation *in situ* essentielle des espèces sauvages apparentées aux principales cultures vivrières dans presque tous les continents.⁵

L'impact négatif des conflits armés et de la guerre sur la diversité biologique et sur les initiatives de conservation et d'utilisation du matériel génétique a été indiqué au chapitre 2, mais il a été également souligné avec force dans certains rapports nationaux.⁶ L'instabilité politique, les changements des systèmes politiques, les disparités économiques et le développement inégal dans les paysages nationaux ont également des répercussions négatives sur la diversité biologique, et surviennent avant, et après, les conflits. Les impacts spécifiques comprennent la destruction de l'habitat, des infrastructures de base et des collections.⁷

Même si les études et les rapports ont identifié les lacunes et les carences et ont donné des signaux d'alarme, il y a eu des progrès dans les évaluations de la diversité depuis la publication du Premier Rapport, grâce à plusieurs facteurs, acteurs et initiatives:

- un niveau croissant de conformité des pays avec les mandats de la CDB de 1992 (conservation *in situ* et *ex situ* et accès et utilisation durable de la biodiversité) et avec les stratégies nationales en matière de biodiversité et les plans d'action nécessaires pour les mettre en place;
- l'entrée en vigueur du TIRPAA et les actions entreprises par les pays pour sa mise en œuvre;
- la Commission de la FAO sur les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture, le Premier Rapport et, ensuite, le PAM;
- l'organisation internationale de recherche CIRP/IPGRI/Bioversity International et ses initiatives de recherche, de documentation et de formation

consacrées à la conservation de la biodiversité agricole;

- les initiatives des centres internationaux du CGRAI consacrées aux différentes cultures qui relèvent de leur mandat;
- les initiatives nationales et régionales (par exemple, l'USDA, l'Agence des États-Unis pour le développement international [USAID], l'Agence suédoise de coopération internationale au développement [Asdi], la Commission européenne) concentrées sur la formation et sur le renforcement des capacités pour la conservation et l'utilisation dans les pays où les espèces prioritaires sont cultivées;
- la mise en place du GCDT et ses initiatives visant à motiver les évaluations et les stratégies de conservation et à fournir des financements pour réaliser les priorités ainsi établies.

Le chapitre 2 signale que, depuis 1995 de nombreux pays ont réalisé des enquêtes et des inventaires spécifiques, au moins au niveau des espèces, soit dans le cadre de leurs stratégies et plans d'action nationaux pour la biodiversité, soit dans le cadre de projets individuels. La plupart de ces enquêtes et inventaires se sont uniquement concentrés sur les cultures individuelles, sur des petits groupes d'espèces ou sur des zones limitées à l'intérieur du territoire national. L'ICARDA a aidé les pays de l'Afrique du Nord, du Proche-Orient et de l'Asie centrale dans les enquêtes réalisées pour évaluer la densité, la fréquence et les menaces concernant les espèces sauvages apparentées. Des entreprises académiques de recherche ont étudié les fermes actives dans plusieurs pays pour déterminer quelles variétés traditionnelles étaient encore cultivées, malgré la disponibilité de variétés modernes à rendement élevé de plusieurs espèces. Elles signalent qu'une quantité significative de diversité génétique des cultures, sous forme de variétés traditionnelles, continue d'être préservée à la ferme (chapitre 2 et rapports nationaux de la Bosnie-Herzégovine, de l'ex-République yougoslave de Macédoine, de l'Islande, du Niger, de la Pologne et de la Suisse qui affirment que la diversité des cultures est encore importante et que des initiatives spéciales sont réalisées pour que la situation ne change pas). Par exemple, au Niger, aucune érosion génétique n'a été

observée au cours des récentes missions de collecte, et de nombreux cultivars traditionnels sont encore prédominants dans les champs des agriculteurs. Aucune perte de variétés de millets et de sorgho n'a été décelée en comparant les missions de collecte de 1973 et de 2003, cependant, les variétés améliorées de millets ont augmenté.⁸

D'autre part, les rapports et les alertes sur la diminution de la diversité des variétés locales et traditionnelles dans la production et dans la conservation sont récurrents.⁹ La majorité des rapports nationaux indiquent la baisse d'utilisation des variétés traditionnelles et locales en raison du remplacement par les variétés modernes.¹⁰ Cependant, la plupart de ces rapports nationaux concluent également que les enquêtes et les inventaires détaillés qui pourraient documenter ces diminutions n'ont pas été réalisés. La meilleure conclusion que l'on peut tirer de ces rapports nationaux est que le degré de la diversité préservée dans les systèmes de production végétale ou dans la nature est soit inconnu, soit très variable selon la culture ou l'écosystème et selon le pays.

Parmi les stratégies signalées par les pays pour la prévention de l'érosion génétique provoquée par les pressions exercées par le remplacement des variétés, on trouve :

- la collecte continue de matériel génétique sauvage et à la ferme, et la diversification de la production en utilisant les cultivars traditionnels pour permettre aux agriculteurs de produire pour les marchés locaux et pour l'utilisation traditionnelle;¹¹
- la conservation appropriée des variétés locales et des variétés traditionnelles d'herbages par la Banque nordique de génétique;¹²
- la collecte, l'identification et la conservation *ex situ* des variétés cultivées locales par les institutions des secteurs public et privé;¹³
- l'absence d'intensification de l'agriculture dans de nombreuses zones pour que le nombre de variétés et d'espèces cultivées soit continuellement élevé;¹⁴
- depuis la fin des années 90, la mise en place de mesures pour protéger l'habitat, pour la culture constante des variétés locales par le biais des projets de participation des agriculteurs, pour réintroduire les variétés locales et les anciens cultivars pour la

production biologique, et pour réaliser des missions continues de collecte;¹⁵ et

- les missions continues de collecte et la promotion de la conservation à la ferme des variétés patrimoniales de pâturage, de légumes et d'arbres fruitiers.¹⁶

De nombreux pays indiquent que les systèmes semenciers 'informels' sont toujours un élément clé dans la préservation de la diversité des cultures à la ferme (chapitre 4). Il est signalé que dans la République-Unie de Tanzanie un système informel représente jusqu'à 90 pour cent des mouvements des semences.¹⁷ Les rapports nationaux de l'Allemagne et de la Finlande attirent l'attention sur le Règlement (CE) no 1698/2005 du Conseil, qui est entré en vigueur en 2006 aux niveaux national et des États. Au titre de ce règlement, des paiements peuvent se faire (primes par hectare) pour la culture des variétés de cultures menacées par l'érosion génétique, ainsi que pour des actions spécifiques qui soutiennent la conservation et l'utilisation durable de ces variétés.

Suite à l'adoption du TIRPAA, le GCDT a été mis en place en 2004. Un de ses objectifs est d'identifier et d'aborder les questions de plus haute priorité concernant la conservation, dont la conservation *ex situ* des cultures du TIRPAA (présentes dans l'annexe 1 du Traité).¹⁸ La SGSV a ouvert en 2008 et représente la principale collection mondiale de sauvegardes de sécurité de la diversité des cultures détenues dans les banques de gènes à travers le monde, en tant qu'assurance contre les pertes progressives et celles qui proviennent des catastrophes. Depuis son ouverture, les efforts ont été concertés pour déposer les doubles provenant des collections mondiales du GCRAI et de nombreuses autres collections nationales et régionales.

En 2006, le GCDT a commencé à élaborer des stratégies de conservation et d'utilisation basées sur les cultures, et a réuni des équipes de conservateurs, de sélectionneurs et d'experts des cultures. Les priorités dégagées de ce processus ont été les nouvelles cibles du Fonds, qui prévoit à présent la concession de subventions pour financer un travail concentré sur ces priorités. Les résultats du Fonds en 2008 comprenaient la signature de plus de 50 accords de subventions dans le monde entier pour récupérer, régénérer, caractériser,

APPENDICE 4

évaluer la diversité existante et assurer que cette diversité, une fois mieux conservée et mieux comprise, serait rapidement et facilement disponible pour les sélectionneurs.¹⁹

État de la conservation in situ

Les formes sauvages de nombreuses cultures (surtout céréales et légumineuses) et la plupart des espèces dans leurs pools de gènes primaires et secondaires, sont habituellement des espèces annuelles. Les populations sont ainsi dynamiques et probablement transitoires d'une année sur l'autre, ce qui complique la définition des zones naturelles sur la base spécifique de la conservation des espèces sauvages apparentées. Les zones naturelles les plus protégées dans le monde s'identifient sur la base des caractéristiques géographiques et écologiques et sur la présence de certains taxons pérennes dominants. Par conséquent, le succès des aires protégées dans la préservation des taxons des espèces sauvages apparentées annuelles est fortuit, dans le meilleur des cas. Biodiversity International et ses partenaires ont entrepris des initiatives pour soutenir la conservation des espèces sauvages apparentées par le biais de la mise en œuvre de projets dans cinq pays (voir encadré 2.1 au chapitre 2).²⁰

De nombreux projets sur les cultures ou sur les aliments mis en œuvre par les ONG, par les groupes publics de promotion et par les institutions académiques ont favorisé la conservation à la ferme des variétés anciennes et patrimoniales et des variétés locales. Plusieurs rapports nationaux mentionnent les initiatives de conservation participative de ces pays.²¹ La croissance du nombre d'enquêtes et d'inventaires au niveau national, soutenus par une vaste gamme d'organisations (voir chapitre 2), qui ont documenté l'état des initiatives et les priorités de conservation pour d'autres interventions à l'avenir, a représenté un progrès important depuis la publication du Premier Rapport.

Lacunes

Il existe encore des lacunes dans la couverture des cultivars, des variétés traditionnelles, des variétés

locales et des espèces sauvages apparentées aux plantes cultivées dans les collections *ex situ* de nombreuses cultures principales.²² Des lacunes semblables, et parfois même plus graves, se trouvent dans les collections des cultures secondaires. À présent, on comprend mieux l'étendue et la nature des lacunes dans les collections *ex situ* par rapport à la période de la publication du Premier Rapport. Certaines se produisent en raison de la perte du matériel une fois collecté; d'autres en raison du manque de collecte. Pour les taxons pérennes, il existe des problèmes particuliers lors de la régénération, qui entraînent la perte et la nécessité de collecter de nouveau. Du point de vue de la diversité génétique, la préservation *in situ* est souvent la meilleure option de conservation pour ces taxons.

Une composante fondamentale des stratégies sur les cultures du GCDT consiste dans l'identification des lacunes et dans les recommandations qui en découlent. Les centres du GCRAI s'occupent de résoudre ces questions pour les cultures qui relèvent de leur mandat. Dans les rapports nationaux, les programmes nationaux de conservation des RPGAA énoncent également les besoins nécessaires pour aborder les lacunes. Les rapports nationaux signalent de façon presque homogène le besoin d'accroître le suivi et d'établir des systèmes d'alerte rapide en tant que moyens efficaces pour identifier les lacunes dans la couverture et dans l'état de la conservation.

Documentation, caractérisation et évaluation

Les systèmes d'information varient énormément d'une collection à une autre pour ce qui est du type et de la complexité. Les données SIG et moléculaires sont utilisées dans les collections les plus sophistiquées. La standardisation et la formation sont nécessaires.²³ Des informations plus détaillées sur les tendances dans la documentation et dans la caractérisation des RPGAA et sur les priorités dans un avenir proche figurent au chapitre 3.

Utilisation

Les difficultés dans l'utilisation des entrées de matériel génétique comprennent le manque de données

sur les entrées, surtout pour ce qui est des données d'évaluation, le manque de disponibilité de matériel utile et les inquiétudes concernant les DPI. Les priorités pour accroître l'utilisation comprennent l'usage plus élargi des différentes populations pour la cartographie génétique, l'utilisation améliorée des souches mutantes et génétiques et des espèces sauvages apparentées, et l'utilisation de nouvelles technologies, comme le séquençage de l'ADN et les systèmes de détection des marqueurs à haut débit qui sont de plus en plus rentables.²⁴

Les approches de sélection participative sont devenues le moyen reconnu pour cibler la production des cultivars adaptés de façon plus spécifique aux besoins des agriculteurs, comme il est signalé dans plusieurs rapports nationaux et résumé au chapitre 4. D'autres informations plus spécifiques sur les tendances dans l'utilisation des PRGAA et sur les priorités dans un avenir proche figurent également au chapitre 4. Des exemples de besoins prioritaires comprennent le renforcement des capacités dans les domaines de l'amélioration des cultures et de la conservation du matériel génétique, et le renforcement de la coopération parmi les parties prenantes engagées dans la conservation et dans l'utilisation durable des RPGAA à toutes les étapes des filières semencières et alimentaires.

Changement climatique

De nombreux rapports nationaux énoncent une perte de diversité, au cours de la dernière décennie, dans les collections et dans les fermes en raison de l'impact des foyers de ravageurs et de maladies ou du manque de tolérance aux stress abiotiques, comme la chaleur, la sécheresse, ou le gel. Ces facteurs entraînent la perte d'entrées au cours de la régénération et dans les collections de terrain, ainsi que la perte de cultivars et de variétés locales au cours de la production végétale. Ces pertes de diversité devraient augmenter en raison des manifestations du changement climatique mondial. De nombreux rapports nationaux signalent les menaces du changement climatique pour les ressources génétiques. Tous les scénarios prévus par le GIEC²⁵ auront des conséquences majeures pour l'adaptation et pour la répartition géographique

des cultures, des variétés spécifiques et des espèces sauvages apparentées aux plantes cultivées. En Chine, par exemple, les prévisions indiquent des pénuries dans les approvisionnements en eau pour l'agriculture au cours des prochaines décennies.²⁶ Les systèmes des aires protégées et des réserves subiront des impacts car il faudra changer l'échelle, la taille et les plans de gestion.²⁷ Les questions de régénération et de multiplication pour les collections *ex situ* seront même plus cruciales à résoudre car, si l'on souhaite que les sélectionneurs arrivent à identifier et à intégrer les nouvelles sources de résistance aux maladies et aux ravageurs, et de tolérance aux stress dans les cultivars pour faciliter l'adaptation des cultures aux impacts de la diversité croissante du climat, la demande en entrées augmentera. Cependant, comme il est signalé dans les rapports nationaux et résumé dans le chapitre 4, les capacités de sélection végétale n'ont pas changé de façon significative depuis la publication du Premier Rapport. Il est par conséquent urgent d'accroître ces capacités dans le monde entier pour affronter la crise du changement climatique.

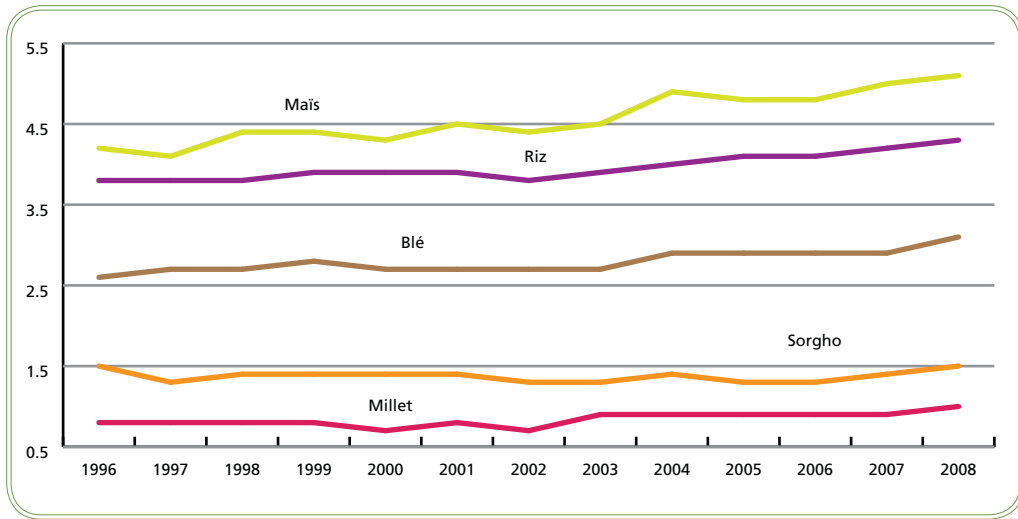
A4.2 État de la diversité des cultures principales

A4.2.1 État des ressources génétiques du blé

Le rendement du blé est passé de 2,6 tonnes par hectare en 1996 à 3,1 tonnes par hectare en 2008 (figure A4.1). Le blé est toujours la culture la plus largement cultivée. En 2008, sa récolte s'effectuait sur 224 millions d'hectares,²⁸ superficie qui a diminué par rapport aux 227 millions d'hectares en 1996. La production mondiale totale en 2008 a été de 690 millions de tonnes,²⁹ en hausse par rapport aux 585 millions de tonnes signalés en 1996. Les cinq premiers producteurs de blé en 2008 étaient encore la Chine (16 pour cent de la production mondiale), l'Inde (11 pour cent), les États-Unis d'Amérique (10 pour cent), la Fédération de Russie (9 pour cent) et la France (6 pour cent).

APPENDICE 4

FIGURE A4.1
Rendements de cultures céréalières choisies (tonnes par hectare), au niveau mondial



Source: FAOSTAT 1996/2008

La production mondiale de blé se base presque entièrement sur deux espèces: le blé tendre (*Triticum aestivum*, presque 95 pour cent de la production) et le durum ou blé dur (*T. turgidum* subsp. *durum*, environ 5 pour cent de la production).³⁰ La première est une espèce hexaploïde ($2n=2x=42$) et la seconde, tétraploïde ($2n=2x=28$). Une production mineure, au niveau très local, peut encore se trouver avec des blés diploïdes ou avec des sous-espèces tétraploïdes, en plus du durum.

Le pool de gènes du blé se compose de cultivars et de lignées en sélection modernes et obsolètes, de variétés locales, d'espèces apparentées (sauvages et domestiquées) dans la tribu *Triticeae*, et de souches génétiques et cytogénétiques. Les détails de la composition du pool de gènes sont fournis dans le plan stratégique du GCDT.³¹ Le pool de gènes primaire se compose des espèces biologiques, notamment les formes cultivées, sauvages et adventices de l'espèce cultivée, qui peuvent être facilement hybridées. Dans le pool de gène secondaire, on trouve les espèces pour lesquelles le transfert de gènes est possible mais

plus difficile, habituellement les espèces *Triticum* et *Aegilops*. Le pool de gènes tertiaire se compose d'autres espèces de la tribu (surtout des espèces annuelles) à partir desquelles le transfert de gènes n'est possible que difficilement. La 'facilité' du transfert de gènes est un concept qui dépend des technologies et est sujette au changement tout comme les délimitations taxonomiques à l'intérieur de la tribu. Les espèces sauvages apparentées au blé se sont avérées des sources très utiles de résistance aux stress biotiques et abiotiques lors de sa sélection au cours des deux dernières décennies et cette tendance devrait accélérer à l'avenir. De même, les souches génétiques sont de plus en plus utilisées en tant qu'outils dans l'application sophistiquée des biotechnologies modernes dans l'amélioration du blé.³²

État de la conservation in situ

Au niveau mondial, un des rares exemples d'aire protégée créée de façon spécifique pour la conservation d'une espèce sauvage annuelle apparentée aux

céréales est la «Erebuni» State Reserve en Arménie, une superficie de 89 hectares qui se trouve dans la zone de transition entre la zone semi-désertique et les steppes montagneuses. Sur les quatre espèces sauvages connues, trois se trouvent ici (engrain sauvage, *T. boeiticum*, amidonnier sauvage Ararat, *T. araraticum*, et le blé sauvage Urartu, *T. urartu*) avec plusieurs autres espèces d'*Aegilops*, outre un certain nombre d'espèces sauvages apparentées à d'autres espèces de céréales (orge et seigle).³³ La succession avec d'autres espèces indigènes et avec les espèces envahissantes (tant végétales qu'animales) représente une menace à l'intégrité des espèces sauvages apparentées dans cette réserve ainsi que dans tout autre site où l'on peut trouver les espèces sauvages apparentées aux céréales. Dans l'ensemble, toute aire protégée dans les pays à climat méditerranéen comprend probablement des taxons d'espèces sauvages apparentées au blé. La question fondamentale est de savoir si l'intégrité génétique de ces populations est préservée dans ces réserves.

État de la conservation *ex situ*

Au total, plus de 235 000 entrées sont préservées dans plus de 200 collections *ex situ*.³⁴ Les variétés locales, les cultivars modernes et obsolètes améliorés sont généralement bien conservés dans les collections de matériel génétique de blé, tandis que les espèces sauvages apparentées au blé sont représentées de façon inadéquate.³⁵ Par rapport aux besoins et aux conditions spécialisés nécessaires pour développer et préserver de façon fiable les souches génétiques et cytogénétiques, ces matériels ne sont pas bien représentés dans les collections de matériel génétique (probablement dans moins de 90 collections), et se trouvent vraisemblablement dans les instituts de recherche.³⁶

Érosion et vulnérabilité génétiques

Les cas d'absence d'érosion génétique ou de manque de vulnérabilité sont rares. Le chapitre 1 met l'accent sur l'augmentation de la diversité génétique et de la richesse allélique dans les variétés mises en circulation par le programme du CIMMYT d'amélioration de

blé tendre de printemps. Plusieurs espèces sauvages apparentées ont la tendance à se transformer en mauvaises herbes et prospèrent dans les zones exploitées ou dans les zones cultivées. Elles sont ainsi souvent répandues, mais en général les connaissances relatives à la diversité génétique de ces populations adventices sont très limitées.

Il n'y a pas eu de progrès en matière de régénération dans les collections de ressources génétiques du blé dans de nombreux pays (environ 10 pour cent de la collecte, au niveau mondial) et cela représente probablement la menace la plus grave à la sécurité des entrées de blé détenues dans les banques de gènes importantes au niveau mondial. Le manque de financement en est la principale limitation.³⁷

Les rapports nationaux présentent quelques exemples de préoccupations, dont: la disparition graduelle des variétés locales de blé;³⁸ la perte de tous les cultivars primitifs de blé;³⁹ et le remplacement des variétés anciennes de blé par des cultivars modernes dans les principales zones de production.⁴⁰

Lacunes et priorités

Le chapitre 3 énonce que les responsables des collections estiment que les principales lacunes des collections se rapportent aux variétés locales et aux cultivars. Les principaux utilisateurs des ressources génétiques du blé, cependant, indiquent qu'il faut davantage de populations pour la cartographie génétique, de mutants, de souches génétiques et une plus vaste gamme d'espèces sauvages apparentées. Cette divergence d'opinions sur la fonction principale des collections entre les responsables des banques de gènes et les utilisateurs de matériel génétique complique l'évaluation de l'état de la diversité.⁴¹ Les espèces sauvages apparentées sont représentées de façon relativement faible dans les collections et davantage de collecte est nécessaire.^{42,43} Le niveau de la diversité génétique et l'étendue des origines des espèces sauvages apparentées préservées dans les collections existantes sont faibles.

L'augmentation des températures régionales reflète un des résultats possibles du changement climatique. Cette augmentation pourrait être bénéfique pour la culture du blé dans certaines régions, mais elle

APPENDICE 4

pourrait réduire la productivité dans les régions où les températures sont à présent optimales pour le blé. De nouveaux cultivars de blé seront nécessaires pour adapter la culture aux environnements en voie de changement et pour faire en sorte qu'elle puisse encore satisfaire les besoins nutritionnels des populations. L'identification et l'utilisation de matériel génétique tolérant à la chaleur représentent des questions de haute priorité.⁴⁴

Duplication de sécurité

Dans la plupart des pays, les collections de blé ne disposent d'aucune duplication de sécurité. Moins de 10 pour cent des collections de blé d'importance mondiale ont été entièrement dupliquées ailleurs par sécurité, tandis que la majorité dispose d'une duplication partielle ou d'aucune duplication.⁴⁵

Utilisation

Les différences entre les pays en matière de productivité sont importantes, même lorsque des pratiques agronomiques semblables sont appliquées. Par conséquent, il existe des possibilités d'augmenter la productivité dans de nombreux pays et les collections de ressources génétiques seront importantes à cette fin. Les collections de souches génétiques et moléculaires évoluent ensemble, pour ce qui est de la taille et de la complexité, avec les progrès réalisés dans les outils biotechnologiques pour l'analyse du génome. Ces outils seront de plus en plus utilisés (par exemple avec la sélection assistée par marqueurs moléculaires) pour favoriser l'utilisation efficace de la variation génétique disponible dans les collections traditionnelles de matériel génétique.⁴⁶

Fonction de la culture dans les systèmes de production durable

Le blé se produit pour une vaste gamme d'utilisateurs finaux et représente un aliment de base pour une grande partie des agriculteurs et des consommateurs pauvres dans le monde. Il fournit 16 pour cent des calories totales du régime alimentaire pour les êtres humains dans les pays en développement. Le

blé est le produit alimentaire d'importation le plus important dans les pays en développement ainsi que la principale composante de l'aide alimentaire provenant des pays développés. La baisse des prix des denrées alimentaires dans les pays en développement, en raison de l'augmentation dans la production mondiale, a favorisé la réduction de la proportion de pauvres dans ces pays.⁴⁷

A4.2.2 État des ressources génétiques du riz

Au cours de la période allant de 1996 à 2008, le rendement du riz (*Oryza sativa*) a augmenté d'environ 14 pour cent au niveau mondial (figure A4.1). En 2008, la production mondiale de riz représentait 685 millions de tonnes et la récolte se faisait sur une superficie de 159 millions d'hectares.⁴⁸ Les principaux producteurs de riz sont la Chine (28 pour cent de la production mondiale), l'Inde (22 pour cent), l'Indonésie (9 pour cent), le Bangladesh (7 pour cent) et le Viet Nam (6 pour cent).

Le pool de gènes primaire est la source de gènes utiles pour la sélection et pour la recherche. Il se compose des autres espèces domestiquées *O. glaberrima* et d'*O. rufipogon* et de plusieurs autres espèces sauvages qui ont un génome commun (A) qui peut hybrider naturellement avec *O. sativa*.⁴⁹ Les pools de gènes secondaire et tertiaire, l'espèce *Oryza* avec des constitutions génomiques autres que A, ont une potentialité en tant que sources génétiques, mais l'introgression des gènes dans le riz s'avère difficile.⁵⁰ Cependant, la culture d'anthers et les techniques de sauvetage d'embryons peuvent être employées avec efficacité pour surmonter la stérilité des hybrides. Au CIAT, les lignées en sélection avancées provenant des croisements entre *O. sativa* et *O. latifolia* (génomes CCDD) ont été produites et distribuées aux SNRA en Amérique latine.⁵¹

État de la conservation in situ

Les sites potentiels de réserve génétique pour *O. longiglumis*, *O. minuta*, *O. rhizomatis* et *O. schlechteri* ont été identifiés dans la région Asie et Pacifique. Ces espèces représentent des espèces sauvages

apparentées de haute priorité pour la conservation *in situ*. On signale au Viet Nam des initiatives de conservation des variétés locales et des espèces sauvages apparentées en dehors des aires protégées dans le but de préserver la biodiversité agricole du riz qui est d'une importance significative au niveau mondial.⁵²

État de la conservation ex situ

Au total, environ 775 000 entrées sont préservées dans plus de 175 collections *ex situ*; cependant, environ 44 pour cent de ces collections sont conservées dans cinq banques de gènes situées en Asie.⁵³ Les variétés locales, les cultivars obsolètes et modernes améliorés, ainsi que les souches génétiques et cytogénétiques sont généralement représentés de façon adéquate dans les collections de matériel génétique du riz. Dans l'ensemble, les espèces sauvages apparentées sont faiblement représentées dans les collections *ex situ*, à l'exception de celles qui sont détenues auprès du IRRI et du National Institute of Agricultural Biotechnology dans la République de Corée.

Érosion et vulnérabilité génétiques

Parmi les inquiétudes signalées dans les rapports nationaux, on peut mentionner: l'estimation de l'uniformité croissante des variétés de riz et, par conséquent, de leur vulnérabilité accrue du point de vue génétique;⁵⁴ la disparition de variétés spécifiques et de variétés locales de riz;⁵⁵ et le risque d'extinction des espèces sauvages dans le pool de gènes primaire.⁵⁶ Les raisons mentionnées sont les conditions climatiques toujours moins favorables comme la sécheresse, le remplacement par les variétés à haut rendement et à maturation précoce, et la perte d'habitat. Dans certains pays, les politiques gouvernementales ne facilitent pas la collecte de matériel génétique ni, par conséquent, la caractérisation et l'utilisation des espèces sauvages apparentées au riz.

Lacunes et priorités

Il est nécessaire de réaliser d'autres collectes pour avoir une meilleure représentation des espèces sauvages

dans les banques de gènes à tous les niveaux de pools de gènes, ainsi que la régénération des entrées sauvages existantes. Il est également nécessaire de mettre en place des réseaux pour le partage des responsabilités de conservation des espèces sauvages dans les nombreuses banques de gènes et centres de recherche qui les préservent.⁵⁷

Duplication de sécurité

La multiplication des semences et la duplication de sécurité sont inadéquates dans la plupart des collections de riz.⁵⁸

Utilisation

L'amélioration des protocoles et des installations de conservation, ainsi que l'augmentation de la caractérisation systématique du matériel génétique, encourageraient l'utilisation des entrées (par exemple, les entrées de riz glutineux) qui ne se conservent pas de façon appropriée dans le cadre des régimes d'humidité et de température typiques des conditions conventionnelles d'entreposage.⁵⁹

A4.2.3 État des ressources génétiques du maïs

Au cours de la période allant de 1996 à 2008, le rendement du maïs (*Zea mays*) a augmenté de 21 pour cent (figure A4.1). En 2008, le maïs était cultivé dans plus de 161 millions d'hectares avec une production mondiale de 823 millions de tonnes. Il a dépassé la production de riz et de blé depuis 1995.⁶⁰ Les cinq premiers producteurs de maïs en 2008 étaient les États-Unis d'Amérique (37 pour cent de la production mondiale), la Chine (20 pour cent), le Brésil (7 pour cent), le Mexique (3 pour cent) et l'Argentine (3 pour cent).⁶¹

Le pool de gènes primaire comprend les espèces de maïs (*Zea mays*) et la téosinte avec laquelle le maïs hybride facilement et produit une descendance fertile. Le pool de gènes secondaire comprend les espèces *Tripsacum* (environ 16 espèces), dont quelques-unes sont en danger. La variabilité parmi les variétés locales de maïs (quelque 300 ont été identifiées) dépasse

APPENDICE 4

celle de toute autre culture.⁶² Il existe une grande variété en ce qui concerne la taille de la plante, les temps de maturation, les épis par plante, les grains par épi, le rendement par hectare et le degré de latitude et d'altitude de la culture.⁶³ La téosinte est représentée par les espèces diploïdes annuelles et pérennes ($2n = 2x = 20$) et par les espèces tétraploïdes ($2n = 4x = 40$). Elles se trouvent dans les zones tropicales et subtropicales du Mexique, du Guatemala, du Honduras et du Nicaragua en tant que populations isolées avec des tailles de populations variables, et occupent des superficies allant de moins d'un hectare à plusieurs centaines de kilomètres carrés. La téosinte se trouve à partir de la partie méridionale de la région culturelle connue sous le nom d'Amérique aride, dans la Sierra Madre occidentale, dans l'état de Chihuahua, et dans la vallée Guadiana, dans l'état de Durango, au Mexique, jusqu'à la partie occidentale du Nicaragua, et comprend pratiquement toute la partie occidentale de l'Amérique centrale.⁶⁴

État de la conservation *in situ*

Il est extrêmement important d'agir maintenant pour compléter l'échantillonnage écogéographique du maïs du Nouveau Monde, puisque les changements économiques et démographiques dégradent la diversité génétique du maïs dans de nombreuses régions qui auparavant n'étaient pas affectées par les modernes pratiques agricoles, horticoles, forestières et industrielles.⁶⁵

État de la conservation *ex situ*

Bien que dans relativement peu de régions la collecte complète n'ait pas été réalisée, le maïs de certaines parties du bassin de l'Amazone et de l'Amérique centrale et le maïs visqueux de l'Asie du Sud-Est n'ont jamais été rassemblés de façon adéquate. Les lignées tropicales consanguines du secteur public ou privé ne sont pas représentées de façon appropriée, tout comme d'importants hybrides (ou leurs augmentations massives).⁶⁶ Les espèces sauvages de *Zea* et de *Tripsacum* sont des sources potentiellement importantes de variation génétique pour le maïs, mais elles ne

sont pas représentées de façon adéquate dans les collections et les entrées existantes sont de faible entité. Le Maize Genetic Cooperation Stock Center de l'université de l'Illinois est la banque de gènes principale pour les mutants, les souches génétiques et chromosomiques du maïs.⁶⁷ La représentation de la téosinte est inégale et incomplète dans les banques de gènes principales.⁶⁸ Les plus importantes collections de téosinte sont celles de l'INIFAP, de l'université de Guadalajara et du CIMMYT au Mexique, et les collections de l'Agricultural Research Service (ARS) de l'USDA aux États-Unis d'Amérique.⁶⁹

Érosion et vulnérabilité génétiques

Comme pour le blé, un cas peu fréquent d'amélioration de la variabilité génétique est l'augmentation de la diversité génétique et de la richesse allélique dans les variétés mises en circulation par le programme du CIMMYT d'amélioration du maïs (chapitre 1). Un cas plus courant est le rapport des pays sur la perte des variétés plus anciennes et des variétés locales.⁷⁰ La raison principale de la perte signalée est le remplacement des variétés traditionnelles par des cultivars modernes. Toutes les populations de téosinte sont en danger.⁷¹

Lacunes et priorités

Des réserves nationales et internationales doivent être établies pour protéger les fragments restants des races de téosinte de Balsas, de Guatemala, de Huehuetenango et de Nicaragua. Le jardin *ex situ* de *Tripsacum* qui appartient au CIMMYT et se trouve à Tlaltizapan, Morelos, devrait continuer à être préservé avec un jardin dupliqué établi à Veracruz (ou dans un milieu tropical de basses-terres équivalent). Un autre jardin de *Tripsacum* pourrait être établi près du siège de l'IITA en Afrique. Le suivi *in situ* des populations de *Tripsacum* devrait être réalisé au Mexique et au Guatemala, le centre de diversité du genre, et dans d'autres pays en Amérique centrale et du Sud, où les deux espèces sont répandues et endémiques. Les jardins *ex situ* de *Tripsacum* auprès du CIMMYT et de l'USDA en Floride devraient être enrichis avec la diversité trouvée dans la nature, et la collaboration entre ces deux sites uniques devrait être plus soutenue.⁷²

Le chapitre 3 énonce que les lacunes plus graves identifiées dans les collections *ex situ* existantes de maïs comprennent les hybrides et les lignées consanguines tropicales, outre les lacunes qui résultent de la perte d'entrées des collections; par exemple, toute la collection de la Dominique a été perdue ainsi qu'une grande partie du matériel collecté par le CIRP dans les années 70. La stratégie pour le maïs du GCDT a souligné de façon spécifique que les hybrides et les lignées consanguines privées (non pas celles qui sont à présent couvertes par la protection des variétés végétales ni celles dont la protection vient d'être périmée) ne se trouvent pas dans les banques de gènes.⁷³

Il est nécessaire d'identifier les sous-ensembles de référence des races de maïs, mais cela dépend de l'expertise non seulement en matière de procédures statistiques, mais surtout en matière de classement des races et des entrées et de la disponibilité du type de données nécessaires pour prendre des décisions raisonnables de classement.⁷⁴

Bien que la couverture du maïs du Nouveau Monde soit adéquate dans les banques de gènes,⁷⁵ environ 10 pour cent de ces collections requièrent une régénération.⁷⁶ Dans certains cas, la nouvelle collecte d'échantillons appropriés a plus de sens que leur régénération surtout pour les variétés locales de grande altitude qui sont cultivées dans des zones qui ne sont pas affectées par les programmes d'amélioration (une grande partie d'Oaxaca et Chiapas au Mexique, de nombreuses hautes-terres de l'Amérique centrale, plusieurs zones andines de l'Argentine, du Chili, de l'État plurinational de Bolivie, de l'Équateur, de la Colombie et du Pérou). La collecte des savoirs autochtones doit être une priorité pour toutes les nouvelles collectes.⁷⁷

D'autres collectes d'espèces sauvages sont nécessaires, ainsi que des initiatives de conservation *in situ*. Comme pour les variétés locales, les nouvelles collectes d'espèces sauvages sont souvent plus efficaces que la régénération.⁷⁸

Duplication de sécurité

Un réseau de doubles de sécurité pour la plupart des entrées des principales banques de gènes du Nouveau Monde est en place. Cependant, quelques-unes des

entrées hébergées dans les collections nationales du Vieux Monde sont sauvegardées auprès des centres internationaux; plusieurs sont essentiellement non disponibles pour les utilisateurs qui n'appartiennent pas au pays en question (et parfois même pour les utilisateurs nationaux); et la garantie d'une régénération périodique est souvent incertaine.⁷⁹

La sauvegarde de sécurité pour environ 85 pour cent des collections de souches génétiques est en place auprès du NCGRCP de l'USDA, à Fort Collins, au Colorado, aux États-Unis d'Amérique.⁸⁰

Compte tenu du fait que la diversité génétique de la téosinte et du *Tripsacum* est importante pour les initiatives de recherche et de sélection du maïs pour ce qui est de sa productivité, de sa qualité nutritionnelle, de sa production de bioénergie et pour d'autres usages, la sauvegarde *ex situ* de ces matériels est cruciale.⁸¹

Documentation, caractérisation et évaluation

La documentation des matériels détenus dans les collections nationales est incohérente et parfois insuffisante, et se trouve dans plusieurs bases de données qui ne sont pas nécessairement bien entretenues ou facilement accessibles. La standardisation entre les bases de données n'existe pas. Le problème le plus urgent consiste dans la résolution des différents acronymes et systèmes de numération utilisés pour la même entrée. Seul le système US-GRIN est accessible par Internet.⁸² La mise en œuvre d'un système mondial d'information pour le maïs est anticipée et serait principalement utile pour améliorer les progrès en matière de régénération. Une base de données distincte serait utile pour la téosinte.⁸³

Une base de métadonnées opérationnelle et globale permettrait de mettre en place la duplication de sécurité de façon plus efficace pour toutes les entrées.⁸⁴

Utilisation

La distribution d'entrées de matériel génétique est une mesure indirecte de l'utilisation des ressources génétiques pour l'amélioration des cultures. La collection de maïs du CIMMYT est l'une des plus

APPENDICE 4

grandes de la planète (dépassée uniquement par la collection nationale du Mexique) et sa distribution la plus importante s'est avérée en 1989, suivie par une chute nette au cours de 1995. Cependant, il y a eu une hausse nette dans la distribution à partir de 1996 jusqu'à 2004, ce qui suggère un intérêt renouvelé dans l'utilisation du matériel génétique.⁸⁵ L'amélioration des technologies pour la distribution de l'ADN pourrait être à l'origine de l'augmentation de l'utilisation du matériel génétique.⁸⁶

Les contraintes à une plus grande utilisation comprennent les questions de propriété et le personnel non qualifié. La distribution des entrées est entravée par les préoccupations associées aux DPI.⁸⁷ Il est extrêmement nécessaire de former une nouvelle génération de spécialistes du matériel génétique du maïs en matière de conservation et d'utilisation.⁸⁸

Fonction de la culture dans les systèmes de production durable

L'évaluation stratégique des entrées de matériel génétique du maïs, ainsi que l'amélioration génétique seront importantes pour atteindre la sécurité alimentaire et la réduction de la pauvreté et pour protéger l'environnement, surtout en Afrique subsaharienne et dans les zones indigènes des Amériques.⁸⁹

A4.2.4 État des ressources génétiques du sorgho

Au cours de la période allant de 1996 à 2008, le rendement du sorgho (*Sorghum bicolor*) n'a pas évolué de façon significative (voir figure A4.1). En 2008, le sorgho était cultivé sur une superficie récoltée de 45 millions d'hectares avec une production mondiale de 66 millions de tonnes.⁹⁰ Le sorgho est principalement utilisé pour la consommation humaine en Afrique et en Inde, et en tant qu'aliment pour les animaux en Chine et aux États-Unis d'Amérique. Les cinq premiers producteurs de sorgho en 2007 étaient les États-Unis d'Amérique (18 pour cent de la production mondiale), le Nigeria (14 pour cent), l'Inde (12 pour cent), le Mexique (10 pour cent) et le Soudan (6 pour cent).

Le pool de gènes primaire se compose de *S. bicolor*, de ses nombreuses races, et de plusieurs autres races, dont le nombre dépend de traitements taxonomiques.⁹¹

État de la conservation ex situ

Les principales collections de sorgho se trouvent auprès de l'ICRISAT et de la Plant Genetic Resources Conservation Unit, Southern Regional Plant Introduction Station de l'USDA, suivies par celles de l'ICGR en Chine et du NBPGR en Inde. En outre, environ 30 autres institutions détiennent des collections ex situ de sorgho (surtout des collections nationales). Au total, plus de 235 000 entrées sont préservées, dont 4 700 sont des matériels sauvages.⁹² On soupçonne un degré élevé de duplication des entrées parmi les collections, à l'exception de la collection chinoise qui se compose principalement de variétés locales.⁹³

Érosion et vulnérabilité génétiques

Au cours des 20 dernières années, 60 pour cent des variétés locales de sorgho ont disparu dans une région du Mali, en raison de l'expansion de la production du coton, de l'introduction de la culture du maïs et de la saturation de la superficie cultivable disponible. La diffusion d'une variété améliorée a remplacé trois variétés locales de sorgho dans un village.⁹⁴ Plusieurs autres pays africains indiquent également dans leurs rapports nationaux que les variétés améliorées ont remplacé les variétés locales.⁹⁵ Au Niger, cependant, les missions de collecte n'ont décelé aucune perte de variétés locales dans les champs des agriculteurs.⁹⁶ Au Japon, le sorgho n'est plus cultivé du tout, mais les variétés des agriculteurs ont été rassemblées pour la banque de gènes nationale.⁹⁷

Lacunes et priorités

La régénération est urgente pour un grand nombre (28 000) d'entrées. Parmi les goulots d'étranglement qui entravent cette tâche, on peut mentionner les questions associées à la photopériode et à la quarantaine, les coûts et les capacités de la main-d'œuvre.⁹⁸

Il est nécessaire de mettre en place l'échantillonnage écologique des géniteurs sauvages et des variétés locales de *S. bicolor* dans chacun de ses centres primaires, secondaires et tertiaires de la diversité.⁹⁹ Il est nécessaire de réaliser d'autres collectes et la conservation des espèces sauvages étroitement apparentées.¹⁰⁰ Les lacunes dans la couverture géographique ont été mentionnées pour l'Afrique occidentale, pour l'Amérique centrale, pour l'Asie centrale et le Caucase, et pour le Soudan, dans le Darfour et dans le sud.¹⁰¹

Duplication de sécurité

L'état de la duplication de sécurité varie beaucoup d'une collection à une autre. Uniquement neuf collections sont entreposées dans des conditions à long terme (ou de façon similaire) et seulement huit sont sauvegardées dans des conditions de sécurité.¹⁰² L'ICRISAT a proposé de dupliquer toute sa collection de sorgho d'environ 38 000 entrées pour la déposer dans la SGSV et, jusqu'à présent, 13 000 entrées ont déjà été envoyées.¹⁰³

Documentation, caractérisation et évaluation

Si les données passeport sont disponibles pour la plupart des entrées, la nomenclature utilisée varie beaucoup entre les institutions, ce qui rend difficile l'identification des doubles. Les données de caractérisation sont documentées de façon électronique à un niveau raisonnable, mais les données d'évaluation font défaut.¹⁰⁴ La plupart des données ne sont pas accessibles par l'Internet.¹⁰⁵

Utilisation

L'échange de matériel génétique et, par conséquent, son utilisation sont limités. D'autres contraintes à l'utilisation sont le manque d'informations sur les caractères utiles des entrées, la diminution des programmes de sélection, l'insuffisance des semences disponibles et la faiblesse des communications entre les sélectionneurs et les conservateurs.¹⁰⁶

Les collections et les minicollections de référence, basées sur l'échantillonnage de la diversité génétique disponible, ont été développées et utilisées pour

identifier les entrées avec des caractères spécifiques de résistance aux stress biotiques.¹⁰⁷

Les deux collections principales sont celles qui ont été le plus distribuées. Les principaux destinataires de l'USDA ont été les sélectionneurs du secteur public, tandis que ceux de l'ICRISAT ont été les scientifiques internes de la recherche (concentrés sur l'amélioration des cultures).¹⁰⁸

Fonction de la culture dans les systèmes de production durable

En raison de la demande accrue en sources plus fiables d'aliments pour la consommation humaine et animale provenant des environnements affectés par la pénurie d'eau et par les hautes températures, le sorgho exercera une fonction importante grâce à sa grande capacité d'adaptation et à ses utilisations différentes.¹⁰⁹

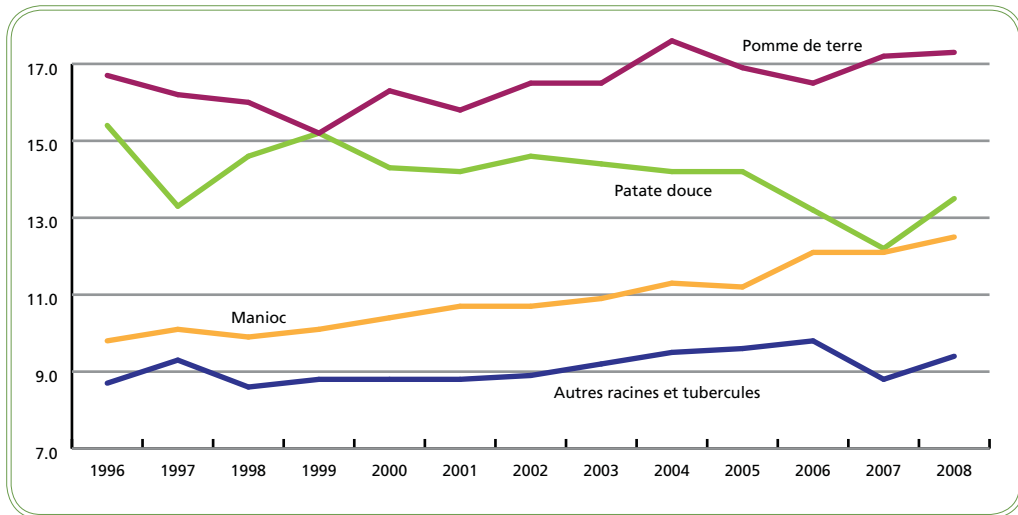
A4.2.5 État des ressources génétiques du manioc

Entre 1996 et 2008, le rendement du manioc a indiqué une hausse nette de 2,7 tonnes par hectare (figure A4.2). En 2008, le manioc (*Manihot esculenta*) était cultivé sur une superficie récoltée de 19 millions d'hectares avec une production mondiale de 233 millions de tonnes.¹¹⁰ Le manioc est essentiel pour la sécurité alimentaire de la plupart des régions d'Afrique. En 2008, presque 51 pour cent de la production mondiale provenait d'Afrique, et les cinq premiers producteurs de manioc étaient le Nigeria (19 pour cent de la production mondiale), la Thaïlande (12 pour cent), le Brésil (11 pour cent), l'Indonésie (9 pour cent) et la République démocratique du Congo (6 pour cent).

Le pool de gènes se compose de l'espèce cultivée *M. esculenta* et de 70 à 100 espèces sauvages de *Manihot*, selon le classement taxonomique. Les variétés locales, cependant, ont été, et continuent d'être, les sources primaires de gènes et de combinaisons génétiques pour les nouvelles variétés. Les espèces sauvages offrent des caractères intéressants (par exemple, la tolérance à la détérioration physiologique après la récolte, le contenu élevé de protéines dans les racines, la résistance aux ravageurs et aux maladies),

APPENDICE 4

FIGURE A4.2
Rendements de racines et tubercules (tonnes par hectare), au niveau mondial



Source: FAOSTAT 1996/2008

mais elles sont difficiles à utiliser et à conserver.¹¹¹ Le genre *Manihot* est originaire des Amériques et la plus grande partie de la diversification génétique s'est produite dans ce continent. L'Asie et l'Afrique sont deux centres secondaires importants de la diversité génétique.¹¹²

Le pool de gènes primaire se compose des cultivars mêmes et des espèces qui se croisent facilement avec le manioc et donnent une descendance fertile: *M. flabellifolia* et *M. peruviana*, originaires de l'Amérique du Sud.¹¹³ Les taxons qui se croisent difficilement avec le manioc, mais qui donnent quelques résultats positifs constituent le pool de gènes secondaire, notamment *M. glaziovii*, *M. dichotoma*, *M. pringlei*, *M. aesculifolia* et *M. pilosa*.¹¹⁴

État de la conservation in situ

Malgré les propositions de longue date pour créer des réserves *in situ* pour les espèces sauvages de *Manihot*, ces réserves n'ont pas été réalisées.¹¹⁵

État de la conservation ex situ

La principale stratégie de conservation est représentée par les collections de terrain. Les collections *in vitro* sont utilisées à un degré moindre et sont suivies par la cryoconservation.¹¹⁶ L'attention consacrée à l'entreposage des semences en tant que méthode pour conserver le matériel génétique a été limitée, mais il s'agit d'un moyen prometteur pour préserver les gènes, surtout pour de nombreuses espèces sauvages qui sont difficiles à conserver avec des méthodes alternatives et se multiplient par les semences dans la nature. Les semences de manioc sont apparemment orthodoxes dans le comportement et, par conséquent, peuvent être stockées dans des conditions conventionnelles à faible humidité et à basse température.¹¹⁷ Le CIAT a récemment lancé un processus visant à générer des semences botaniques par le biais de l'autopollinisation des entrées dans sa collection de manioc. Le génotype de l'entrée est perdu, mais ses gènes sont conservés dans les semences produites.¹¹⁸

La plupart des pays qui cultivent le manioc ont établi une banque de gènes des variétés locales. Presque tous dépendent principalement des plantes cultivées dans les champs, mais peuvent utiliser également la propagation *in vitro* pour une partie de la collection. Deux centres internationaux, le CIAT et l'IITA, préservent les collections régionales pour les Amériques et l'Asie (CIAT) et pour l'Afrique (IITA). Au total, il y a plus de 32 000 entrées de manioc entreposées *ex situ*. Sur ces entrées, on estime que 32 pour cent est représenté par des variétés locales.¹¹⁹ Selon une étude du GCDT, il faudrait rassembler d'autres matériels afin de représenter la diversité génétique complète de l'espèce. Les pays prioritaires pour la collecte de variétés locales supplémentaires sont le Brésil, la Colombie, l'État plurinational de Bolivie, Haïti, le Mozambique, le Nicaragua, l'Ouganda, le Pérou, la République bolivarienne du Venezuela, la République démocratique du Congo et la République-Unie de Tanzanie.¹²⁰

Lacunes et priorités

Les collections de terrain ne sont pas en très bon état, et on signale des retards dans les collections *in vitro* en raison du manque de financements. Le haut niveau d'entretien et les intervalles relativement brefs de régénération représentent des goulots d'étranglement fondamentaux.¹²¹

Les espèces sauvages de *Manihot* sont faiblement représentées dans les collections *ex situ*, tant pour ce qui est des espèces (seulement environ un tiers des espèces dans le genre) que des populations. Le financement représente une contrainte. D'autres collectes sont nécessaires, certaines espèces sont en danger en raison de l'expansion de l'agriculture et de la perte d'habitat.¹²² Seulement l'Embrapa, l'université de Brasilia (Nagib Nassar) et le CIAT dirigent des programmes sérieux pour la conservation à long terme du *Manihot* sauvage.¹²³ Les habitats de nombreuses populations sont menacés par l'urbanisation et par l'expansion de l'agriculture, surtout dans le centre du Brésil. La collecte et la conservation efficaces sont également compromises par les lacunes dans la connaissance de la taxonomie et de la phylogénie. Leur conservation *ex situ* est difficile et nécessite d'une

recherche approfondie pour établir des banques de gènes efficaces et sécurisées.¹²⁴

Duplication de sécurité

La duplication de sécurité n'est pas complète.¹²⁵

Documentation, caractérisation et évaluation

La documentation disponible dans les collections nationales est limitée. La mise en place d'une base de données mondiale est hautement prioritaire.¹²⁶

Utilisation

Seuls quelques pays s'engagent régulièrement dans l'échange international de matériel génétique du manioc.¹²⁷ Les principales contraintes à l'utilisation sont le manque d'information sur les entrées et la difficulté des échanges.¹²⁸

Les efforts nécessaires pour améliorer l'utilisation sont: l'indexage des maladies des entrées, l'élaboration de protocoles de meilleure qualité pour la conservation des semences, pour la conservation *in vitro* et pour la cryoconservation, le test de viabilité pour la conservation du pollen et l'amélioration des protocoles pour la germination des graines.¹²⁹ Le CIAT, en collaboration avec l'IITA, a lancé un processus visant à générer les souches génétiques partiellement consanguines en tant que sources de caractères souhaitables pour l'échange facilité du matériel génétique.¹³⁰

Les méthodes d'indexage des virus, qui sont spécifiques à chaque continent, sont disponibles, mais il est nécessaire de les améliorer et de les rendre disponibles aux responsables des banques de gènes et aux centres de quarantaine.¹³¹

Fonction de la culture dans les systèmes de production durable

Le manioc est l'une des cultures les plus efficaces dans la production de la biomasse. Par rapport à plusieurs autres cultures, le manioc est excellent dans les conditions sous-optimales, et peut résister à la sécheresse.

APPENDICE 4

La plupart de la production du manioc se base encore sur les variétés locales, bien que cette tendance soit en train de changer rapidement, surtout au cours de la dernière décennie et dans des pays comme le Brésil, la Colombie, le Nigeria, la Thaïlande et le Viet Nam. Les programmes de sélection utilisent encore beaucoup les variétés locales en tant que géniteurs dans les pépinières de croisement.¹³²

A4.2.6 État des ressources génétiques de la pomme de terre

Depuis 1995, le rendement de la pomme de terre a été inégal d'une année sur l'autre, malgré une légère augmentation générale (voir figure A4.2). En 2008, la pomme de terre était cultivée sur une superficie récoltée de 18 millions d'hectares avec une production mondiale de 314 millions de tonnes.¹³³ Les cinq premiers producteurs en 2008 étaient la Chine (18 pour cent de la production mondiale), l'Inde (11 pour cent), la Fédération de Russie (9 pour cent), l'Ukraine et les États-Unis d'Amérique (6 pour cent).¹³⁴ La pomme de terre est importante pour la sécurité alimentaire et pour la génération de revenus dans les pays en développement. En 2005, la production mondiale de pomme de terre originaire des pays en développement dépassait les niveaux de production du monde développé.¹³⁵

Le pool de gènes peut se classer en quatre types de matériel génétique:¹³⁶

1. les cultivars modernes (et les variétés anciennes) de la pomme de terre commune (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*), la sous-espèce de pomme de terre la plus cultivée dans le monde;
2. les cultivars primitifs, y compris les cultivars de pomme de terre locale présents dans le centre de diversité (entre sept et 12 espèces selon le traitement taxonomique);
3. les espèces sauvages apparentées, constituées d'espèces à tubercule et de quelques espèces sans tubercule, présentes dans le centre de diversité (entre 180 et 200 espèces selon le traitement taxonomique);
4. d'autre matériel génétique ou de recherche; tous les types de souches génétiques, par exemple, les

hybrides interspécifiques, les clones géniteurs, les souches génétiquement améliorées, etc.

État de la conservation *in situ*

Les agriculteurs du centre d'origine et de diversité de la culture, surtout dans l'État plurinational de Bolivie et au Pérou, préservent encore des centaines de cultivars primitifs et contribuent par conséquent activement à la conservation *in situ* et à l'évolution continues de la pomme de terre cultivée.^{137,138,139} Il est urgent de mieux comprendre les stratégies efficaces qui permettent de soutenir ces agriculteurs. Les connaissances sur l'état de la conservation *in situ* des espèces sauvages de la pomme de terre sont très limitées, et les initiatives de conservation d'habitats importants pour les espèces endémiques sont encore à ce jour inexistantes.

État de la conservation *ex situ*

Au niveau mondial, environ 98 000 entrées sont disponibles *ex situ*, dont 80 pour cent sont préservées dans 30 collections clés.¹⁴⁰ Les entrées sont conservées en tant que semences botaniques ou de façon végétative en tant que tubercules et plantules *in vitro*. Les collections de l'Amérique latine contiennent de nombreux cultivars primitifs et espèces sauvages apparentées, tandis que les collections de l'Europe et de l'Amérique du Nord comportent des cultivars modernes et des matériels de sélection, ainsi que les espèces sauvages apparentées.¹⁴¹

Érosion et vulnérabilité génétiques

On présente ici un exemple d'érosion. Avant la modernisation de l'agriculture, les agriculteurs de l'île de Chiloé cultivaient entre 800 et 1 000 variétés de pomme de terre. Aujourd'hui, elles ne sont qu'environ 270.¹⁴² L'espèce diploïde cultivée dans les Andes, *Solanum phureja*, est également considérée comme vulnérable.^{143,144} Une étude récente sur l'effet du changement climatique prévoit que, sur un total de 108 espèces de pomme de terre, entre 7 et 13 risquent probablement l'extinction.¹⁴⁵

Lacunes et priorités

Le chapitre 3 énonçait le fait que le matériel génétique le plus utile a déjà été collecté et qu'à présent, les lacunes significatives sont rares. Cependant, plusieurs collections de l'Amérique latine sont menacées par le manque de financements et, en cas de perte de quelques-unes de ces collections, il résulterait de graves lacunes dans la couverture globale du pool de gènes des collections.

Les capacités limitées de régénération représentent une contrainte dans toutes les collections, surtout pour les entrées sauvages et les cultivars primitifs. La dérive génétique est en voie de devenir un problème dans les collections d'espèces sauvages où les espèces individuelles sont représentées par un nombre trop limité d'entrées.¹⁴⁶

Les fonctions cruciales pour la conservation optimale, comme la régénération, la documentation, l'entreposage, le contrôle sanitaire et la duplication de sécurité, ne sont pas mises en place de façon appropriée dans un certain nombre de banques de gènes. Plusieurs banques de gènes de l'Amérique latine et de la Fédération de Russie n'ont pas accès à l'expérience ou aux installations nécessaires pour préserver en bon état le matériel génétique.¹⁴⁷

L'ampleur des nouvelles collectes de matériel génétique et du suivi de l'état de conservation de populations vulnérables localisées dans le centre de la diversité a été très limitée dans les dix dernières années. Environ 30 espèces sauvages ne sont pas encore représentées dans les collections et devraient être recueillies. En outre, pour 25 autres espèces sauvages, moins de trois entrées sont présentes dans les collections. Dans la région andine, les cultivars de pomme de terre conservés à la ferme sont cruciaux pour la sécurité alimentaire de la région, et en considérant le changement climatique et la conservation à long terme, il est nécessaire de renforcer la compréhension des systèmes dynamiques de conservation *in situ* et *ex situ* qui soutiennent les moyens d'existence des agriculteurs.¹⁴⁸

Duplication de sécurité

Les détails sur le nombre d'entrées de pomme de terre pour lesquelles on a réalisé la duplication de sécurité sont insuffisants.¹⁴⁹

Documentation, caractérisation et évaluation

Les bases de données des collections nationales sont incomplètes et inaccessibles. Il est nécessaire de mettre en place des initiatives pour documenter et pour caractériser les collections *in situ* des espèces sauvages et des espèces cultivées et leur diversité infraspécifique en tant que base pour des recherches futures sur l'érosion génétique, sur la perte d'espèces, sur la dérive génétique et sur l'intégrité génétique.¹⁵⁰

Utilisation

Les sélectionneurs préfèrent utiliser le matériel génétique adapté de *Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*, la pomme de terre la plus courante, ou le matériel de recherche ayant des propriétés intéressantes.¹⁵¹ Le matériel génétique exotique a été utilisé avec beaucoup de succès bien que, par rapport à la grande abondance de matériels disponibles, on en ait utilisé relativement peu.

La quantité considérable de matériel génétique de la pomme de terre distribué aux utilisateurs indique son emploi répandu. Cependant, la distribution est très différente entre les banques de gènes: les entrées distribuées varient entre 23 et 7 630 par année.¹⁵² Malheureusement, les destinataires ou utilisateurs ne fournissent pas un retour constant d'information sur l'évaluation du matériel génétique requis à la banque de gènes qui a fourni le matériel.¹⁵³ La contrainte la plus grave dans l'utilisation des collections consiste dans le manque d'informations sur les entrées, surtout les données de caractérisation et d'évaluation.¹⁵⁴ Il est nécessaire de consacrer plus d'attention pour assurer le retour et le classement de ces données dans l'intérêt des banques de gènes qui ont fourni le matériel et, enfin, dans l'intérêt de tous les utilisateurs.¹⁵⁵

C'est le secteur public national qui utilise le plus souvent le matériel génétique, mais certaines banques de gènes fournissent de grandes quantités d'entrées au secteur privé (entreprises de sélection). En Amérique du Sud et au Canada, les agriculteurs et les ONG emploient de façon intensive le matériel génétique des banques de gènes nationales. Cependant, certaines de ces banques distribuent un nombre considérable d'entrées aux utilisateurs à l'étranger. Les ONG et

APPENDICE 4

les agriculteurs se servent des cultivars primitifs et des anciennes variétés, souvent pour la production à la ferme et, grâce à cette activité, contribuent à la conservation *in situ* (régénération, évaluation et entreposage) du matériel génétique.¹⁵⁶

Un outil technologique pouvant améliorer l'utilisation du matériel génétique serait représenté par des pochettes d'essais pour la protection contre les virus à utiliser de façon plus répandue.¹⁵⁷

A4.2.7 État des ressources génétiques de la patate douce

Depuis 1996, le rendement de la patate douce a été très inégal d'une année sur l'autre, avec une tendance générale à la baisse (figure A4.2). En 2008, la patate douce (*Ipomoea batatas*) était cultivée sur une superficie récoltée de 8 millions d'hectares, avec une production mondiale de 110 millions de tonnes.¹⁵⁸ Les principaux producteurs de patate douce en 2007 étaient la Chine (77 pour cent de la production mondiale), le Nigeria (3 pour cent), l'Ouganda (2 pour cent), l'Indonésie (2 pour cent) et le Viet Nam (1 pour cent).

Le genre comprend entre 600 et 700 espèces dont la patate douce est la seule cultivée. Plus de 50 pour cent se trouvent dans la région des Amériques. La patate douce et 13 espèces sauvages *Ipomoea* étroitement apparentées appartiennent à la section *Batatas*; toutes, à l'exception d'*I. littoralis*, sont endémiques de ce continent.¹⁵⁹

État de la conservation ex situ

Au niveau mondial, 35 500 entrées des ressources génétiques de la patate douce sont conservées, dont 80 pour cent dans moins de 30 collections.¹⁶⁰ Ces entrées comprennent les variétés locales, le matériel amélioré, et les espèces sauvages *Ipomoea*. La collection mondiale détenue auprès du CIP, au Pérou, comprend les entrées de 57 pays. Le Pérou et d'autres pays de l'Amérique du Sud et des Caraïbes (centres primaires de la diversité de la patate douce) sont les principaux bailleurs.¹⁶¹ Cependant, les activités de collecte au cours des dix dernières années ont uniquement produit 1 041 entrées, dont la plupart

étaient des matériels améliorés, et ensuite des variétés locales.¹⁶²

Quelque 162 espèces sauvages apparentées sont conservées dans cinq collections, en tant que semences. Les initiatives de conservation se concentrent en particulier sur les treize espèces qui sont étroitement apparentées.¹⁶³

Lacunes et priorités

Le chapitre 3 signale que les lacunes graves en matière de géographie et de caractères dans les collections de la patate douce ont déjà été identifiées.

Il existe des retards dans la régénération pour la plupart des collections et 50 à 100 pour cent des entrées de certaines collections ont besoin d'une régénération avec urgence. Pour les collections qui préservent les entrées sauvages, 20 à 100 pour cent des taxons requièrent une régénération des semences avec urgence. De nombreuses collections ne disposent pas de capacités nécessaires pour une régénération *in vitro* ou pour des conditions de conservation dans les serres.¹⁶⁴ La plupart des collections montrent des inconvénients et des contraintes dans des aspects comme la santé des plantes, la documentation, la régénération et la duplication de sécurité.¹⁶⁵

Documentation, caractérisation et évaluation

La moitié des collections possèdent des bases de données informatiques et très peu sont accessibles par Internet. Il est nécessaire de standardiser les données.¹⁶⁶

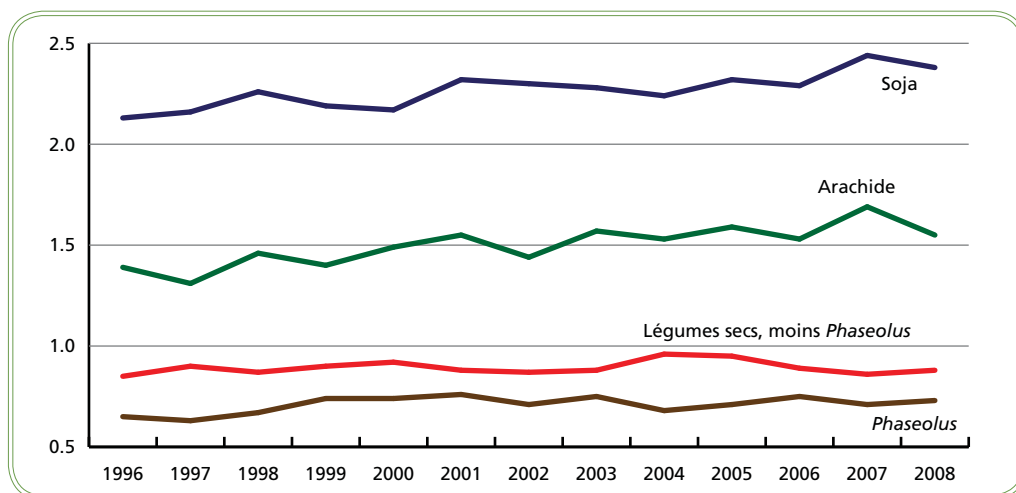
Utilisation

L'optimisation des protocoles de conservation améliorerait l'utilisation.¹⁶⁷

Fonction de la culture dans les systèmes de production durable

La patate douce est une plante tropicale pérenne cultivée, dans les climats tempérés, comme plante annuelle; elle est cultivée dans plus de 100 pays.¹⁶⁸

FIGURE A4.3
Rendements de légumineuses choisies (tonnes par hectare), au niveau mondial



Source: FAOSTAT 1996/2008

A4.2.8 État des ressources génétiques du haricot

Depuis 1996, le rendement du haricot (*Phaseolus vulgaris*) a été essentiellement stable (figure A4.3). En 2008, le haricot sec était cultivé sur une superficie récoltée de 28 millions d'hectares avec une production mondiale de 20 millions de tonnes (à l'exclusion de la production provenant des cultures intercalaires).¹⁶⁹ Les six premiers producteurs sont l'Inde (19 pour cent de la production mondiale), le Brésil (17 pour cent), le Myanmar (12 pour cent), les États-Unis d'Amérique et le Mexique (6 pour cent) et la Chine (5 pour cent).

Le pool de gènes du haricot se compose de cultivars et de formes sauvages de *P. vulgaris*. Le pool de gènes primaire possède deux composantes géographiques distinctes: la zone andine et la zone mésoaméricaine. On présume que la domestication ait eu lieu dans chaque zone de façon indépendante. Le pool de gènes secondaire se compose de *P. costaricensis*, *P. coccineus*, et *P. polyanthus*, et les croisements de chacun avec le haricot commun ont pour résultat une descendance hybride sans devoir entreprendre des efforts de sauvetage d'embryon. Cette descendance

toutefois peut être partiellement stérile et il est peut-être difficile de récupérer des phénotypes stables du haricot commun. Le pool de gènes tertiaire se compose de *P. acutifolius* et de *P. parvifolius*, et les croisements de chacune de ces espèces avec le haricot commun requièrent le sauvetage d'embryons pour produire une descendance.^{170, 171}

État de la conservation ex situ

Le CIAT en Colombie est la principale collection mondiale et possède environ 14 pour cent des environ 262 000 entrées de haricot présentes dans les banques de gènes dans le monde.¹⁷²

Érosion et vulnérabilité génétiques

Plusieurs rapports nationaux signalent l'érosion génétique du haricot et, en général, des taxons associés¹⁷³ et, de façon plus spécifique, des cultivars qui ont disparu en raison de foyers de pathogènes,¹⁷⁴ de huit ans de sécheresses récurrentes,¹⁷⁵ et du remplacement par les variétés introduites.¹⁷⁶

APPENDICE 4

**A4.2.9 État des ressources génétiques
du soja**

Depuis 1996, le rendement du soja (*Glycine max* (L.) Merrill) a eu des hauts et des bas selon les années, mais dans l'ensemble la tendance a été à la hausse (figure A4.3). En 2008, le soja était cultivé sur une superficie récoltée de 97 millions d'hectares avec une production mondiale de 231 millions de tonnes.¹⁷⁷ Les cinq producteurs principaux de soja en 2008 étaient les États-Unis d'Amérique (35 pour cent de la production mondiale), le Brésil (26 pour cent), l'Argentine (20 pour cent), la Chine (7 pour cent) et l'Inde (4 pour cent).

Le genre *Glycine* comprend environ 20 espèces pérennes et annuelles distribuées surtout en Australie et en Asie. Le pool de gènes primaire se compose des formes cultivées de *G. max*, le soja sauvage annuel, de *G. soja* (considéré comme l'ancêtre du soja cultivé) et d'une espèce adventice, *G. gracilis*. Le centre de diversification se trouve en Chine, en Corée, au Japon et dans la région de l'Extrême Orient de la Fédération de Russie. Le pool de gènes secondaire se compose des autres espèces sauvages de *Glycine*, et l'on considère que le pool de gènes tertiaire est constitué des espèces de la tribu des légumineuses *Phaseoleae*.¹⁷⁸

État de la conservation ex situ

L'ICGR-CAAS préserve la principale collection mondiale et représente presque 14 pour cent des environ 230 000 entrées de soja dans les banques de gènes de la planète.¹⁷⁹ Le soja n'est pas une des cultures couvertes par le TIRPAA.¹⁸⁰

Érosion et vulnérabilité génétiques

Il a été démontré que la base génétique de la production de soja est étroite pour des régions comme la partie méridionale des États-Unis d'Amérique¹⁸¹ et le Brésil.¹⁸² En Chine, de nombreuses variétés locales cultivées traditionnellement ne se trouvent à présent que dans les banques de gènes.¹⁸³

Utilisation

En 2005, le besoin d'avoir des informations sur l'étendue et sur la distribution de la diversité au sein des variétés locales chinoises a été mis en évidence dans le cadre d'une initiative consacrée à estimer la variation génétique à l'intérieur et entre quatre provinces chinoises pour lesquelles les entrées étaient disponibles auprès du NPGR de l'USDA. Les marqueurs RAPD ont été utilisés avec dix variétés locales de chacune des quatre provinces divergentes du point de vue géographique. Il a été suggéré que ces marqueurs pourraient être utiles dans la génération d'une collection de référence, mais la représentation inégale de certaines provinces dans la banque de gènes des États-Unis d'Amérique aurait pour résultat la sous-représentation de certaines zones géographiques dans toute collection rassemblée dans ce pays.¹⁸⁴

La distribution des variétés locales en Chine et leur représentation considérable dans la banque de gènes chinoise ont fourni une opportunité pour évaluer la structure génétique des populations dans le pool de gène primaire du soja. L'analyse de la diversité génétique et de la différenciation génétique a été réalisée sur 59 loci SSR de 1 863 variétés locales chinoises. L'objectif était d'obtenir des informations utiles pour la gestion efficace du matériel de la banque de gènes et de faciliter l'utilisation effective des variétés locales pour l'amélioration du soja. Les loci SSR ont généré 1 160 allèles et identifié sept regroupements parmi les variétés locales. Le niveau élevé de diversité génétique suggère que les variétés locales représenteront d'importantes sources pour l'amélioration des cultivars de soja. Les allèles rares identifiés se trouvaient dans les loci qui avaient un polymorphisme élevé et des potentialités d'utilisation dans la catégorisation des collections de matériel génétique et en tant que marqueurs uniques. La rareté des allèles dans des loci multiples dans les variétés locales d'un regroupement donné suggère leur isolement des autres variétés locales et également qu'elles peuvent abriter des allèles rares pour des caractères aussi fonctionnels.¹⁸⁵

En Chine, on a réuni une collection de référence qui est utilisée en tant que base pour la sélection du soja assistée par marqueurs.¹⁸⁶

A4.2.10 État des ressources génétiques de l'arachide

Depuis 1996, le rendement de l'arachide (*Arachis hypogaea*) a eu des hauts et des bas selon les années, mais dans l'ensemble la tendance a été à la hausse (figure A4.3). En 2008, l'arachide était cultivée sur une superficie récoltée de 25 millions d'hectares avec une production mondiale de 38 millions de tonnes.¹⁸⁷ Les cinq principaux producteurs d'arachide en 2008 étaient la Chine (38 pour cent de la production mondiale), l'Inde (19 pour cent), le Nigeria (10 pour cent), les États-Unis d'Amérique (6 pour cent) et le Myanmar (3 pour cent). L'arachide (connue également sous le nom de cacahuète) fournit une huile comestible de haute qualité (36 à 54 pour cent) et des protéines facilement digestibles (12 à 36 pour cent). Il s'agit d'une culture importante, cultivée comme légumineuse à grains ou bien comme graine oléagineuse dans 113 pays.¹⁸⁸ L'arachide est une espèce allotétraploïde ($2n = 4x = 40$) que l'on croit originaire de la région de l'Amérique du Sud dans les parties méridionales de l'État plurinational de Bolivie et les parties nord-occidentales de l'Argentine.¹⁸⁹ Le genre *Arachis* comprend 80 espèces placées dans neuf sections. La section *Arachis* contient l'arachide cultivée. Les espèces sauvages diploïdes *Arachis* en Amérique du Sud représentent des sources génétiques prometteuses de résistance aux ravageurs et aux maladies pour les programmes de sélection de l'arachide.^{190, 191}

État de la conservation *in situ*

La régénération des espèces sauvages apparentées à l'arachide est problématique. L'idéal serait de développer des stratégies pour la conservation *in situ* des taxons sauvages de l'arachide.¹⁹²

État de la conservation *ex situ*

La collection d'arachide la plus importante est celle de l'ICRISAT, avec 15 419 entrées (12 pour cent des 128 461 entrées dans le monde). Les autres organisations qui détiennent un nombre considérable d'entrées sont l'ARS de l'USDA aux États-Unis

d'Amérique, le NBPGR en Inde, l'INTA en Argentine et l'ICGR-CAAS en Chine.¹⁹³

Érosion et vulnérabilité génétiques

Dans plusieurs pays, de nombreuses variétés locales et espèces sauvages sont affectées par l'érosion, en raison de l'introduction des variétés améliorées, de l'urbanisation et des catastrophes naturelles.¹⁹⁴ De façon plus spécifique, il est nécessaire d'élaborer des stratégies de collecte et de conservation concentrées sur la géographie et sur l'habitat des espèces sauvages diploïdes *Arachis* à génome A et B de l'Amérique du Sud. Dans ces pays, plusieurs de ces espèces sont en danger d'extinction et ne sont pas représentées de façon adéquate dans les collections existantes.¹⁹⁵

Duplication de sécurité

L'ICRISAT a proposé la duplication de sa collection d'arachide pour la déposer à la SGSV et a, jusqu'à présent, envoyé 4 550 entrées.¹⁹⁶

Documentation, caractérisation et évaluation

La plus importante collection d'arachide préserve les bases de données pour les données passeport, de caractérisation, d'inventaire et de distribution.¹⁹⁷ Environ 97 pour cent des entrées cultivées ont été caractérisées pour 50 caractéristiques morphologiques et agronomiques.¹⁹⁸

Utilisation

Les collections de référence (10 pour cent de toute la collection) et les minicollections de référence (10 pour cent de la collection de référence, 1 pour cent de toute la collection) ont été établies auprès de l'ICRISAT. La minicollection de référence, qui comprend 184 entrées, sert d'entrée pour l'utilisation des ressources génétiques de l'arachide dans les programmes d'amélioration de la culture. En utilisant la minicollection de référence, il a été possible d'identifier le matériel génétique ayant les caractères spécifiques pour la résistance à la sécheresse, à la salinité et aux basses températures, et pour les caractères de qualité agronomique et des semences.¹⁹⁹

APPENDICE 4

Fonction de la culture dans les systèmes de production durable

Plus des deux tiers de la production mondiale de l'arachide a lieu dans les régions pluviales saisonnières. L'arachide s'adapte aux différents systèmes de cultures. L'évaluation stratégique des entrées de matériel génétique de l'arachide ainsi que l'amélioration génétique seront importantes pour accroître la sécurité alimentaire, réduire la pauvreté et protéger l'environnement.²⁰⁰

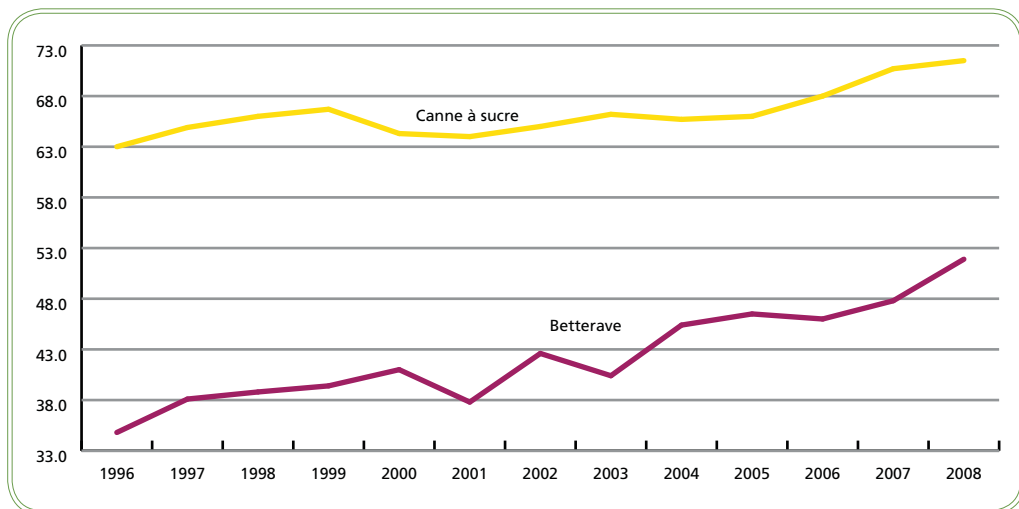
A4.2.11 État des ressources génétiques des principales plantes saccharifères

La canne à sucre (*Saccharum officinarum*) et la betterave (*Beta vulgaris*) sont les deux principales espèces utilisées pour la production du sucre. Le rendement mondial de la canne à sucre, qui représente environ 70 pour cent du sucre produit, a beaucoup varié depuis 1996 avec une période de faible rendement entre 2000 et 2003, qui s'est toutefois conclue par une hausse nette

(figure A4.4). En 2008, la canne à sucre était cultivée sur une superficie récoltée de 24 millions d'hectares avec une production mondiale de 1 743 millions de tonnes.²⁰¹ Les six producteurs principaux de canne à sucre en 2008 étaient le Brésil (37 pour cent de la production mondiale), l'Inde (20 pour cent), la Chine (7 pour cent), la Thaïlande (4 pour cent) et le Pakistan et le Mexique (3 pour cent chacun).

La cytotaxonomie et les relations entre les espèces qui ont généré ce qu'on appelle aujourd'hui la plante de canne à sucre sont complexes. La culture a une origine hybride, l'état taxonomique du genre n'est pas établi et les événements de domestication sont probablement multiples.²⁰² Par conséquent, les définitions du pool de gènes sont tout aussi compliquées. Une présentation établit qu'il y a quatre espèces dans le genre *Saccharum*: *S. officinarum*, la canne 'typique' du genre, inconnue à l'état sauvage; *S. robustum*, l'ancêtre sauvage de *S. officinarum*; *S. spontaneum*, un ancêtre sauvage plus primitif que *S. robustum*; et *S. barberi*, d'origine incertaine, une possibilité étant une origine hybride. On suppose deux origines distinctes pour la domestication: l'Inde et la Papouasie-Nouvelle-Guinée.²⁰³ Ces quatre

FIGURE A4.4
Rendements de plantes saccharifères (tonnes par hectare), au niveau mondial



Source: FAOSTAT 1996/2008

espèces comprendraient le pool de gènes primaire de la canne à sucre et les cultivars qui sont à présent surtout d'origine hybride provenant des croisements entre *S. officinarum* et une des autres espèces. En général, les plantules hybrides sont plus résistantes aux maladies et s'adaptent mieux aux variations climatiques que *S. officinarum*.²⁰⁴

Il est possible d'accéder à un pool de gènes élargi, appelé le complexe *Saccharum*, qui comprend d'autres genres que l'on croit aujourd'hui impliqués dans l'origine de la canne à sucre: *Erianthus*, *Ripidium*, *Sclerostachya*, *Narenga*, et probablement *Miscanthus*.²⁰⁵ Les espèces sauvages de *Saccharum* et les genres apparentés *Erianthus* et *Miscanthus* ont eu des fonctions importantes dans la production des variétés améliorées de canne à sucre. Leur fonction dans l'amélioration de la canne à sucre augmentera car les sélectionneurs essaient de produire une canne riche en énergie.

La production de la betterave n'avait pas été analysée dans le *Premier Rapport*, mais son rendement mondial a également été très varié depuis 1995 avec des perturbations entre 2000 et 2003. En 2006, l'augmentation de la production a été nette (figure A4.4). En 2008, la betterave était cultivée sur une superficie récoltée de 4,4 millions d'hectares avec une production mondiale totale de 227 millions de tonnes.²⁰⁶ Les cinq premiers producteurs de betterave en 2008 étaient la France et la Fédération de Russie (chacune avec 13 pour cent de la production mondiale), les États-Unis d'Amérique (12 pour cent), l'Allemagne (10 pour cent) et la Turquie (7 pour cent).

La base génétique de la betterave (à pollinisation libre) est considérée étroite. Son géniteur direct est la betterave sauvage, une sous-espèce intraspécifique de la plante cultivée.²⁰⁷ Le pool de gènes primaire est l'espèce dans la section *Beta* du genre *Beta*, où la culture est également classée; deux autres des quatre sections du genre comprennent le pool de gènes secondaire (*Corollinae* et *Nanae*), et la quatrième section *Procumbentes* comprend le pool de gènes tertiaire.²⁰⁸

État de conservation ex situ

La collection de matériel génétique de la canne à sucre du Centro de Tecnologia Canavieira au Brésil est

la collection la plus grande au niveau mondial, avec 12 pour cent des environ 41 000 entrées mondiales; l'Instituto Nacional de Investigación de la Caña de Azúcar à Cuba est le deuxième avec 9 pour cent.²⁰⁹

La collection de matériel génétique de la betterave de l'USDA aux États-Unis d'Amérique est la collection la plus grande au niveau mondial, avec 11 pour cent des environ 22 500 entrées mondiales; la banque de gènes du Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research en Allemagne et l'Institute for Field and Vegetable Crops en Serbie la suivent de près, avec 10 pour cent des entrées chacun.²¹⁰

Erosion et vulnérabilité génétiques

En Belgique, il y a eu une réduction des variétés cultivées de betterave.²¹¹

A4.2.12 État des ressources génétiques de la banane et de la banane plantain

Depuis 1996, les rendements de la banane et de la banane plantain (espèces du genre *Musa*) ont été légèrement variables, mais à la fin les augmentations ont été nettes (figure A4.5). En 2008, les bananes et les bananes plantains étaient cultivées sur des superficies récoltées de 5 millions d'hectares chacune, pour un total de 10,2 millions d'hectares, avec une production mondiale de 125 millions de tonnes (90 et 34 millions de tonnes respectivement).²¹² Les six plus importants producteurs de banane étaient en 2008 l'Inde (26 pour cent de la production mondiale), les Philippines (10 pour cent), la Chine (9 pour cent), le Brésil (8 pour cent) et l'Équateur (7 pour cent). Pour la banane plantain, les principaux producteurs étaient l'Ouganda (27 pour cent de la production mondiale), la Colombie (10 pour cent), le Ghana, le Rwanda et le Nigeria (8 pour cent chacun).

Le genre *Musa* représente un groupe d'environ 25 espèces forestières, divisées en quatre sections, distribuées entre l'Inde et le Pacifique, du nord au Népal, et jusqu'à la pointe septentrionale de l'Australie. Le genre appartient à la famille *Musaceae*, qui comprend également quelque sept espèces d'*Ensete* et probablement un troisième gène monotypique *Musella*,

APPENDICE 4

qui est étroitement apparenté à *Musa*. On pense que *Musa acuminata* subsp. *banksii* est l'ancêtre parental de la majorité des cultivars de banane comestible, et qu'il a donné ce qu'on appelle le génome 'A', tandis que *Musa balbisiana* a donné le génome 'B' à plusieurs groupes de cultivars de banane et à toutes les bananes plantains. La plus grande partie du pool de gènes se présente sous la forme de 12 types de cultivars ou de groupes génomiques.²¹³

Une deuxième région de diversité se trouve en Afrique où les cultures ont été introduites il y a quelque 3 000 ans et elles ont donné lieu à plus de 60 types pour la cuisson dans les hautes-terres de l'Afrique orientale et à 120 types de bananes plantains en Afrique occidentale et centrale.²¹⁴ Un autre groupe de banane comestible, connu comme banane Fe'l, se trouve uniquement dans le Pacifique. Son origine génétique est obscure, mais des études taxonomiques suggèrent des liens ancestraux avec les espèces sauvages *Musa maclayi* ou *M. lododensis*.²¹⁵

État de la conservation ex situ

D'après certaines informations, environ 13 000 entrées de *Musa* sont conservées ex situ. Trente-neuf collections, dans le monde entier, conservent plus de 100 entrées chacune. Au total, elles représentent 77 pour cent du nombre total d'entrées *Musa* conservées ex situ.²¹⁶

Les espèces sauvages offrent des potentialités de diversité génétique pour les caractères comme la résistance aux stress abiotiques et la tolérance au froid, à l'engorgement et à la sécheresse.²¹⁷ Les espèces sauvages apparentées représentent actuellement 7 pour cent de la collection mondiale.²¹⁸

La grande majorité des presque 60 collections nationales consacrées à *Musa* gèrent la plupart de leurs entrées en tant que plantes à grandeur nature dans les collections de terrain. Dans le cadre d'une étude du GCDT, 25 collections de terrain ont été analysées et il a été signalé qu'elles détiennent un peu plus de 6 000 entrées au total. Parmi ces institutions, 15 détiennent des collections *in vitro* qui contiennent un peu plus de 2 000 entrées. De plus, le Transit Center (ITC) de l'INIBAP détient 1 176 autres entrées *in vitro*. Les collections *in vitro* sont utilisées pour la

duplication de sécurité des collections de terrain et pour la multiplication rapide et la diffusion de matériel végétal indemne de maladies. Environ 13 collections nationales ont été également reconnues au niveau international et plusieurs contribuent aux objectifs de conservation à long terme de la collection mondiale de l'ITC.²¹⁹

Deux protocoles de cryoconservation sont disponibles pour une gamme de groupes de cultivars de banane et l'ITC met en œuvre à présent un programme pour la cryoconservation de toute sa collection en tant qu'alternative plus rentable de sauvegarde.²²⁰

Érosion et vulnérabilité génétiques

Une grande partie des collections nationales de banane est en voie de détérioration en raison des limitations dans la gestion.²²¹ Les impacts des ouragans à Grenade ont eu pour résultat de graves pertes dans la production de banane, qui est une des trois principales cultures traditionnelles.

Lacunes et priorités

Il est signalé au chapitre 3 que la banane et la banane plantain disposent d'une des meilleures estimations de la couverture du pool de gènes disponibles. On sait qu'environ 300 à 400 cultivars clés sont absents de l'ITC, notamment 20 bananes plantains de l'Afrique, 50 *Callimusa* de Bornéo, 20 à 30 *M. balbisiana* et 20 autres types de l'Inde et de la Chine, 10 entrées de Myanmar, 40 types sauvages de la Thaïlande et de l'Indonésie et jusqu'à 100 types sauvages du Pacifique.

Les espèces sauvages représentent environ 7 pour cent des collections et les variétés améliorées environ 19 pour cent.²²² Les nouvelles espèces et variétés sauvages continuent d'être décrites et sont représentées de façon inappropriée dans les collections. Les menaces soulevées par la destruction de l'habitat et le remplacement ou la perte des cultivars traditionnels intensifient l'urgence de mettre en place des initiatives de collecte et de conservation. Il est nécessaire de disposer de quantités plus importantes de matériel pour lequel l'indexage des virus ait été réalisé à l'intérieur des

régions.²²³

Duplication de sécurité

La duplication de sécurité des collections de terrain est réalisée avec les collections *in vitro*.²²⁴

Utilisation

Il est prioritaire d'obtenir des informations de meilleure qualité sur les descripteurs et sur la caractérisation pour faciliter l'utilisation du matériel génétique de la banane. En outre, l'élaboration et la mise en œuvre des protocoles de cryoconservation pour les entrées de banane les rendraient plus accessibles pour l'utilisation.²²⁵ Bien que les chercheurs et les cultivateurs demandent la diversité, de nombreuses collections nationales et de grandes parties des collections principales sont sous-utilisées. Par exemple, 70 pour cent des entrées de la collection de l'ITC n'ont pas été requises et sont inutilisées. La documentation inappropriée des collections²²⁶ en est une raison partielle.

La plupart des collections nationales échangent régulièrement, ou de temps à autre, le matériel génétique avec l'ITC et depuis son établissement, il a distribué plus de 60 000 échantillons de matériel génétique de 450 entrées à 88 pays. Les entrées sont fournies gratuitement, mais uniquement un maximum de cinq plantes est disponible par entrée. Certaines collections nationales et régionales distribuent également aux utilisateurs internationaux. La plupart des collections nationales sont directement associées aux initiatives de sélection et plusieurs fournissent directement le matériel aux agriculteurs.²²⁷

A4.3 État de la diversité des cultures secondaires

A4.3.1 État des ressources génétiques du millet

Depuis 1996, le rendement des millets n'a augmenté que légèrement (figure A4.1). Les millets étaient cultivés

sur une superficie récoltée de 35 millions d'hectares avec une production mondiale de 33 millions de tonnes (2008).²²⁸ Il s'agit souvent de cultures à double emploi (consommation humaine et aliments pour animaux) et elles sont d'importantes denrées alimentaires de base en Afrique et en Inde. Les principaux producteurs en 2008 étaient l'Inde (32 pour cent de la production mondiale), le Nigeria (25 pour cent), le Niger (11 pour cent), la Chine (5 pour cent), le Burkina Faso (4 pour cent) et le Mali (3 pour cent).²²⁹ Les millets comprennent le millet principal, le mil à chandelle (*Pennisetum* spp.), et les millets secondaires comme le millet élusine (*Eleusine coracana*), le millet japonais (*Echinochloa frumentacea*), le millet commun ou mil (*Panicum miliaceum*), le millet des oiseaux (*Setaria italica*).

État de conservation ex situ

La principale collection de mil à chandelle se trouve auprès de l'ICRISAT, avec 33 pour cent des environ 65 400 entrées des banques de gènes dans le monde.²³⁰ L'ICR-CAAS en Chine préserve 56 pour cent des environ 46 600 entrées mondiales de *Setaria*. L'NBPGR en Inde préserve la plus grande collection d'*Eleusine*, avec 27 pour cent des environ 35 400 entrées mondiales. Le NIAS au Japon détient la plus grande collection de *Panicum*, avec 33 pour cent des environ 17 600 entrées des banques de gènes dans le monde. L'ICRISAT conserve 10 193 entrées des six espèces mineures de millets.²³¹

Érosion et vulnérabilité génétiques

Un certain nombre d'études et de rapports attirent l'attention sur la réduction de la diversité des variétés des agriculteurs et des variétés locales cultivées: les variétés traditionnelles de mil à chandelle au Niger ont diminué car les agriculteurs ont adopté les variétés améliorées;²³² l'absence d'un système d'alerte précoce menace la diversité des cultures indigènes de millets;²³³ la comparaison entre le nombre de variétés locales de millet élusine qui se trouve à présent et le nombre d'il y a dix ans indique une érosion génétique grave;²³⁴ on a assisté à une disparition graduelle des variétés locales des millets cultivés, comme *Paspalum scrobiculatum*, *Setaria italica*, et *Panicum miliare*;²³⁵ le riz remplace le millet;²³⁶ et les variétés moderne à rendement élevé

APPENDICE 4

de plusieurs espèces de millet remplacent les variétés traditionnelles.²³⁷

Lacunes et priorités

A l'identification des lacunes dans les collections de matériel génétique est nécessaire pour compléter les collections et organiser des recherches pour des entrées supplémentaires. Pour le mil à chandelle, l'évaluation géographique indique des lacunes au Burkina Faso, au Ghana, au Mali, en Mauritanie, au Nigeria et au Tchad.

Duplication de sécurité

Au total, 8 050 entrées de mil à chandelle sont conservées en tant que sauvegarde de sécurité dans la SGSV, en Norvège. Les entrées restantes seront transférées dans un avenir proche. L'ICRISAT a proposé de déposer toute la collection de petit millet à la SGSV et il a envoyé jusqu'à présent 6 400 entrées.²³⁸

Documentation, caractérisation et évaluation

L'ICRISAT gère les bases de données pour les données passeport, pour les données de caractérisation, d'inventaire et de distribution pour les collections de mil à chandelle et de petits millets.²³⁹

Utilisation

La mise en place des collections²⁴⁰ et des minicollections de référence a été réalisée pour améliorer l'utilisation du matériel génétique du mil à chandelle. En raison de leur taille réduite, les ensembles des collections et des minicollections de référence ont été évalués et caractérisés avec précision, et les entrées utiles de caractères spécifiques ont été identifiées pour l'utilisation dans les programmes de sélection afin de mettre au point des cultivars avec une base génétique élargie. Les collections et les minicollections de référence de millet éléusine et de millet des oiseaux²⁴¹ ont été constituées auprès de l'ICRISAT et le matériel génétique de caractères spécifiques a été identifié pour la maturation précoce, pour le rendement élevé, pour le fer (Fe), pour le zinc (Zn), pour le

calcium (Ca) et pour les contenus en protéines, ainsi que pour la tolérance à la sécheresse et à la salinité.

A4.3.2 État des ressources génétiques des racines et tubercules, autres que le manioc, la pomme de terre et la patate douce

Depuis 1996, le rendement des racines et tubercules autres que celles qui ont été mentionnées ci-dessus, pris en compte de façon distincte, semble avoir augmenté jusqu'en 2006; en 2007 il y a eu une chute du rendement qui a été partiellement récupérée l'année suivante (figure A4.2). En 2008, les racines et tubercules autres que le manioc, la pomme de terre et la patate douce,²⁴² étaient cultivés sur une superficie récoltée de 8 millions d'hectares avec une production mondiale de 72 millions de tonnes.²⁴³ Les sept principaux producteurs en 2008 étaient le Nigeria (56 pour cent de la production mondiale), la Côte d'Ivoire (10 pour cent), le Ghana et l'Éthiopie (7 pour cent chacun) et le Bénin, la Chine et le Cameroun (2 pour cent chacun).

Le taro (*Colocasia esculenta*) et l'igname (espèces de *Dioscorea*) représentent la majeure partie de ce mélange de racines et tubercules. Les autres sont l'ulluque (*Ullucus tuberosus*), le chou caraïbe (*Xanthosoma sagittifolium*), et le taro géant des marais (*Cyrtosperma paeonifolius*) d'importance régionale dans les Andes, en Afrique occidentale et en Mélanésie, respectivement. Prises individuellement, ces cultures sont secondaires si on les considère à l'échelle mondiale. Par conséquent, la recherche sur la diversité, sur la biologie de base et sur les relations des espèces a été minime. Les connaissances plus importantes sont celles qui concernent le taro. Le taro a deux pools de gènes majeurs: les régions de l'Asie du Sud-Est et le Pacifique du Sud-Ouest.²⁴⁴

État de la conservation ex situ

Les collections de semences ne font partie d'aucune stratégie de conservation des aracées.²⁴⁵ Pour le **taro**, la plupart des collections sont entièrement des collections de terrain, avec une utilisation limitée

de la conservation *in vitro*. Ces collections souffrent de pertes, surtout en raison des maladies et des pertes progressives au cours des années. Les risques principaux sont les coûts élevés d'entretien et les différents stress biotiques et abiotiques.²⁴⁶

Les collections de taro ont été réunies dans de nombreux pays du Pacifique et de l'Asie du Sud-Est dans le cadre, respectivement, des projets TaroGen et Taro Network for Southeast Asia and Oceania (TANSO). À partir des 2 300 entrées du TANSO (complètes de données passeport et de caractérisation), une collection de référence de 168 entrées a été sélectionnée sur la base des données morphologiques et d'ADN pour représenter la diversité de la région.²⁴⁷ TaroGen a réalisé un travail semblable dans le Pacifique et la collection de référence régionale est conservée *in vitro* au Centre for Pacific Crops and Trees auprès du secrétariat de la Communauté du Pacifique, aux Fidji.

Il existe également des collections de taro en Chine et en Inde et elles sont caractérisées du point de vue morphologique, mais aucune information moléculaire n'est disponible et aucune collection de référence n'a été établie.²⁴⁸

D'après certaines informations, les collections *ex situ* de taro représentent au total environ 7 300 entrées.²⁴⁹

Erosion et vulnérabilité génétiques

Au cours des dix dernières années, le nombre de variétés des agriculteurs et d'espèces sauvages du taro ont baissé au niveau mondial, les menaces des maladies et le remplacement dans la production par la patate douce (dans le Pacifique) sont parmi les raisons de la réduction de diversité de la culture du taro dans le monde.²⁵⁰ De même, on signale d'autres diminutions de la diversité au niveau national: les espèces sauvages d'igname sont considérées comme proches à la disparition.²⁵¹

L'érosion de la diversité de l'igname se produit tant dans les zones traditionnelles de culture que dans la nature.²⁵² La diversité indigène du chou caraïbe est menacée en raison de l'absence d'un système d'alerte précoce pouvant évaluer l'érosion génétique.²⁵³ La filière de commercialisation pour certaines cultures (par exemple, les espèces de *Colocasia* et de *Xanthosoma*) est très faiblement développée et la sous-évaluation des variétés de cultures locales a contribué en partie

à la perte de diversité de ces cultures.²⁵⁴ Une étude réalisée dans plusieurs régions du Pérou signale que l'érosion génétique a lieu dans les espèces cultivées de truffette acide, d'ulluque et de capucine tubéreuse ainsi que dans certaines espèces sauvages apparentées.²⁵⁵ Il existe de l'érosion génétique dans les espèces d'igname autres que *Dioscorea alata* et le manioc, attribuée à l'acculturation, à l'industrialisation et à la déforestation.²⁵⁶ Dans son rapport national, la Papouasie-Nouvelle-Guinée affirme que toutes les racines sont menacées en raison du remplacement par la culture du riz et de la perte des croyances traditionnelles. De façon spécifique, le taro est menacé par le scarabée du taro, l'igname par les pénuries de main-d'œuvre et par le remplacement à cause de l'introduction de l'igname africaine, et le chou caraïbe par la maladie des fentes.²⁵⁷ Les catastrophes d'origine météorologique peuvent avoir des responsabilités dans la perte des cultivars. Avant l'ouragan Ivan en 2004, l'île de Grenade était autosuffisante pour ce qui était de la production de racines et tubercules, tandis que depuis cette production s'est considérablement réduite.²⁵⁸

Lacunes et priorités

Il est nécessaire de réunir d'autres espèces sauvages apparentées. Il existe des lacunes dans les collections des espèces sauvages de taro, surtout pour le taro sauvage et le taro géant des marais.²⁵⁹

Plusieurs sources mettent en évidence le besoin de financer et d'organiser des réseaux en faveur des nombreuses cultures de racines et tubercules pour l'étude et pour la conservation rentables et efficaces de ces différents taxons, surtout parce que certaines (par exemple, taro) ne sont couvertes par aucun centre du GCRAI.

Duplication de sécurité

Il existe une collection de référence du taro qui est dupliquée de façon adéquate. La seule collection de taro géant des marais est une collection de terrain et requiert la duplication (de préférence *in vitro*).²⁶⁰

Documentation, caractérisation et évaluation

APPENDICE 4

Les principales bases de données internationales ne comprennent pas d'aracées comestibles, et dans le cas où l'information existe, elle est souvent obsolète.²⁶¹

Utilisation

La faible utilisation du taro et des autres collections d'aracées en a entraîné leur vulnérabilité. Une meilleure coordination entre les programmes d'amélioration et les collections est nécessaire. Les protocoles de cryoconservation pour le taro amélioreraient la disponibilité du matériel génétique.²⁶² Les collections de taro de la plupart des pays ne sont pas utilisées dans les programmes d'amélioration, ce qui aggrave leur vulnérabilité en raison des coûts élevés de leur maintien. Les collections de taro font partie des programmes d'amélioration de la culture seulement en Inde, en Papouasie-Nouvelle-Guinée et à Vanuatu.²⁶³

L'intérêt de la recherche est considérable pour ce qui est des espèces sauvages apparentées à plusieurs cultures de racines et tubercules en raison de leur degré élevé de diversité allélique. Les marqueurs qui facilitent la sélection assistée par marqueurs sont prioritaires.²⁶⁴

Tous les pays qui détiennent des collections importantes distribuent le matériel génétique du taro à l'intérieur du pays, bien qu'en quantité modeste. Ils ne le distribuent pas au contraire à l'étranger, à l'exception de Vanuatu et du secrétariat du CePaCT aux Fidji. Les chercheurs, y compris les sélectionneurs, sont les destinataires les plus courants, plutôt que les agriculteurs et les agents de vulgarisation. La plupart des pays signalent que la quantité de matériel génétique distribuée est en hausse.²⁶⁵ Plus d'attention aux semences faciliterait l'utilisation des collections, notamment l'utilisation directe de la part des agriculteurs.

Fonction de la culture dans les systèmes de production durable

Dans tous les pays où il est cultivé, le **taro** joue un rôle important dans la sécurité alimentaire et nutritionnelle. Il a une valeur pour l'agriculture durable dans les zones centrales et d'altitude des Philippines et au Viet Nam. Le taro n'est pas seulement une importante culture vivrière à valeur culturelle élevée, il est également une culture de rente.²⁶⁶

Le taro géant des marais exerce une fonction importante dans la sécurité alimentaire et nutritionnelle en Mélanésie et dans les États fédérés de Micronésie.²⁶⁷

Pour certaines cultures, (par exemple, *Colocasia* spp. et *Xanthosoma* spp.), il existe des marchés spécialisés qui peuvent être renforcés pour fournir une source de revenus supplémentaire aux groupes vulnérables comme les femmes.²⁶⁸

A4.3.3 État des ressources génétiques des légumes secs, autres que Phaseolus

Depuis 1996, le rendement des légumes secs autres que les espèces *Phaseolus* a été plutôt stable au cours des années (figure A4.3). En 2008, les légumes secs,²⁶⁹ sans prendre en considération *Phaseolus*, étaient cultivés sur une superficie récoltée de 46 millions d'hectares avec une production mondiale de 41 millions de tonnes.²⁷⁰ Les dix principaux producteurs en 2008 étaient l'Inde (28 pour cent de la production mondiale), le Canada (12 pour cent), le Nigeria (7 pour cent), la Chine (6 pour cent), la Fédération de Russie, l'Éthiopie et l'Australie (4 pour cent chacun) et le Niger, la Turquie et le Myanmar (3 pour cent chacun).

La lentille (*Lens culinaris*) est l'une des cultures de base de l'agriculture. Elle a été domestiquée presque dans la même période que le blé et l'orge dans le Croissant fertile, une région qui s'étend de la Jordanie de nos jours vers le nord jusqu'à la Turquie et vers le sud-est jusqu'à la République islamique d'Iran. Une partie considérable de la production mondiale de la lentille est encore concentrée dans cette région. Cependant, les plus grands producteurs de lentilles sont l'Inde et le Canada. Le géniteur de la lentille est identifié dans la sous-espèce sauvage *L. culinaris* subsp. *orientalis*, qui ressemble à une miniature de la lentille cultivée avec des gousses qui s'ouvrent immédiatement après la maturation. La sélection des premiers agriculteurs autour de l'an 7000 avant J.C. a produit l'espèce cultivée avec des gousses indéhiscents et des semences non dormantes, un port plus droit et une augmentation considérable de la taille des semences et de la variété des couleurs. La culture s'est développée dans une gamme de

variétés adaptées aux différentes zones et aux préférences culturelles et contient des composantes nutritionnelles, des couleurs, des formes et des goûts uniques.²⁷¹

Les taxons contenus dans *L. culinaris* comprennent le premier pool de gènes de la lentille. Les trois autres espèces dans le genre constituent le pool de gènes secondaire/tertiaire. Toutes les quatre espèces sont diploïdes (2n=14), annuelles et autogames avec une fréquence faible de fécondation croisée.²⁷²

Le genre *Cicer* comprend 42 espèces sauvages et une espèce cultivée, le pois chiche ou pois pointu (*Cicer arietinum*). Le pois chiche est une culture d'importance relativement secondaire dans le marché mondial, mais il est extrêmement important dans le commerce local de nombreuses régions tropicales et subtropicales. Les populations de ce qui était botaniquement classé comme une espèce distincte de *C. arietinum* ont été trouvées par les botanistes dans la Turquie du sud-est et ont été appelées *C. reticulatum*. Cependant, on peut effectuer des croisements fertiles avec le pois chiche domestiqué qui lui ressemble du point de vue morphologique. Ces populations représentent probablement les formes sauvages de l'espèce cultivée, ce qui suggère que le pois chiche a été domestiqué dans la Turquie actuelle ou dans les parties septentrionales de l'Iraq ou de la République arabe syrienne.²⁷³

Le pool de gènes primaire du pois chiche se compose des variétés locales *C. reticulatum*, et *C. chinospermum*. Une des espèces du pool de gènes secondaire est *C. bijugum* qui est considérée prioritaire pour la collecte.²⁷⁴

Le genre *Vicia* est un grand genre avec 140 à 190 espèces, qui se trouve principalement en Europe, en Asie et en Amérique du Nord jusqu'aux régions tempérées de l'Amérique du Sud et aux régions tropicales de l'Afrique orientale. Le centre de diversité primaire pour le genre se trouve au Proche-Orient et au Moyen-Orient, avec un grand pourcentage d'espèces dans la région floristique irano-touranienne. Les êtres humains ont utilisé environ 34 des espèces. *V. faba* (fève) est cultivée principalement pour ses semences comestibles, tandis qu'un certain nombre d'autres espèces (*V. sativa*, *V. ervilia*, *V. articulata*, *V. narbonensis*,

V. villosa, *V. benghalensis* et *V. pannonica*) sont cultivées en tant que fourrage ou légumineuses à grains pour les animaux d'élevage, ou pour l'amendement des sols.²⁷⁵

Le géniteur sauvage et l'origine exacte de la fève sont inconnus. En pratique, une variation continue dans *V. faba* pour la plupart des caractères morphologiques et chimiques a été observée, ce qui rend difficile la différenciation des variétés.²⁷⁶

Le genre de la gesse *Lathyrus* comprend environ 160 espèces, principalement indigènes des régions tempérées de la planète, avec 52 espèces originaires de l'Europe, 30 de l'Amérique du Nord, 78 de l'Asie, 24 de l'Afrique tropicale orientale et 24 de l'Amérique du Sud tempérée. Cinq espèces de *Lathyrus* sont cultivées comme des légumes secs, c'est-à-dire qu'elles sont récoltées comme des semences à sec pour la consommation humaine: *L. sativus*, *L. cicera*, *L. ochrus* et, à un niveau moindre, *L. clymenum*. Une autre espèce qui est cultivée de temps en temps pour la consommation humaine, mais plutôt pour ses tubercules comestibles que pour ses grains, est *L. tuberosus*, appelée également gesse tubéreuse ou gland de terre.²⁷⁷

Le pois cajan (*Cajanus cajan*), originaire de l'Inde, est une importante culture légumineuse à grain des régions tropicales et subtropicales, cultivée dans environ 87 pays qui se trouvent entre les latitudes 30°N et 30°S. En 2008, la superficie récoltée était de 4,89 millions d'hectares.²⁷⁸ Il s'adapte bien aux différents climats et est cultivé principalement pour ses usages multiples. L'Inde est le producteur principal (75 pour cent de la production totale en 2008).²⁷⁹ Le pois cajan est la seule espèce cultivée du genre *Cajanus*; les autres 31 espèces sont sauvages. *Cajanus cajanifolius* est considéré comme le géniteur de l'espèce cultivée de pois cajan.

État de la conservation in situ

Les espèces pérennes de *Cicer* devraient être collectées avant l'extirpation, leur régénération est donc problématique. L'idéal serait d'élaborer des stratégies de conservation *in situ* pour ces taxons.²⁸⁰

Il est signalé dans la stratégie de conservation de *Vicia faba* du GCDT que l'établissement de mesures

APPENDICE 4

de conservation *in situ* a été recommandé pour les États membres qui s'occupent de *Vicia* sous-genre *Vicia* dans la région de la Méditerranée orientale, en particulier au Liban, en Iraq, dans la République arabe syrienne, dans la République islamique d'Iran, en Turquie et dans les républiques caucasiennes, avec des sites ciblés qui englobent les différentes préférences écogéographiques des taxons individuels. Les espèces au sein du sous-genre qui sont les plus menacées d'extinction se limitent à l'Israël, au Liban, à la République arabe syrienne et à la Turquie; la concentration la plus élevée de taxons potentiellement menacés se trouve dans la République arabe syrienne.²⁸¹

État de la conservation ex situ

La seule collection internationale de lentille est celle de l'ICARDA, qui est également la plus grande collection de matériel génétique de la lentille avec 19 pour cent du total des collections mondiales (58 405 entrées).²⁸² Il existe 43 autres collections nationales qui conservent plus de 100 entrées chacune.²⁸³ La plupart des entrées de la majorité de ces collections est représentée par des variétés locales qui sont réunies dans plus de 70 pays.²⁸⁴

Pareillement, la seule collection internationale de fève est celle de l'ICARDA, qui est également la plus grande collection de matériel génétique de la fève avec 21 pour cent du total des collections mondiales (43 695 entrées).²⁸⁵ Il existe 53 autres collections nationales qui conservent plus de 100 entrées chacune.²⁸⁶ La plupart des entrées de la majorité de ces collections est représentée par des variétés locales provenant de plus de 80 pays.²⁸⁷

Les deux collections mondiales de pois chiche (ICRISAT et ICARDA) détiennent environ 33 pour cent du total des collections mondiales (98 313 entrées). Il existe 48 autres collections nationales qui conservent plus de 100 entrées chacune. La plupart des entrées de la majorité de ces collections est représentée par des variétés locales provenant de plus de 75 pays.²⁸⁸ Bien que les collections des espèces sauvages de *Cicer* soient limitées par rapport à celles des espèces cultivées *C. arietinum*,²⁸⁹ elles sont potentiellement très importantes pour la recherche et pour l'amélioration de la culture.

La collection de gesse de l'ICARDA est la seule collection internationale et la deuxième collection de matériel génétique de la gesse par grandeur, avec 12 pour cent du total des collections mondiales (26 066 entrées). Elles sont constituées de quelques grandes collections et de plusieurs petites collections qui sont néanmoins fondamentales car elles possèdent un pourcentage élevé d'entrées indigènes.²⁹⁰ La collection détenue en France est la plus grande. Il existe environ 62 autres collections nationales dont le nombre d'entrées est supérieur à 50; les variétés locales et les matériels sauvages représentent la majorité des entrées qui proviennent d'environ 90 pays.²⁹¹

La majorité des collections de pois chiche, de gesse, de fève et de lentille mentionnent la disponibilité de conditions d'entreposage à long terme. Toutefois, il n'existe aucune certitude que des critères uniformes aient été utilisés ou compris pour la définition du terme 'à long terme' par les collections qui ont établi les rapports. De la même façon, les évaluations des besoins en régénération ne sont pas nécessairement signalées pour chaque collection en utilisant les protocoles standard et les mesures de viabilité des semences. Il est probable que, pour de nombreuses collections, la sécurité d'entreposage à long terme, la régénération et la multiplication représentent des contraintes majeures à la sécurité des entrées, surtout pour les entrées pérennes, sauvages et de fécondation croisée.^{292, 293, 294, 295}

Érosion et vulnérabilité génétiques

Les rapports nationaux énoncent une grande variété de préoccupations et de mesures concernant la perte ou la réduction des génotypes de nombreuses cultures de légumes secs:

- il y a érosion génétique pour *Hedysarum humile*, le pois chiche, le pois, le lupin et la lentille; aucune attention n'est consacrée aux taxons sauvages et endémiques de différents biotypes;²⁹⁶
- la diversité indigène du pois bambara est menacée en l'absence d'un système d'alerte précoce pour l'évaluation de l'érosion génétique;²⁹⁷
- des études détaillées ont été réalisées sur le niébé pour quantifier le niveau d'érosion génétique: si l'on compare le nombre de variétés locales cultivées

aujourd'hui avec celles qui étaient cultivées il y a dix ans, l'érosion génétique est grave;²⁹⁸

- les légumineuses alimentaires sont en danger à cause de la sécheresse, de l'utilisation accrue de nouvelles variétés commerciales et de certains ravageurs et maladies typiques de la culture;²⁹⁹
- au Zimbabwe, les sécheresses récurrentes, en particulier celle qui a eu lieu lors de la campagne agricole de 2002, et les inondations causées par les cyclones ont entraîné une perte considérable de la diversité végétale *in situ*. Les programmes de reconstruction après les catastrophes, dirigés par le gouvernement, se sont concentrés, dans la plupart des cas, sur la fourniture de semences hybrides de niébé, de haricots et d'arachides, et d'engrais. Il n'existe aucune trace de tentatives de restauration des variétés locales et de la diversité phylogénétique des zones affectées, ce qui suggère que le matériel perdu n'a pas été récupéré;³⁰⁰
- au Népal, les variétés locales de niébé et des espèces locales cultivées, comme *Vigna angularis* et *Lathyrus sativus*, sont en voie de disparition;³⁰¹
- au cours des dernières années, on a observé la perte de plusieurs variétés et cultivars locaux de pois chiche, de lentille, de haricot mongo et de haricot urd des champs des agriculteurs;³⁰²
- l'érosion génétique est observée dans le haricot mongo, dans la dolique asperge et dans le niébé.³⁰³

Lacunes et priorités

Pour la **lentille**, les variétés locales du Maroc et de la Chine, et les espèces sauvages, surtout celles de la partie sud-occidentale de la Turquie, ne sont pas représentées de façon adéquate dans les collections. Il existe des lacunes dans les collections de **pois chiche** de l'Asie centrale et de l'Éthiopie, et les entrées des espèces sauvages apparentées sont relativement rares, surtout pour ce qui est du pool de gènes secondaire. Pour la **fève**, plusieurs lacunes géographiques ont été identifiées notamment les variétés locales de l'Afrique du Nord, des oasis égyptiennes, de l'Amérique du Sud et de la Chine. La sous-espèce à petits grains, *V. faba* subsp. *paucijuga*, est également sous-représentée dans les collections, et il existe des lacunes de caractères,

surtout pour ce qui est de la tolérance à la chaleur. Pour la gesse, les lacunes géographiques comprennent la côte de la mer Noire russe et la région de confluence de la Volga et de la Kama, la partie kurde de l'Iraq, les régions nord-orientale et orientale de l'Inde, les zones montagneuses de l'Éthiopie, l'Afghanistan du nord et du centre, et les régions d'Andalousie et de Murcie de l'Espagne. Pour de nombreuses collections de légumineuses, il faut considérer le besoin de rassembler et de préserver des échantillons de rhizobiums. Cela est particulièrement important pour les espèces sauvages de légumineuses, mais ces collections de rhizobiums sont rares (voir également le chapitre 3).^{304, 305, 306, 307}

On observe des besoins en régénération pour le pois chiche, pour la gesse, pour la lentille et pour les espèces sauvages de pois cajan.³⁰⁸

Les variétés locales de lentille au Maroc et en Chine sont potentiellement sous-échantillonnées, et par conséquent sous-représentées dans les collections de matériel génétique.³⁰⁹

Les variétés locales de pois chiche de la région Hindû-kûsh-Himalaya, de la Chine occidentale et septentrionale, de l'Éthiopie, de l'Ouzbékistan, de l'Arménie et de la Géorgie sont sous-représentées dans les collections. La collection mondiale couvre très peu de la distribution sauvage du genre *Cicer*, par conséquent les entrées dans les collections *ex situ* représentent uniquement une partie de la diversité potentielle disponible dans les populations sauvages.³¹⁰

Les espèces apparentées au pois chiche et à la lentille sont largement sous-échantillonnées du point de vue géographique dans les collections. Les espèces apparentées à la gesse sont très peu connues et les espèces sauvages apparentées à la gesse et au pois cajan ne sont pas collectées de façon appropriée.³¹¹

La recherche en matière de protocoles de régénération et de conservation pour les espèces sauvages de pois chiche et de lentille est hautement prioritaire.^{312, 313}

Duplication de sécurité

Il est évident que de nombreuses collections de lentille, de fève, de pois chiche, de gesse sont dupliquées de façon inadéquate et sont ainsi en danger. La duplication de sécurité requiert un arrangement formel. Le fait qu'une

APPENDICE 4

entrée est présente ne signifie pas automatiquement que cette entrée ait subi la duplication de sécurité dans des conditions de conservation à long terme. Au minimum, il faudrait dupliquer tous les matériels uniques disponibles pour des raisons de sécurité, de préférence dans un autre pays. Les dépôts d'échantillons de sauvegarde de sécurité auprès de la SGSV sont en cours, surtout de la part des collections mondiales (par exemple, celles de l'ICARDA et de l'ICRISAT).^{314, 315, 316, 317} L'ICRISAT, par exemple, a déjà déposé 5 000 de ses 13 289 entrées de pois cajan auprès de la SGSV.³¹⁸

Documentation, caractérisation et évaluation

Certaines bases de données sur le pois chiche et sur la lentille ne sont pas encore accessibles par Internet. Il est nécessaire de préparer un registre mondial pour chacune de ces espèces et d'organiser des cours de formation en matière de documentation. Seule une minorité de bases de données sur la gesse sont accessibles par l'Internet, mais le système mondial d'information sur *Lathyrus* géré par Biodiversity International et l'ICARDA est disponible.³¹⁹

Plusieurs entrées de pois chiche et de lentille n'ont pas encore été caractérisées ni évaluées et les rares données disponibles sont accessibles par voie électronique.^{320, 321}

Les informations détenues à présent sur les entrées de *Vicia faba* dans les collections sont souvent fragmentées et ne sont pas facilement accessibles en dehors de l'institution. Les systèmes d'information des banques de gènes nécessitent un renforcement. Il faut fournir de l'assistance technique pour les systèmes d'information.³²²

Utilisation

Les espèces sauvages apparentées au pois chiche sont des sources de résistance utilisées dans les programmes de sélection. Les espèces sauvages apparentées à la lentille sont utilisées dans les programmes de sélection pour élargir la base génétique et pour fournir des gènes pour la tolérance et pour la résistance. Les espèces sauvages apparentées au pois cajan sont des sources de résistance et de protéines.³²³

Les ressources génétiques de la lentille, de la fève et du pois chiche sont sous-utilisées en raison des

carences dans les données au niveau des entrées; de la disponibilité et de l'accessibilité sous-optimales de ces données; du manque de présélection, de création de collections de référence et d'autres initiatives 'à valeur ajoutée' dans les banques de gènes; et des relations faibles de collaboration avec les communautés d'utilisateurs.^{324, 325, 326} Cependant, une collection de référence (10 pour cent de toute la collection de l'ICRISAT) et une minicollection de référence (10 pour cent de la collection de référence) pour le pois chiche³²⁷ et une collection et une minicollection de référence pour le pois cajan³²⁸ ont été mises en place.

Presque toutes les collections nationales de fève semblent distribuer quasi totalement aux utilisateurs à l'intérieur du pays.³²⁹

Les principaux objectifs de sélection du pois chiche sont l'augmentation et la stabilité des rendements. Certaines des espèces sauvages apparentées ont été utilisées dans les programmes de sélection et la résistance aux stress abiotiques et biotiques a été intégrée à la culture à partir de *Cicer reticulatum* et de *C. echinospermum*, les deux espèces apparentées plus proches.³³⁰

Les contraintes à l'utilisation du matériel génétique du pois chiche et de la lentille sont le manque de données (et d'accès aux données) sur les entrées, le manque de présélection et de relations de collaboration. De même, le manque d'informations sur les entrées est une contrainte pour le matériel génétique de la gesse. Pour ce qui est du matériel génétique du pois cajan, les contraintes comprennent les données inadéquates sur les entrées, la difficulté d'utilisation des espèces sauvages apparentées, la contamination génétique dans les collections, l'absence de caractères de résistance aux ravageurs et aux maladies, et les interactions faibles entre les sélectionneurs et les conservateurs des collections.³³¹

Dans le monde entier, les initiatives visant à améliorer la gesse du point de vue génétique sont relativement rares. Il existe certains programmes importants qui visent à améliorer son rendement, sa résistance aux stress abiotiques et biotiques et, surtout, à réduire le pourcentage, ou idéalement à éliminer, la neurotoxine de sa semence. Cependant, les variétés et les cultivars locaux se perdent car

les agriculteurs passent à des cultures alternatives, ce qui limite potentiellement les progrès qui peuvent être réalisés par le biais de l'amélioration génétique.³³²

Fonction de la culture dans les systèmes de production durable

Le **pois chiche** est cultivé et consommé en grande quantité dans la région qui va de l'Asie du Sud-Est jusqu'au sous-continent indien, et dans tous les pays du Moyen-Orient et de la Méditerranée, et joue un rôle important du point de vue culturel et nutritionnel. Plus de 95 pour cent de la production et de la consommation de pois chiche a lieu dans les pays en développement. La culture couvre jusqu'à 80 pour cent de ses besoins en azote par le biais de la fixation symbiotique de l'azote et peut fixer jusqu'à 140 kg d'azote par hectare par saison à partir de l'air.³³³

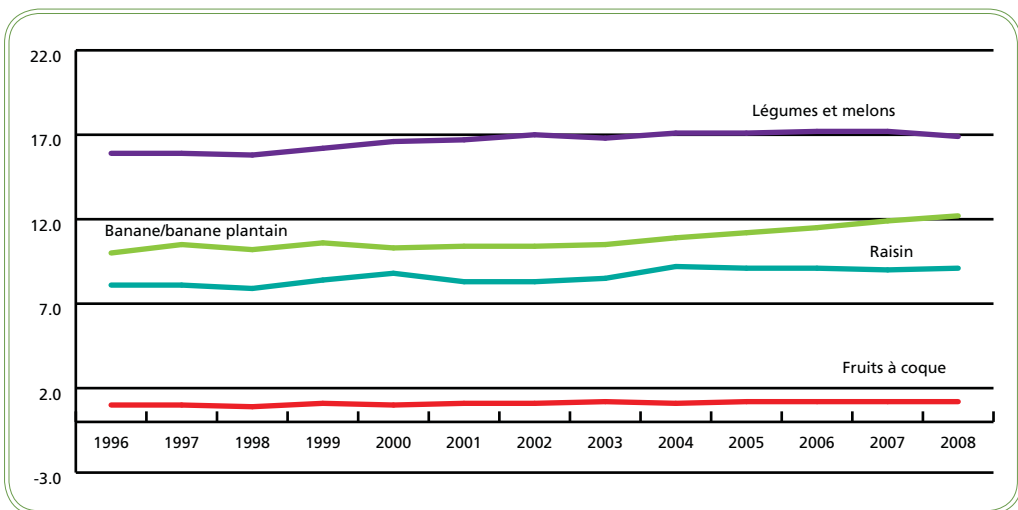
La lentille exerce un certain nombre de fonctions, et représente une source d'aliments pour les êtres humains. La paille de la lentille est un fourrage important pour les petits ruminants au Moyen-Orient et

en Afrique du Nord et, grâce à la fixation de l'azote, elle améliore la fertilité du sol et, par conséquent, augmente la durabilité des systèmes de production agricole.³³⁴

Le pois cajan a une grande adaptabilité aux différents climats et sols. Environ 92 pour cent de la culture de pois cajan se trouve dans les pays en développement. Ses utilisations sont multiples: aliment, fourrage, bois de feu, haie, coupe-vent, et il fixe et améliore les sols. Il est également utilisé en tant qu'engrais vert, pour couvrir les toits et pour élever les cochenilles au Malawi, dans la République-Unie de Tanzanie et en Zambie, en Afrique. Compte tenu de son utilisation dans de nombreux systèmes agricoles, il joue par conséquent un rôle important dans les systèmes de production durable.³³⁵

En raison de la tolérance extrême de la gesse aux conditions environnementales difficiles, notamment la sécheresse et l'engorgement, elle survit souvent lorsque les autres cultures sont décimées. Toutefois, au cours des années où les conditions sont particulièrement difficiles, la consommation humaine de cet aliment de première nécessité peut augmenter en raison du manque de toute autre alternative acceptable, surtout parmi les populations les plus

FIGURE A4.5
Rendements de cultures diverses (tonnes par hectare), au niveau mondial



Source: FAOSTAT 1996/2007

APPENDICE 4

pauvres, jusqu'à un niveau où le consommateur peut succomber à un trouble neurologique, le lathyrisme, provoqué par la présence d'une neurotoxine dans les graines. La toxicité procure une paralysie irréversible, caractérisée par le manque de force dans les membres inférieurs, ou par l'incapacité à les bouger. Le lathyrisme est particulièrement répandu dans certaines régions du Bangladesh, de l'Éthiopie, de l'Inde et du Népal et affecte plus d'hommes que de femmes.³³⁶

La gesse revêt une importance locale pour les populations les plus pauvres dans plusieurs des agro-environnements les plus difficiles, surtout en Asie du Sud et en Éthiopie.³³⁷

A4.3.4 État des ressources génétiques du raisin

Au cours de la période allant de 1996 à 2004, le rendement du raisin (*Vitis*) a augmenté et, depuis, il est resté stable (figure A4.5). En 2008, le raisin était cultivé sur une superficie récoltée de 7 millions d'hectares, avec une production mondiale de 68 millions de tonnes.³³⁸ Les cinq principaux producteurs de raisin étaient en 2008 l'Italie (12 pour cent de la production mondiale), la Chine (11 pour cent), les États-Unis d'Amérique et l'Espagne (9 pour cent chacun) et la France (8 pour cent).

État de la conservation in situ

Les rapports nationaux fournissent peu d'informations sur les chiffres réels des variétés traditionnelles préservées dans les champs des agriculteurs. Quelque 525 variétés indigènes de raisin sont encore cultivées dans les zones montagneuses et dans les villages isolés de la Géorgie,³³⁹ tandis que dans les Carpates occidentales de la Roumanie, plus de 200 variétés locales de la culture ont été identifiées.³⁴⁰

État de la conservation ex situ

A Environ 59 600 entrées de *Vitis* sont détenues dans les banques de gènes de la planète, dont les six principales préservent chacune entre 9 et 4 pour cent des entrées totales.³⁴¹ Le projet «Management and

Conservation of Grapevine Genetic Resources (gestion et conservation des ressources génétiques de la vigne) financé au titre du Règlement (CE) no 870/2004 du Conseil de l'Union européenne et de la durée de quatre ans (2007-2010), a pour objectif de promouvoir un plan optimisé pour la conservation sécurisée du matériel génétique de *Vitis*, y compris *V. sylvestris*, qui est à présent menacée d'extinction au niveau local, et d'utiliser plusieurs moyens de conservation (collections *ex situ*, cryoconservation, conservation à la ferme) pour la conservation, l'accessibilité et les essais sur le terrain de ces ressources dans un cadre agricole pertinent.³⁴²

Le Portugal a établi les collections de terrain pour les 70 cultivars autochtones de vigne les plus importants.³⁴³ Les collections de terrain de cultivars locaux se trouvent également en Albanie, en Allemagne, en Arménie, en Azerbaïdjan, en Bulgarie, en Croatie, dans la Fédération de Russie, en France, en Géorgie, en Italie, dans l'ex-République yougoslave de Macédoine, au Monténégro, dans la République de Moldova, en Serbie et en Ukraine.³⁴⁴ Depuis 2003, l'IPGRI (à présent Biodiversity International) coordonne la promotion de la conservation des ressources génétiques de la vigne dans le Caucase et dans la mer Noire septentrionale. De nouvelles collections de variétés locales ont été établies en Arménie, en Azerbaïdjan, dans la Fédération de Russie et en Géorgie.³⁴⁵

Érosion et vulnérabilité génétiques

Les variétés traditionnelles de vigne sont encore utilisées. Toutefois, le nombre de variétés utilisées à grande échelle a été considérablement réduit.³⁴⁶ La culture traditionnelle de vigne est menacée par l'érosion génétique au Portugal.³⁴⁷ Le Groupe de travail sur *Vitis* de l'ECPGR a exprimé des inquiétudes sérieuses pour l'érosion génétique de la variabilité et de la diversité clonale de la vigne. Les raisons de cette érosion ont été classées comme ci-après:³⁴⁸

- augmentation du commerce international;
- prédominance d'un petit nombre de variétés dans plusieurs pays;
- prédominance d'un nombre restreint de clones pour chaque variété;
- diminution de la surface cultivée consacrée à

la viticulture, surtout dans les emplacements particulièrement riches en biodiversité;

- lois restrictives qui ne permettent pas l'utilisation des variétés traditionnelles pour la plantation et pour la commercialisation.

Le Groupe de travail a également recommandé que chaque pays préserve ses propres variétés traditionnelles dans des collections ampélographiques nationales ou régionales et qu'ils protègent également *in situ* l'espèce *V. sylvestris*. Les pays devraient également essayer le plus possible de préserver la variabilité clonale.

Documentation, caractérisation et évaluation

Le JKI et l'Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof, Siebeldingen, en Allemagne, dirigent depuis 2007 la base de données European Vitis Database. Le but de cette base de données est d'encourager l'utilisation de matériel génétique pertinent et de grande valeur dans la sélection. La base de données contient les données passeport de plus de 31 000 entrées qui représentent 31 collections de *Vitis* de 21 pays européens. Les données de caractérisation et d'évaluation sur la phénologie, le rendement, la qualité et les stress biotiques sont également disponibles pour environ 1 500 entrées.³⁴⁹

Utilisation

Le projet GrapeGen06 (2007-2010), financé par l'Union européenne, soutient les initiatives visant à améliorer l'accès aux ressources génétiques diversifiées du raisin et à promouvoir l'amélioration des variétés, des goûts, des produits et des marques, tout en limitant l'impact de la culture du raisin sur l'environnement grâce à la réduction de l'utilisation des pesticides. Le projet est mis en œuvre en collaboration avec les viticulteurs et les organisations de professionnels. Il soutient également la caractérisation des ressources génétiques du raisin, dont quelques-unes sont aujourd'hui oubliées, en danger ou sous-exploitées.³⁵⁰

A4.3.5 État des ressources génétiques des fruits à coque

Depuis 1996, le rendement des fruits à coque a augmenté de façon modérée (figure A4.5).³⁵¹ En 2008, les fruits à

coque étaient cultivés sur une superficie récoltée de 9 millions d'hectares avec une production mondiale de 11 millions de tonnes.³⁵² Les six principaux producteurs en 2008 étaient les États-Unis d'Amérique (15 pour cent de la production mondiale), la Chine (14 pour cent), la Turquie et le Viet Nam (11 pour cent) et l'Inde et le Nigeria (6 pour cent chacun). Sur les huit groupes de fruits à coque, la Chine en a produit six, c'est-à-dire la collection la plus diversifiée, les États-Unis d'Amérique, l'Italie et la Turquie en ont produit cinq, le Pakistan et la République islamique d'Iran en ont produit quatre.

État de la conservation ex situ

- Noix d'anacarde (*Anacardium occidentale*): environ 9 800 entrées sont conservées dans les banques de gènes mondiales, avec 35 pour cent des entrées préservées au Ghana, 9 pour cent en Inde, 8 pour cent en Thaïlande et environ 6 pour cent au Brésil et au Nigeria.³⁵³
- Amande (sous les synonymes de *Prunus amygdalus*, *P. dulcis* et *Amygdalus communis*): environ 3 000 entrées sont conservées dans le monde et les principales collections sont en Italie, dans la République islamique d'Iran et en Turquie.³⁵⁴
- Noisette (espèces de *Corylus*): environ 3 000 entrées sont conservées dans le monde entier, dont 28 pour cent sont détenues aux États-Unis d'Amérique et 14 pour cent en Turquie.³⁵⁵
- Pistache (*Pistacia vera*): environ 1 200 entrées se trouvent dans les collections mondiales, dont 29 pour cent dans la République islamique d'Iran et 26 pour cent aux États-Unis d'Amérique.³⁵⁶
- Châtaigne (*Castanea sativa*): environ 1 600 entrées sont conservées dans le monde entier, dont 75 pour cent sont en Espagne, en France, en Italie et au Japon.³⁵⁷
- Noix du Brésil (*Bertholletia excelsa*): environ 50 entrées seulement sont conservées dans les banques de gènes au niveau mondial, dont la plupart au Brésil.³⁵⁸

Documentation, caractérisation et évaluation

Le projet GEN RES 68 pour la sauvegarde des ressources génétiques de la noisette et de l'amande

APPENDICE 4

(SAFENUT) (2007–2010), financé par l'Union européenne, assure l'acquisition des données sur la diversité génétique présente dans le bassin européen de la Méditerranée, pour les collections *ex situ* et *in situ* de *Corylus avellana* et *Prunus dulcis*, ainsi que sur la caractérisation de génotypes intéressants, avec une attention particulière pour les aspects nutritionnels et nutraceutiques des fruits à coque.³⁵⁹ La documentation des entrées européennes d'amande fait partie du projet GEN RES 61 sur le *Prunus* (International Network on Prunus Genetic Resources [1996–1999]) financé par l'Union européenne. Une base de données, la European Prunus Database (EPDB) a été préparée avec les données passeport et les données de caractérisation et d'évaluation.³⁶⁰

Érosion et vulnérabilité génétiques

En Géorgie, les amandiers sauvages sont en danger en raison du remplacement par de nouvelles variétés.³⁶¹

Dans la plaine de la Bekaa, au Liban, tous les vergers commerciaux d'amande sont constitués d'une ou de deux variétés à floraison précoce qui sont par conséquent susceptibles aux gelées printanières, ce qui explique la diminution de la production nationale d'amande au cours de certaines années.³⁶²

A4.3.6 État des ressources génétiques des légumes et des melons

Le rendement des légumes et des melons a légèrement augmenté au cours de la période allant de 1996 à 2002, mais après cette date, il est resté stable (figure A4.5).³⁶³ En 2008, les légumes et les melons étaient cultivés sur une superficie récoltée de 54 millions d'hectares avec une production mondiale de 916 millions de tonnes.³⁶⁴ Les six principaux producteurs en 2008 étaient la Chine (50 pour cent de la production mondiale), l'Inde (9 pour cent), les États-Unis d'Amérique (4 pour cent), la Turquie (3 pour cent) et la Fédération de Russie et la République islamique d'Iran (2 pour cent chacune). Sur les 25 groupes de légumes et de melons, la Chine en a produit 24, c'est-à-dire la collection la plus diversifiée, les États-Unis d'Amérique en ont produit 23, la Turquie, l'Espagne et le Mexique en ont produit 20, le Japon

19 et l'Italie 18. Les huit légumes les plus produits en 2008 étaient les tomates (sous les synonymes *Lycopersicon esculentum*, *Solanum lycopersicum*, etc.), soit 14 pour cent de la production totale à l'intérieur du groupe légumes et melons, suivies par la pastèque (*Citrullus lanatus*) avec 11 pour cent, les choux et d'autres brassicacées (*Brassica* spp.) avec 8 pour cent, les oignons secs (*Allium cepa*) 7 pour cent, les concombres et les cornichons (*Cucumis sativus*) 5 pour cent, les aubergines (*Solanum melongena*) 4 pour cent, et d'autres melons, notamment les cantaloups (*Cucumis* spp.) et les piments et poivrons (*Capsicum* spp.) 3 pour cent chacun.

État de la conservation *ex situ*

Environ un demi-million d'entrées de cultures de légumes sont conservées *ex situ* dans le monde entier.³⁶⁵ Les variétés locales et les cultivars traditionnels et avancés représentent environ 36 pour cent de ces entrées totales, les matériels sauvages environ 5 pour cent et les souches génétiques 8 pour cent. L'AVRDC détient environ 57 000 entrées de matériel génétique des légumes, y compris certaines des collections les plus importantes de la planète. Environ 35 pour cent du total des entrées de légumes sont conservées dans les banques de gènes nationales de neuf pays.³⁶⁶

- Tomate: presque 84 000 entrées sont conservées dans les banques de gènes du monde entier, dont 19 pour cent sont des cultivars avancés, 17 pour cent des anciens cultivars et des variétés locales, 18 pour cent des souches génétiques et des matériels de recherche, et 4 pour cent des espèces sauvages apparentées. Les deux collections les plus importantes de tomate se trouvent auprès de l'AVRDC (environ 9 pour cent du total des collections mondiales) et de la Northeast Regional Plant Introduction Station de l'USDA (8 pour cent).³⁶⁷
- Piments (*Capsicum* spp.): les collections mondiales de piments sont constituées d'environ 73 500 entrées de plus de 30 espèces de *Capsicum*. Les six collections les plus grandes de *Capsicum* se trouvent auprès de l'AVRDC (environ 11 pour cent du total des collections mondiales), du Southern Regional Plant Introduction Station de l'USDA, et de l'INIFAP au Mexique (6 pour cent chacune),

du NBPGR en Inde (5 pour cent), de l'Instituto Agronómico de Campinas au Brésil et du NIAS au Japon (3 pour cent chacun).³⁶⁸

- *Cucumis* spp.: environ 44 300 entrées sont conservées dans le monde entier, dont 3 pour cent sont des espèces sauvages apparentées. *C. melo* est représenté par 52 pour cent des entrées totales et *C. sativum* par 38 pour cent. Les six collections les plus grandes sont détenues aux États-Unis d'Amérique, au Japon, dans la Fédération de Russie, en Chine, au Brésil et au Kazakhstan.³⁶⁹
- *Cucurbita* spp.: les entrées totales de ce genre sont 39 583, dont 9 867 entrées sont de *C. moschata*, 8 153 entrées de *C. pepo* et 5 761 entrées de *C. maxima*. Les plus grandes collections de ce genre se trouvent auprès du VIR dans la Fédération de Russie (15 pour cent du total de la collection mondiale), du CATIE (7 pour cent) et du CENARGEN au Brésil (5 pour cent). Les espèces sauvages apparentées sont relativement peu représentées et constituent seulement 2 pour cent du total du matériel génétique *ex situ* des *Cucurbita*.³⁷⁰
- *Allium* spp.: environ 30 000 entrées sont conservées *ex situ*. Les oignons (*A. cepa*) sont représentés par 15 326 entrées et l'ail (*A. sativum*) par 5 043 entrées. Plus de 200 autres espèces d'*Allium* sont également conservées. Les espèces sauvages apparentées sont représentées de façon adéquate dans les collections du Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, en Allemagne et du projet Millennium Seed Bank, aux Jardins botaniques royaux de Kew au Royaume-Uni.³⁷¹
- Aubergine (*Solanum melongena*): les collections mondiales comptent au total environ 21 000 entrées. Les trois collections les plus grandes avec plus de 1 000 entrées chacune se trouvent auprès du NBPGR en Inde, de l'AVRDC et du NIAS au Japon; ensemble, elles représentent 35 pour cent du total des collections *ex situ*. Les espèces sauvages apparentées représentent 11 pour cent des entrées totales.³⁷²
- Pastèque (*Citrullus lanatus*): la collection mondiale est constituée de plus de 15 000 entrées, dont 42 pour cent sont conservées dans la Fédération de Russie, en Chine, en Israël et aux États-Unis d'Amérique.³⁷³
- Carotte (*Daucus carota*): environ 8 300 entrées de 19

espèces de *Daucus* sont conservées dans le monde entier. Les trois collections les plus grandes avec plus de 1 000 entrées chacune se trouvent au North Central Regional Plant Introduction Station de l'USDA aux États-Unis d'Amérique (14 pour cent des entrées totales), à l'Horticultural Research International, université de Warwick au Royaume-Uni (13 pour cent) et au VIR dans la Fédération de Russie (12 pour cent). Les espèces sauvages apparentées représentent 14 pour cent des entrées totales.³⁷⁴

Érosion et vulnérabilité génétiques

Plusieurs pays signalent des cas d'inquiétude pour la diversité de nombreux légumes différents:

- à Madagascar, plusieurs cultures légumières (carotte, navet, aubergine, oignon et chou-fleur) sont en danger en raison des nouvelles variétés commerciales (rapport national du Madagascar);³⁷⁵
- à Trinité-et-Tobago, on observe la perte de diversité dans les cultures légumières;³⁷⁶
- au Népal, les variétés locales de chou et de chou-fleur sont en voie de disparition;³⁷⁷
- au Pakistan, en raison de la demande du marché et de l'indisponibilité des semences locales, le taux d'érosion génétique a été très élevé dans les légumes principaux, comme la tomate, l'oignon, le pois, le gombo, l'aubergine, le chou-fleur, la carotte, le radis et le navet. La diversité indigène se trouve encore dans les cucurbitacées, dans la courge amère, dans les épinards, dans les loofas et dans les espèces de *Brassica*. Les ressources génétiques des espèces cultivées indigènes secondaires sous-utilisées font face à une destruction rapide en raison de l'érosion de la culture agricole traditionnelle, du changement des habitudes alimentaires traditionnelles et de l'introduction de cultures à rendement élevé;³⁷⁸
- aux Philippines, on observe l'érosion génétique dans l'aubergine, la courge amère, la courge torchon, la Calebasse et la tomate;³⁷⁹
- au Tadjikistan, en raison de l'importation de nouvelles variétés et de nouveaux hybrides, et du manque de semences des variétés locales, le taux d'érosion génétique est très élevé pour les

APPENDICE 4

principaux légumes comme les concombres, les tomates, les oignons, les choux, les carottes, les radis, les navets, etc.³⁸⁰

- en Grèce, l'érosion génétique des cultures légumières, en raison du remplacement du matériel génétique local par des variétés modernes, était retardée de 15 – 20 ans par rapport au taux des céréales, cependant au cours des dernières années, les variétés locales sont rapidement remplacées même dans les jardins potagers;³⁸¹
- en Irlande, la production horticole commerciale est dominée par les variétés modernes importées et à rendement élevé, seules quelques-unes des variétés locales ou des variétés des agriculteurs sont cultivées. Au contraire, une grande diversité des cultures horticoles se trouve dans les différents jardins privés de la nation sous forme de semences fermières.³⁸²

Références

- 1 Pour le texte du TIRPAA et la liste des cultures couvertes à l'annexe 1, voir l'adresse électronique: http://www.planttreaty.org/texts_fr.htm
- 2 Pour estimer les chiffres qui indiquent les tendances des rendements pour les cultures choisies entre 1996 et 2007, le rapport entre les tonnages de production et les superficies cultivées, tirés du FAOSTAT, a été calculé et arrondi au million de tonnes par hectare.
- 3 Outre les chapitres et les appendices de ce Deuxième Rapport et les rapports nationaux, d'autres sources d'information pour cet appendice ont été les statistiques sur la production des cultures de la FAO (les dernières données disponibles étaient celles de 2008) et les bilans des disponibilités alimentaires (ces deux informations sont disponibles dans FAOSTAT: <http://faostat.fao.org/>), les documents de la stratégie de conservation des cultures du GCDT (<http://www.croptrust.org/>), et les publications scientifiques.
- 4 Une conclusion mentionnée au chapitre 3 sur la base de l'analyse des données et des rapports des collections internationales, régionales et nationales.
- 5 **Maxted, N. et Kell, S.P.** 2009. Establishment of a Global Network for the *In situ* Conservation of Crop Wild Relatives: Status and needs. Commission sur les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO, Rome, Italie.
- 6 Rapports nationaux: Arménie, Azerbaïdjan, Côte d'Ivoire, Géorgie, Liban et République démocratique du Congo.
- 7 **Rogers, D.L., Qualset, C.O., McGuire, P.E. et Ryder, O.A.** 2009. The silent biodiversity crisis: Loss of genetic resource collections. p.141-159 dans G. Amato, O.A. Ryder, H.C. Rosenbaum & R. DeSalle (Eds.) *Conservation genetics in the age of genomics*. Columbia University Press. New York NY, États-Unis d'Amérique.
- 8 Rapport national: Niger.
- 9 **Swiderska, K.** 2009. Seed industry ignores farmers' rights to adapt to climate change. Communiqué de presse 07/09/2009. Institut international pour l'environnement et le développement. Londres, Royaume-Uni. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: <http://www.iied.org/natural-resources/key-issues/biodiversity-and-conservation/seed-industry-ignores-farmers%E2%80%99-rights-adapt-climate-change>
- 10 Rapports nationaux: Albanie, Arménie, Bangladesh, Cameroun, Chili, Costa Rica, Côte d'Ivoire, Croatie, Chypre, Égypte, Éthiopie, Géorgie, Ghana, Grèce, Guinée, Îles Cook, Italie, Jordanie, Kazakhstan, Kenya, Liban, Malaisie, Malawi, Mexique, Népal, Nicaragua, Oman, Pérou, Philippines, Portugal, République démocratique populaire lao, République dominicaine, République-Unie de Tanzanie, Roumanie, Royaume-Uni, Slovaquie, Tadjikistan, Thaïlande, Togo, Uruguay, Venezuela (République bolivarienne du), Viet Nam et Zambie.
- 11 Rapport national: Bosnie-Herzégovine.

- ¹² Rapport national: Islande. Crop%20and%20Regional%20Conservation%20Strategies%20Review1.pdf
- ¹³ Rapport national: Royaume-Uni. ²⁴ Ibid.
- ¹⁴ Rapport national: l'ex-République yougoslave de Macédoine. ²⁵ <http://www.ipcc.ch>
- ¹⁵ Rapport national: Pologne. ²⁶ **Xiong, W., Holman, I., Lin, E., Conway, D., Jiang, J., Xu, Y. et Li, Y.** 2010. Climate change, water availability, and future cereal production in China. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 135:58-69.
- ¹⁶ Rapport national: Suisse.
- ¹⁷ Rapport national: République-Unie de Tanzanie.
- ¹⁸ Voir le site Web, en anglais, du **GCDT** (Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures) pour son histoire et sa mission: <http://www.croptrust.org/> ²⁷ **Dulloo, M.E., Labokas, J., Iriondo, J.M., Maxted, N., Lane, A., Laguna, E., Jarvis, A. et Kell, S.P.** 2008. Genetic reserve location and design. p.23 64 in Iriondo, J., Maxted, n. & Dulloo, M.E. (Eds.) *Conserving plant genetic diversity in protected areas*. CAB International. Wallingford, Royaume-Uni.
- ¹⁹ **GCDT.** 2008. Annual Report 2008. Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures. Rome, Italie. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: <http://www.croptrust.org/documents/WebPDF/TrustAnnualReport2008Final.pdf> ²⁸ **FAOSTAT.** 2007. Domaine de la production agricole. Disponible à l'adresse électronique: <http://faostat.fao.org/DesktopDefault.aspx?PageID=339&lang=fr>
- ²⁰ Le portail mondial des espèces sauvages apparentées est disponible, en anglais, à l'adresse électronique: <http://www.cropwildrelatives.org/index.php?page=about> ²⁹ Ibid.
- ²¹ Rapports nationaux: Algérie, Arménie, Bolivie (État plurinational de), Bosnie-Herzégovine, Éthiopie, Irlande, Italie, Madagascar, Norvège, Oman, Ouzbékistan, Pologne, République démocratique populaire lao, Sri Lanka, Suisse et Viet Nam. ³⁰ **GCDT.** 2007. Global strategy for the *ex situ* conservation with enhanced access to wheat, rye, and triticale genetic resources. Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures. Rome, Italie. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: <http://www.croptrust.org/documents/web/Wheat-Strategy-FINAL-20Sep07.pdf>
- ²² Documenté dans les stratégies des cultures du **GCDT** et dans les rapports nationaux et résumé au chapitre 3. ³¹ Ibid.
- ²³ **Khoury, C., Laliberté, B. et Guarino, L.** 2009. Trends and constraints in *ex situ* conservation of plant genetic resources: A review of global crop and regional conservation strategies. Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures. Rome, Italie. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: <http://www.croptrust.org/documents/WebPDF/> ³² Ibid. Voir également Op. cit. Note 23.
- ³³ Rapport national: Arménie.
- ³⁴ Appendice 2. Principales collections de matériel génétique, par culture et par institution. WIEWS. 2009. Disponible à l'adresse électronique: http://apps3.fao.org/wiews/wiews.jsp?i_=FR.
- ³⁵ Ibid.

APPENDICE 4

- ³⁶ Op. cit. Notes 30 et 23.
- ³⁷ Op. cit. Note 30.
- ³⁸ Rapport national: Népal.
- ³⁹ Rapport national: Albanie.
- ⁴⁰ Rapports nationaux: Bosnie-Herzégovine et Grèce.
- ⁴¹ Op. cit. Note 30.
- ⁴² Op. cit. Note 23.
- ⁴³ **Ortiz, R., Braun, H.J., Crossa, J., Crouch, J.H., Davenport, G., Dixon, J., Dreisigacker, S., Duveiller, E., He, Z., Huerta, J., Kishii, M., Kosina, P., Manes, Y., Mezzalama, M., Morgounov, A., Murakami, J., Nicol, J., Ortiz-Ferrara, G., Ortiz-Monasterio, J.I., Payne, T.S., Pena, R.J., Reynolds, M.P., Sayre, K.D., Sharma, R.C., Singh, R.P., Wang, J., Warburton, M., Wu, H. et Iwanaga, M.** 2008. Wheat genetic resources enhancement by the International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT). *Genetic Resources and Crop Evolution*, 55:1095-1140.
- ⁴⁴ **Ortiz, R., Sayre, K.D., Govaerts, B., Gupta, R., Subbarao, G.V., Ban, T., Hodson, D., Dixon, J.M., Ortiz-Monasterio, J.I. et Reynolds, M.** 2008. Climate change: Can wheat beat the heat? *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 126:46-58.
- ⁴⁵ Op. cit. Notes 30 et 23.
- ⁴⁶ Op. cit. Note 43.
- ⁴⁷ Op. cit. Note 43.
- ⁴⁸ Op. cit. Note 28.
- ⁴⁹ **Vaughan, D.A. et Morishima, H.** 2003. Biosystematics of the genus *Oryza*. p.27-65 dans C.W. Smith & R.H. Dilday (Eds.) *Rice: Origin, History, Technology, and Production*. John Wiley & Sons, Inc. Hoboken NJ, États-Unis d'Amérique.
- ⁵⁰ Op. cit. Note 23.
- ⁵¹ **Martínez, C.P.** Chef d'équipe, Rice Research Program, CIAT; communication personnelle 2010.
- ⁵² Rapport national: Viet Nam.
- ⁵³ Op. cit. Note 34.
- ⁵⁴ Rapport national: Chine.
- ⁵⁵ Rapports nationaux: Brésil, Côte d'Ivoire, Madagascar, Mali, Népal, Philippines et Sri Lanka.
- ⁵⁶ Rapports nationaux: Chine, Mali, Népal, Nigeria et Thaïlande.
- ⁵⁷ Op. cit. Note 23.
- ⁵⁸ Op. cit. Note 23.
- ⁵⁹ Op. cit. Note 23.
- ⁶⁰ Op. cit. Note 28.
- ⁶¹ Op. cit. Note 28.
- ⁶² **GCDT.** 2007. Global strategy for the *ex situ* conservation and utilization of maize germplasm. Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures. Rome, Italie. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: <http://www.croptrust.org/documents/web/Maize-Strategy-FINAL-18Sept07.pdf>
- ⁶³ **Ortiz, R., Taba, S., Chávez Tovar, V.H., Mezzalama, M., Xu, Y., Yan, J. et Crouch, J.H.** 2010. Conserving and exchanging maize genetic resources. *Crop Science* à paraître.
- ⁶⁴ Op. cit. Note 62.
- ⁶⁵ Op. cit. Note 62.
- ⁶⁶ Op. cit. Note 62.
- ⁶⁷ Op. cit. Note 23.

- ⁶⁸ Op. cit. Note 62.
- ⁶⁹ Op. cit. Note 62.
- ⁷⁰ Rapports nationaux: Albanie, Bosnie-Herzégovine, Kenya, Népal, Philippines.
- ⁷¹ Op. cit. Note 62.
- ⁷² Op. cit. Note 62.
- ⁷³ Op. cit. Note 62.
- ⁷⁴ Op. cit. Notes 62 et 63.
- ⁷⁵ Op. cit. Note 23.
- ⁷⁶ Op. cit. Note 23.
- ⁷⁷ Op. cit. Note 62.
- ⁷⁸ Op. cit. Note 23.
- ⁷⁹ Op. cit. Note 62.
- ⁸⁰ Op. cit. Note 23.
- ⁸¹ Op. cit. Note 62.
- ⁸² Op. cit. Note 62.
- ⁸³ Op. cit. Note 23.
- ⁸⁴ Op. cit. Note 62.
- ⁸⁵ Op. cit. Note 63.
- ⁸⁶ Op. cit. Note 23.
- ⁸⁷ Op. cit. Note 62.
- ⁸⁸ Op. cit. Note 62.
- ⁸⁹ Op. cit. Note 62.
- ⁹⁰ Op. cit. Note 28.
- ⁹¹ Pour un examen et un débat sur la situation taxonomique de Sorghum, voir **Dahlberg, J.A.** 2000. Classification and characterization of Sorghum. p.99-259 dans Smith, C.W. & Frederiksen, R.A. (Eds.) *Sorghum: Origin, History, Technology, and Production*. John Wiley & Sons, Inc. Hoboken NJ, États-Unis d'Amérique.
- ⁹² Op. cit. Note 34.
- ⁹³ **GCDT.** 2007. Strategy for global *ex situ* conservation of sorghum genetic diversity. Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures. Rome, Italie. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: <http://www.croptrust.org/documents/web/Sorghum-Strategy-FINAL-19Sept07.pdf>
- ⁹⁴ Rapport national: Mali.
- ⁹⁵ Rapports nationaux: Angola, Éthiopie, Malawi, Mali, Zambie et Zimbabwe.
- ⁹⁶ Rapport national: Niger.
- ⁹⁷ Rapport national: Japon.
- ⁹⁸ Op. cit. Note 23.
- ⁹⁹ Op. cit. Note 93.
- ¹⁰⁰ Op. cit. Note 23.
- ¹⁰¹ Op. cit. Note 93.
- ¹⁰² Op. cit. Note 93.
- ¹⁰³ **Rai, K.N.** Expert scientifique principal (Sélection du millet) et directeur, HarvestPlus-India Biofortification, ICRISAT; communication personnelle 2009.
- ¹⁰⁴ Op. cit. Note 93.
- ¹⁰⁵ Op. cit. Note 23.

APPENDICE 4

- ¹⁰⁶ Op. cit. Note 23.
- ¹⁰⁷ **Upadhyaya, H.D., Pundir, R.P.S., Dwivedi, S.L., Gowda, C.L.L., Reddy, V.G. et Singh, S.** 2009. Developing a mini-core collection of sorghum [*Sorghum bicolor*(L.) Moench] for diversified utilization of germplasm. *Crop Science*, 49:1769-1780.
- ¹⁰⁸ Op. cit. Note 93.
- ¹⁰⁹ Op. cit. Note 93.
- ¹¹⁰ Op. cit. Note 28.
- ¹¹¹ Op. cit. Note 23.
- ¹¹² **GCDT.** 2008. A global conservation strategy for cassava (*Manihot esculenta*) and wild *manihot* species [Ebauche]. Global Crop Diversity Trust. Rome, Italie.
- ¹¹³ **Allem, A.C., Mendes, R.A., Salamão, A.N. et Burle, M.L.** 2001. The primary gene pool of cassava (*Manihot esculenta* Crantz subspecies *esculenta*, *Euphorbiaceae*). *Euphytica*, 120: 127-132.
- ¹¹⁴ Op. cit. Note 112.
- ¹¹⁵ Op. cit. Note 112.
- ¹¹⁶ Op. cit. Note 23.
- ¹¹⁷ Op. cit. Note 112.
- ¹¹⁸ **Ceballos, H.** Sélectionneur de manioc, CIAT; communication personnelle 2010.
- ¹¹⁹ Op. cit. Note 34.
- ¹²⁰ Op. cit. Note 112.
- ¹²¹ Op. cit. Note 23.
- ¹²² Op. cit. Note 23.
- ¹²³ Op. cit. Note 112.
- ¹²⁴ Op. cit. Note 112.
- ¹²⁵ Op. cit. Note 112.
- ¹²⁶ Op. cit. Note 23.
- ¹²⁷ Op. cit. Note 112.
- ¹²⁸ Op. cit. Note 23.
- ¹²⁹ Op. cit. Note 112.
- ¹³⁰ CIAT. Cassava Research Program Synthesis. Disponible, en anglais à l'adresse électronique: http://www.ciat.cgiar.org/AboutUs/Documents/synthesis_cassava_program.pdf
- ¹³¹ Op. cit. Note 112.
- ¹³² Op. cit. Note 112.
- ¹³³ Op. cit. Note 28.
- ¹³⁴ Op. cit. Note 28.
- ¹³⁵ Démonstré par les données du FAOSTAT résumées dans une fiche d'information appelée «L'économie mondiale de la pomme de terre», disponible au site Web de l'Année internationale de la pomme de terre 2008: <http://www.potato2008.org/fr/pommedeterre/economie.html>
- ¹³⁶ **GCDT.** 2006. Global strategy for the *ex situ* conservation of potato. Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures. Rome, Italie. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: <http://www.croptrust.org/documents/web/Potato-Strategy-FINAL-30Jan07.pdf>
- ¹³⁷ **CIP (Ed.).** 2006. Catálogo de variedades de papa nativa de Huancavelica - Pérou. Centre international de la pomme de terre (CIP) et Federación Departamental de Comunidades Campesinas de Huancavelica (FEDECCH). Lima, Pérou.
- ¹³⁸ **De Haan, S.** 2009. Potato diversity at height: Multiple

- dimensions of farmer-driven *in situ* conservation in the Andes. Thèse de doctorat. Université Wageningen. Wageningen, Pays-Bas.
- ¹³⁹ **Terrazas, F. et Cadima. X.** 2008. Catálogo etnobotánico de papas nativas: Tradición y cultura de los ayllus del Norte Potosí y Oruro. Fundación PROINPA. Cochabamba, Bolivie (État plurinational de).
- ¹⁴⁰ Op. cit. Note 34.
- ¹⁴¹ Op. cit. Note 136.
- ¹⁴² Rapport national: Chili.
- ¹⁴³ Op. cit. Note 138.
- ¹⁴⁴ **Zimmerer, K.S.** 1991. Labor shortages and crop diversity in the southern Peruvian sierra. *The Geographical Review*, 82(4):414-432.
- ¹⁴⁵ **Jarvis, A., Jane, A. et Hijmans, R.J.** 2008. The effect of climate change on crop wild relatives. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 126(1-2):13-23.
- ¹⁴⁶ Op. cit. Note 23.
- ¹⁴⁷ Op. cit. Note 136.
- ¹⁴⁸ Op. cit. Note 136.
- ¹⁴⁹ Op. cit. Note 136.
- ¹⁵⁰ Op. cit. Note 23.
- ¹⁵¹ Op. cit. Note 136.
- ¹⁵² Op. cit. Note 136.
- ¹⁵³ Op. cit. Note 136.
- ¹⁵⁴ Op. cit. Note 23.
- ¹⁵⁵ Op. cit. Note 136.
- ¹⁵⁶ Op. cit. Note 136.
- ¹⁵⁷ Op. cit. Note 23.
- ¹⁵⁸ Op. cit. Note 28.
- ¹⁵⁹ **GCDT.** 2007. Global strategy for *ex situ* conservation of sweet potato genetic resources. Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures. Rome, Italie. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: <http://www.croprust.org/documents/web/SweetPotato-Strategy-FINAL-12Dec07.pdf>
- ¹⁶⁰ Op. cit. Note 34.
- ¹⁶¹ Op. cit. Note 34.
- ¹⁶² Op. cit. Note 159.
- ¹⁶³ Op. cit. Note 23.
- ¹⁶⁴ Op. cit. Note 23.
- ¹⁶⁵ Op. cit. Note 159.
- ¹⁶⁶ Op. cit. Note 23.
- ¹⁶⁷ Op. cit. Note 23.
- ¹⁶⁸ Op. cit. Note 159.
- ¹⁶⁹ Op. cit. Note 28.
- ¹⁷⁰ **Singh, R.J.** 2005. Landmark research in grain legumes. p.1-9 dans R.J. Singh and P.P. Jauhar (Eds.) *Genetic Resources, Chromosome Engineering, and Crop Improvement: Volume I. Grain Legumes*. CRC Press. Boca Raton FL, États-Unis d'Amérique.
- ¹⁷¹ **Singh, S.P.** 2002. The common bean and its genetic improvement. p.161-192 dans Kang, M.S., (Ed.) *Crop Improvement: Challenges in the Twenty-First Century*. The Haworth Press. Binghamton NY, États-Unis d'Amérique.
- ¹⁷² Tableau 3.2 du chapitre 3 et appendice 2 de ce

APPENDICE 4

- Deuxième Rapport.
- ¹⁷³ Rapport national: Costa Rica.
- ¹⁷⁴ Rapport national: Madagascar.
- ¹⁷⁵ Rapport national: Namibie.
- ¹⁷⁶ Rapport national: Tadjikistan.
- ¹⁷⁷ Op. cit. Note 28.
- ¹⁷⁸ **Lu, B.R.** 2004. Conserving biodiversity of soybean gene pool in the biotechnology era. *Plant Species Biology*, 19:115-125.
- ¹⁷⁹ Op. cit. Note 34.
- ¹⁸⁰ Op. cit. Note 1.
- ¹⁸¹ **Feng, C., Chen, P., Cornelious, B., Shi, A. et Zhang, B.** 2008. Genetic diversity among popular historical Southern U.S. soybean cultivars using AFLP markers. *Journal of Crop Improvement*, 22:31-46.
- ¹⁸² **Miranda, Z. de F.S., Arias, C.A.A., Prete, C.E.C., Kihl, R.A. de S., de Almeida, L.A., de Toledo, J.F.F. et Destro, D.** 2007. Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42:363-369.
- ¹⁸³ Op. cit. Note 178.
- ¹⁸⁴ Chen, Y. et Nelson, R.L. 2005. Relationship between origin and genetic diversity in Chinese soybean germplasm. *Crop Science*, 45:1645-1652.
- ¹⁸⁵ **Li, Y., Guan, R., Liu, Z., Ma, Y., Wang, L., Li, L., Lin, F., Luan, W., Chen, P., Yan, Z., Guan, Y., Zhu, L., Ning, X., Smulders, M.J.M., Li, W., Piao, R., Cui, Y., Yu, Z., Guan, M., Chang, R., Hou, A., Shi, A., Zhong, B., Zhu, S. et Qiu, L.** 2008. Genetic structure and diversity of cultivated soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) landraces in China. *Theor. Appl Genet.*, 117:857.71.
- ¹⁸⁶ Rapport national: Chine.
- ¹⁸⁷ Op. cit. Note 28.
- ¹⁸⁸ Op. cit. Note 28.
- ¹⁸⁹ **Stalker, H.T. et Simpson, C.E.** 1995. Germplasm resources in *Arachis*. p.14–53 dans H.E. Pattee and H.T. Stalker ((Eds.)) *Advances in Peanut Science*. American Peanut Research and Education Society. Stillwater OK, États-Unis d'Amérique.
- ¹⁹⁰ **Pande, S. et Rao, N.J.** 2001. Resistance of wild *Arachis* species to late leaf spot and rust in greenhouse trials. *Plant Disease*, 85:851–855.
- ¹⁹¹ **da Cunha, F.B., Nobile, P.M., Hoshino, A.A., de Carvalho-Moretzsohn, M., Lopes, C.R. et Gimenes, M.A.** 2008. Genetic relationships among *Arachis hypogaea* L. (AABB) and diploid *Arachis* species with AA and BB genomes. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 55:15-20.
- ¹⁹² **Jarvis, A., Ferguson, M.E., Williams, D.E., Guarino, L., Jones, P.G., Stalker, H.T., Valls, J.F.M., Pittman, R.N., Simpson, C.E. et Bramel, P.** 2003. Biogeography of wild *Arachis*: Assessing conservation status and setting future priorities. *Crop Science*, 43:1100-1108.
- ¹⁹³ Op. cit. Note 34.
- ¹⁹⁴ Rapports nationaux: le Ghana, le Pérou, les Philippines et la Zambie signalent des préoccupations pour l'érosion génétique provoquée par les cultivars améliorés d'arachide.
- ¹⁹⁵ Op. cit. Note 192.
- ¹⁹⁶ **Upadhyaya, H.D.** Expert scientifique principal et chef, Banque de gènes, ICRISAT; communication personnelle 2009.
- ¹⁹⁷ **ICRISAT.** Les bases de données pour les données passeport et la caractérisation sont disponibles à l'adresse électronique: <http://test1.icrisat.org/>

- ¹⁹⁸ **ICRISAT**. 2009. Les informations sur l'arachide sont disponibles, en anglais, à l'adresse électronique: <http://www.icrisat.org/crop-groundnut.htm>
- ¹⁹⁹ **Upadhyaya, H.D., Bramel, P.J., Ortiz, R. et Singh, S.** 2002. Developing a mini-core of peanut for utilization of genetic resources. *Crop Science*, 42:2150-2156.
- ²⁰⁰ Op. cit. Note 196.
- ²⁰¹ Op. cit. Note 28.
- ²⁰² **James, G.L.** 2004. An introduction to sugar cane. p.1-19 dans G. James (ed.) *Sugarcane, 2nd Ed.* Blackwell Publishing. Oxford, Royaume-Uni.
- ²⁰³ Op. cit. Note 202 pour des informations détaillées sur le scénario taxonomique et autres.
- ²⁰⁴ Op. cit. Note 202..
- ²⁰⁵ **Berding, N. Hogarth, M. et Cox, M.** 2004. Plant improvement in sugarcane. p.20-53 dans G. James (ed.) *Sugarcane, 2nd Ed.* Blackwell Publishing. Oxford, Royaume-Uni.
- ²⁰⁶ Op. cit. Note 28.
- ²⁰⁷ **Panella, L. et Lewellen, R.T.** 2006. Broadening the genetic base of sugar beet: Introgression from wild relatives. *Euphytica*, 154: 383-400.
- ²⁰⁸ **Frese, L.** 2002. Combining static and dynamic management of PGR: A case study of *Beta* genetic resources. p.133-147 dans Engels, J.M.M., Ramanatha Rao, V., Brown, A.H.D. & Jackson, M.T. (Eds.) *Managing Plant Genetic Diversity*. IPGRI. Rome, Italie.
- ²⁰⁹ Op. cit Note 34.
- ²¹⁰ Op. cit Note 34.
- ²¹¹ Rapport national: Belgique.
- ²¹² Op. cit. Note 28.
- ²¹³ **GCDT**. 2006. Global conservation strategy for *Musa* (banana and plantain). Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures. Rome, Italie. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: <http://www.croptrust.org/documents/web/Musa-Strategy-FINAL-30Jan07.pdf>
- ²¹⁴ Ibid.
- ²¹⁵ Ibid.
- ²¹⁶ Op. cit. Note 34.
- ²¹⁷ Op. cit. Note 213.
- ²¹⁸ Op. cit. Note 34.
- ²¹⁹ Op. cit. Note 213.
- ²²⁰ Op. cit. Note 213.
- ²²¹ Op. cit. Note 23.
- ²²² Op. cit. Note 34.
- ²²³ Op. cit. Note 213.
- ²²⁴ Op. cit. Note 213.
- ²²⁵ Op. cit. Note 23.
- ²²⁶ Op. cit. Note 213.
- ²²⁷ Op. cit. Note 213.
- ²²⁸ Op. cit. Note 28.
- ²²⁹ Op. cit. Note 28.
- ²³⁰ Op. cit. Note 34.
- ²³¹ **Rai, K.N.** Expert scientifique principal (sélection du millet) et directeur, HarvestPlus-India Biofortification,

APPENDICE 4

- ICRISAT; communication personnelle 2009.
- ²³² **Bezançon, G., Pham, J.L., Deu, M., Vigouroux, Y., Cagnard, F., Mariac, C., Kapran, I., Mamadou, A., Gerard, B., Ndjeunga, J. et Chatereau, J.** 2009. Changes in the diversity and geographic distribution of cultivated millet (*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.) and sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) varieties in Niger between 1976 and 2003. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 56(2):223–236.
- ²³³ Rapport national: Ghana.
- ²³⁴ Rapport national: Malawi.
- ²³⁵ Rapport national: Népal.
- ²³⁶ Rapport national: Sri Lanka.
- ²³⁷ Rapport national: Yémen.
- ²³⁸ **Rai, K.N.** Expert scientifique principal (sélection du millet) et directeur, HarvestPlus-India Biofortification, ICRISAT; communication personnelle 2009.
- ²³⁹ ICRISAT. Les bases de données pour les données passeport et de caractérisation sont disponibles à l'adresse électronique: <http://test1.icrisat.org/>
- ²⁴⁰ **Upadhyaya, H.D., Gowda, C.L.L., Reddy, K.N. et Singh, S.** 2009. Augmenting the pearl millet [*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.] core collection for enhancing germplasm utilization in crop improvement. *Crop Science*, 49:57.580.
- ²⁴¹ **Upadhyaya, H.D., Pundir, R.P.S., Gowda, C.L.L., Reddy, V.G. et Singh, S.** 2009. Establishing a core collection of foxtail millet to enhance utilization of germplasm of an underutilized crop. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization*, 7:177-184.
- ²⁴² Taro, igname, chou caraïbe et racines et tubercules n'ayant pas été comptés ailleurs.
- ²⁴³ Op. cit. Note 28.
- ²⁴⁴ **GCDT.** 2007. Edible aroid conservation strategies [ébauche]. Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures. Rome, Italie.
- ²⁴⁵ Ibid.
- ²⁴⁶ Op. cit. Note 23.
- ²⁴⁷ Op. cit. Note 244.
- ²⁴⁸ Op. cit. Note 244.
- ²⁴⁹ Op. cit. Note 34.
- ²⁵⁰ Op. cit. Note 244.
- ²⁵¹ Rapport national: Madagascar.
- ²⁵² Rapport national: Kenya.
- ²⁵³ Rapport national: Ghana.
- ²⁵⁴ Rapport national: Ouganda.
- ²⁵⁵ Rapport national: Pérou.
- ²⁵⁶ Rapport national : Philippines.
- ²⁵⁷ Rapport national : Papouasie-Nouvelle-Guinée.
- ²⁵⁸ Rapport national: Grenade.
- ²⁵⁹ Op. cit. Note 23.
- ²⁶⁰ Op. cit. Note 244.
- ²⁶¹ Op. cit. Note 244.
- ²⁶² Op. cit. Note 23.
- ²⁶³ Op. cit. Note 244.

- ²⁶⁴ Op. cit. Note 23.
- ²⁶⁵ Op. cit. Note 244.
- ²⁶⁶ Op. cit. Note 244.
- ²⁶⁷ Op. cit. Note 244.
- ²⁶⁸ Rapport national: Ouganda.
- ²⁶⁹ Pois bambara, fève à cheval ou féverole à grain moyen, pois chiche, niébé, lentille, lupin, pois (sec), pois cajan, vesce et d'autres légumes secs n'ayant pas été comptés ailleurs.
- ²⁷⁰ Op. cit. Note 28.
- ²⁷¹ **GCDT**. 2008. Global strategy for the *ex situ* conservation of lentil (*Lens Miller*). Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures. Rome, Italie. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: http://www.croptrust.org/documents/web/LensStrategy_FINAL_3Dec08.pdf
- ²⁷² Op. cit. Note 251.
- ²⁷³ **GCDT**. 2008. Global strategy for the *ex situ* conservation of chickpea (*Cicer L.*). Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures. Rome, Italie. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: http://www.croptrust.org/documents/web/CicerStrategy_FINAL_2Dec08.pdf
- ²⁷⁴ Ibid.
- ²⁷⁵ **GCDT**. 2009. Global strategy for the *ex situ* conservation of faba bean (*Vicia faba L.*). Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures. Rome, Italie. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: http://www.croptrust.org/documents/web/Faba_Strategy_FINAL_21April09.pdf
- ²⁷⁶ Ibid.
- ²⁷⁷ **GCDT**. 2007. Strategy for the *ex situ* conservation of *Lathyrus* (grass pea), with special reference to *Lathyrus sativus*, *L. cicera*, *L. ochrus*. Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures. Rome, Italie. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: <http://www.croptrust.org/documents/web/Lathyrus-Strategy-FINAL-31Oct07.pdf>
- ²⁷⁸ Op. cit. Note 34.
- ²⁷⁹ Op. cit. Note 34.
- ²⁸⁰ Op. cit. Note 275.
- ²⁸¹ Op. cit. Note 275.
- ²⁸² Op. cit. Note 34.
- ²⁸³ Op. cit. Note 34.
- ²⁸⁴ Op. cit. Note 34.
- ²⁸⁵ Op. cit. Note 34.
- ²⁸⁶ Op. cit. Note 34.
- ²⁸⁷ Op. cit. Note 34.
- ²⁸⁸ Op. cit. Note 34.
- ²⁸⁹ Op. cit. Note 34.
- ²⁹⁰ Op. cit. Note 34.
- ²⁹¹ Op. cit. Note 34.
- ²⁹² Op. cit. Note 271.
- ²⁹³ Op. cit. Note 273.
- ²⁹⁴ Op. cit. Note 275.
- ²⁹⁵ Op. cit. Note 277.
- ²⁹⁶ Rapport national: Algérie.
- ²⁹⁷ Rapport national: Ghana.

APPENDICE 4

- ²⁹⁸ Rapport national: Malawi.
- ²⁹⁹ Rapport national: Maroc.
- ³⁰⁰ Rapport national: Zimbabwe.
- ³⁰¹ Rapport national: Népal.
- ³⁰² Rapport national: Pakistan.
- ³⁰³ Rapport national: Philippines.
- ³⁰⁴ Op. cit. Note 271.
- ³⁰⁵ Op. cit. Note 273.
- ³⁰⁶ Op. cit. Note 275.
- ³⁰⁷ Op. cit. Note 277.
- ³⁰⁸ Op. cit. Note 23.
- ³⁰⁹ Op. cit. Note 271.
- ³¹⁰ Op. cit. Note 273.
- ³¹¹ Op. cit. Note 23.
- ³¹² Op. cit. Note 273.
- ³¹³ Op. cit. Note 271.
- ³¹⁴ Op. cit. Note 271.
- ³¹⁵ Op. cit. Note 273.
- ³¹⁶ Op. cit. Note 275.
- ³¹⁷ Op. cit. Note 277.
- ³¹⁸ Op. cit. Note 196.
- ³¹⁹ Op. cit. Note 23.
- ³²⁰ Op. cit. Note 273.
- ³²¹ Op. cit. Note 271.
- ³²² Op. cit. Note 275.
- ³²³ Op. cit. Note 23.
- ³²⁴ Op. cit. Note 271.
- ³²⁵ Op. cit. Note 275.
- ³²⁶ Op. cit. Note 273.
- ³²⁷ **Upadhyaya, H.D. et Ortiz, R.** 2001. A mini-core subset for capturing diversity and promoting utilization of chickpea genetic resources in crop improvement. *Theor. Appl. Genet.*, 102:1292-1298.
- ³²⁸ **Upadhyaya, H.D., Reddy, L.J., Gowda, C.L.L., Reddy, K.N. et Singh, S.** 2006. Development of mini-core subset for enhanced and diversified utilization of pigeonpea germplasm resources. *Crop Science*, 46:2127-2132.
- ³²⁹ Op. cit. Note 275.
- ³³⁰ Op. cit. Note 273.
- ³³¹ Op. cit. Note 23.
- ³³² Op. cit. Note 277.
- ³³³ Op. cit. Note 273.
- ³³⁴ Op. cit. Note 271.
- ³³⁵ Op. cit. Note 196.
- ³³⁶ Op. cit. Note 277.
- ³³⁷ Op. cit. Note 277.
- ³³⁸ Op. cit. Note 28.
- ³³⁹ Rapport national: Géorgie.
- ³⁴⁰ Rapport national: Roumanie.

- ³⁴¹ Op. cit. Note 34.
- ³⁴² **GrapeGen06**. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: <http://www1.montpellier.inra.fr/grapegen06/accueil.php>
- ³⁴³ Rapport national: Portugal.
- ³⁴⁴ **Maul, E., Eiras Dias, J.E., Kaserer, H., Lacombe, T., Ortiz, J.M., Schneider, A., Maggioni, L. et Lipman, E.** (compilers) 2008. ECPGR Rapport d'un Groupe de travail sur *Vitis*. Première réunion, 12–14 juin 2003, Palić, Serbie et Monténégro. Bioversity International, Rome, Italie.
- ³⁴⁵ **Maghradze, D., Failla, O., Turok, J., Amanov, M., Avidzba, A., Chkhartishvili, N., Costantini, L., Cornea, V., Hausman, J-F., Gasparian, S., Gogishvili, K., Gorislavets, S., Maul, E., Melyan, G., Pollulyakh, A., Risovanava, V., Savin, G., Scienza, A., Smurigin, A., Troshin, L., Tsertsvadze, N. et Volynkin, V.** 2006. Conservation and sustainable use of grapevine genetic resources in the Caucasus and Northern Black Sea region. Poster présenté à la neuvième Conférence sur la génétique et la sélection du raisin, Udine, Italie, 2–6 juillet 2006. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique : <http://www.vitis.ru/pdf/magh2.pdf>
- ³⁴⁶ Rapport national: Grèce.
- ³⁴⁷ Rapport national: Portugal.
- ³⁴⁸ Op. cit. Note 344.
- ³⁴⁹ The European *Vitis* Database, Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: <http://www.eu-vitis.de/index.php>
- ³⁵⁰ Ibid. **GrapeGen06**.
- ³⁵¹ Amande, noix d'Amérique, anacarde, châtaigne, noisette, pistache, noix et les fruits à coque n'ayant pas été pris en compte ailleurs.
- ³⁵² Op. cit. Note 28.
- ³⁵³ Op. cit. Note 34.
- ³⁵⁴ WIEWS. Système mondial d'information et d'alerte rapide sur les ressources phytogénétiques. Disponible à l'adresse électronique: World Information and Early Warning System on PGRFA (WIEWS), http://apps3.fao.org/wiews/wiews.jsp?i_=FR
- ³⁵⁵ Op. cit. Note 34.
- ³⁵⁶ Op. cit. Note 34.
- ³⁵⁷ Op. cit. Note 354.
- ³⁵⁸ Op. cit. Note 354.
- ³⁵⁹ SAFENUT. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique : <http://safenut.casaccia.enea.it/>
- ³⁶⁰ Genetic Resources in Agriculture: A Summary of the Projects Co-Financed Under Council Regulation (EC) No 1467/94, Community Programme 1994-99. Disponible, en anglais, à l'adresse électronique: http://ec.europa.eu/agriculture/publi/genres/prog94_99_en.pdf
- ³⁶¹ Rapport national: Géorgie
- ³⁶² Rapport national: Liban.
- ³⁶³ Artichaut, asperge, haricots (verts), choux, carottes et navets, choux-fleurs et brocolis, piments et poivrons (verts), concombres et cornichons, aubergines, ail et légumes n'ayant pas été pris en compte ailleurs; laitue et chicorée, cantaloup et d'autres melons, pois (verts), citrouilles et courges, épinards, haricots (à filet), tomates, légumes frais n'ayant pas été pris en compte ailleurs.
- ³⁶⁴ Op. cit. Note 28.
- ³⁶⁵ Ibid. Note 354.
- ³⁶⁶ Allemagne, Brésil, Chine, États-Unis d'Amérique, Fédération de Russie, France, Inde, Japon et Philippines.

APPENDICE 4

³⁶⁷ Op. cit. Note 34.

³⁶⁸ Op. cit. Note 34.

³⁶⁹ Op. cit. Note 34.

³⁷⁰ Op. cit. Note 34.

³⁷¹ Op. cit. Note 34.

³⁷² Op. cit. Note 34.

³⁷³ Op. cit. Note 34.

³⁷⁴ Op. cit. Note 34.

³⁷⁵ Rapport national: Madagascar.

³⁷⁶ Rapport national: Trinité-et-Tobago.

³⁷⁷ Rapport national: Népal.

³⁷⁸ Rapport national: Pakistan.

³⁷⁹ Rapport national: Philippines

³⁸⁰ Rapport national: Tadjikistan.

³⁸¹ Rapport national: Grèce

³⁸² Rapport national: Irlande

Abréviations et sigles

AARI	Aegean Agricultural Research Institute of Turkey (Turquie – Institut de recherche agricole de la mer Egée)
AARINENA	Association des institutions de recherche agricole du Proche-Orient et d’Afrique du Nord
ABI	Institute for Agrobotany (Hongrie – Institut agrobotanique)
ACCI	Centre africain pour l’amélioration des cultures
ACIAR	Australian Centre for International Agricultural Research (Australie – Centre australien pour la recherche agricole internationale)
ACSAD	Centre arabe pour l’étude des zones arides et des terres sèches
AD-KU	Department of Agronomy, Faculty of Agriculture, University of Kasetsart (Thaïlande – Département d’agronomie, Faculté d’agriculture, Université de Kasetsart)
ADMARC	Agricultural Development and Marketing Corporation (Malawi – Société de développement et de commercialisation agricoles)
ADN	Acide déoxyribonucléique
ADPIC	Aspects des droits de propriété intellectuelle qui touchent au commerce
ADRAO	Association pour le développement de la riziculture en Afrique de l’Ouest
ARDR	Agriculture et développement rural durables
AEGIS	Système intégré européen de banques de gènes
AFLP	Polymorphisme de longueur de fragments amplifiés
AGRESEARCH	Margot Forde Forage Germplasm Centre, Agriculture Research Institute Ltd (Nouvelle-Zélande – Centre de matériel génétique des cultures fourragères Margot Forge, Institut de recherche agricole)
AICRP-Soybean	All India Coordinated Research Project on Soybean (Inde – projet de recherche coordonnée sur le soja)
AMFO	G.I.E. Amélioration Fourragère (France)
AMGRC	Australian Medicago Genetic Resource Centre, South Australian Research and Development Institute (Centre australien de ressources génétiques de medicago, Institut de recherche et développement de l’Australie du sud)
ANASE	Association des nations de l’Asie du Sud-Est
ANGOC	Coalition asiatique des ONG pour la réforme agraire et le développement rural
AOP	Appellation d’origine protégée
APAARI	Association des institutions de recherche agricole de l’Asie et du Pacifique
APPC	Alliance des pays producteurs de cacao
ARC (LB001)	Agricultural Research Centre (Jamahiriya arabe libyenne – Centre de recherche agricole)
ARC (SDN001)	Plant Breeding Section, Agricultural Research Corporation (Soudan-Section de la sélection végétale, Société de recherche agricole)

AREO	Agricultural Research and Education Organization (République islamique d'Iran – Organisation pour l'éducation et la recherche agricole)
ARI (ALB002)	Agricultural Research Institute (Albanie – Institut de recherche agricole)
ARI (CYP004)	National (CYPARI) Genebank, Agricultural Research Institute, Ministry of Agriculture, Natural Resources and Environment (Chypre – Banque de gènes nationale, Institut de recherche agricole, Ministère de l'agriculture, des ressources naturelles et de l'environnement)
ARIPO	Organisation régionale africaine de la propriété industrielle acide ribonucléique
ARN	
ASARECA	
Asdi	Agence suédoise de coopération internationale au développement
ASN	Réseau africain des semences
ASPNET	Asia-Pacific Network (Réseau Asie-Pacifique)
ASTM	Académie des sciences du tiers-monde
ATCFC	Australian Tropical Crops & Forages Genetic Resources Centre (Australie – Centre pour les ressources génétiques des cultures tropicales et fourragères)
ATFCC	Australian Temperate Field Crops Collection (Australie – Collection des cultures tempérées)
ATTM	Accord type relatif au transfert de matériel
AusPGRIS	Australian Plant Genetic Resource Information Service (Service australien d'information sur les ressources phytogénétiques)
AVRDC	World Vegetable Centre (jadis Centre asiatique de recherche et développement pour les légumes)
AWCC	Australian Winter Cereals Collection (Collection australienne de céréales d'hiver)
AYR-DPI	Mango Collection, Ayr, Department of Primary Industries (Australie – Collection de mangue, Département des industries primaires)
BAAFS	Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences (Chine – Académie de Beijing de l'agriculture et des sciences forestières)
BAL	Banco Activo de Germoplasma de Papa, Forrajeras y Girasol Silvestre (Argentine – Banque de matériel génétique de la pomme de terre, des cultures fourragères et du tournesol sauvage)
BAP	Banco Activo de Germoplasma de Pergamino (Argentine – Banque de matériel génétique de Pergamino)
BAPNET	Banana Asia Pacific Network (Réseau bananier pour l'Asie et le Pacifique)

BARI	Plant Genetic Resources Centre (Bangladesh – Centre des ressources phylogénétiques)
BARNESA	Réseau de recherche sur les bananiers en Afrique orientale et australe
BAZ	Federal Centre of Breeding Research on Cultivated Plants, Braunschweig (Allemagne – Centre fédéral de recherches de sélection sur les plantes cultivées)
BB	Banana Board (Jamaïque – Conseil du bananier)
BBC-INTA	Banco Base de Germoplasma, Instituto de Recursos Biológicos, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (Argentine – Banque de matériel génétique, Institut des ressources biologiques, Institut national de technologies agricoles)
BCA	Bunda College of Agriculture (Malawi – Institut supérieur d'agriculture de Bunda)
BCCCA	Biscuit, Cake, Chocolate and Confectionary Association (Association des industries de biscuits, de gâteaux, de chocolat et de confiserie)
BECA	Biosciences Afrique orientale et centrale
BGCI	Botanical Garden Conservation International (Association internationale pour la conservation des jardins botaniques)
BGRI	Initiative mondiale de Borlaug contre la rouille du blé
BGUPV	Generalidad Valenciana, Universidad Politécnica de Valencia, Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos, Banco de Germoplasma (Espagne – Generalitat valencienne, Université polytechnique de Valence, École technique supérieure d'ingénieurs agronomes, Banque de matériel génétique)
BG-VU	Botanical Garden, Vilnius University (Lituanie – Jardins botaniques, Université de Vilnius)
BID	Banque interaméricaine de développement
BID	Banque islamique de développement
BINA	Bangladesh Institute of Nuclear Agriculture (Bangladesh – Institut d'agriculture nucléaire)
BJRI	Bangladesh Jute Research Institute (Bangladesh – Institut de recherche sur le jute)
BNGGA-PROINPA	Fundación para la Promoción e Investigación de Productos Andinos, Regional Altiplano (État plurinational de Bolivie – Fondation pour la promotion et la recherche des produits andins, Haut-plateau régional)
BNGTRA-PROINPA	Banco Nacional de Germoplasma de Tubérculos y Raíces Andinas, Fundación para la Promoción e Investigación de Productos Andinos (État plurinational de Bolivie – Banque nationale de gènes de racines et tubercules andins, Fondation pour la promotion et la recherche des produits andins)
BPGV-DRAEDM	Portuguese Bank of Plant Germplasm (Portugal – Banque de matériel phylogénétique)

BRDO	Biotechnology Research and Development Office (Thaïlande – Bureau de la recherche et du développement biotechnologiques)
BRGV Suceava BYDG	Suceava Genebank (Roumanie – Banque de gènes Suceava) Botanical Garden of Plant Breeding and Acclimatization Institute (Pologne – Jardin botanique de la sélection végétale et institut d’acclimatation)
CAAS CABMV CACAARI	Académie chinoise des sciences agricoles Virus de la mosaïque du niébé transmis par le puceron Central Asia and the Caucasus Association of Agricultural Research Institutions (Association de l’Asie Centrale et du Caucase des institutions de recherche agricole)
CacaoNet	Global Cacao Genetic Resources Network (Réseau mondial des ressources génétiques du cacao)
CACN-PGR	Central Asian and Caucasian Network on Plant Genetic Resources (Réseau de l’Asie centrale et du Caucase sur les ressources phytogénétiques)
CAPGERNET CARDI	Réseau des Caraïbes Institut de recherche et de développement agricoles des Caraïbes
CARPAB CAS-IP	Centre africain de recherches sur bananiers et plantains Central Advisory Service on Intellectual Property (Service consultatif central sur la propriété intellectuelle)
CATIE	Centre agronomique tropical de recherche et d’enseignement
CBDC	Programme sur le développement et la conservation de la biodiversité dans les communautés
CBG	Central Botanical Garden (Azerbaïdjan – Jardin botanique central)
CBICAU	Crop Breeding Institute (Zimbabwe – Institut pour la sélection des cultures)
CBNA	Conservatoire botanique national alpin de Gap-Charance (France)
CC CCRI	Cartón de Colombia S.A Central Cotton Research Institute, Multan (Pakistan – Institut central de recherche sur le coton)
CCSM-IASP	Centro di Citricultura «Sylvio Moreira», Instituto Agronomico de São Paulo (Brésil – Centre de culture des agrumes «Sylvio Moreira», Institut agronomique de São Paulo)
CDB CEARD	Convention sur la diversité biologique Centre of Excellence for Agrobiodiversity Resources and Development (Chine – Centre d’excellence pour les ressources et le développement de la biodiversité agricole)
CEDEAO CEI CENARGEN	Communauté économique des États de l’Afrique de l’Ouest Communauté d’États indépendants Embrapa Recursos Genéticos et Biotecnologia (Brésil Ressources génétiques et biotechnologies de l’Embrapa)

CENICAFE	Centro Nacional de Investigaciones de Café «Pedro Uribe Mejía», Federación Nacional de Cafeteros de Colombia (Colombie – Centre national de recherche sur le café «Pedro Uribe Mejía», Fédération nationale de producteurs de café)
CePaCT	Centre d'étude des cultures et des arbres du Pacifique
CEPEC	Centro de Pesquisa do Cacao (Brésil – Centre de recherche sur le cacao)
CERI	Cereal Institute, National Agricultural Research Foundation (Grèce – Institut des céréales, Fondation nationale de recherche agricole)
CGN	Centre pour les ressources génétiques
CIAT	Centre international d'agriculture tropicale
CICR	Central Institute for Cotton Research (Inde – Institut central de recherche sur le coton)
CIFACOR	Junta de Andalucía, Instituto Andaluz de Investigación Agroalimentaria y Pesquera, Centro de Investigación y Formación Agroalimentaria Córdoba (Espagne – Conseil d'Andalousie, Institut de recherche agroalimentaire et sur la pêche, Centre de recherche et de formation agroalimentaire)
CIFAP-CAL	Centro de Investigaciones Forestales y Agropecuarias, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (Mexique – Centre de recherches forestières et agricoles, Institut national de recherches forestières, agricoles et sur l'élevage)
CIFP	Centro de Investigaciones Fitoecogenéticas de Pairumani (État plurinational de Bolivie – Centre de recherches phytoécogénétiques)
CIMMYT	Centre international d'amélioration du maïs et du blé
CIP	Centre international de la pomme de terre
CIPV	Convention internationale pour la protection des végétaux
CIRA	Centres internationaux de recherche agronomique
CIRAD	Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (France)
CIRAF	Centre international pour la recherche en agroforesterie (à présent Centre mondial d'agroforesterie)
CIRP	Conseil international des ressources phytogénétiques
CISH	Central Institute of Subtropical Horticulture (Inde – Institut central d'horticulture subtropicale)
CITH	Central Institute of Temperate Horticulture (Inde – Institut central d'horticulture tempérée)
CLAN	Cereal and Legume Asia Network (Réseau asiatique des céréales et des légumineuses)
Clayuca	Consorcio Latinoamericano y del Caribe de Apoyo a la Investigación y al Desarrollo de la Yuca (Consortium de l'Amérique latine et des Caraïbes de soutien pour la recherche et la mise au point du manioc)
CN	Centre néerlandais (Côte d'Ivoire)

CNPA	Embrapa Algodão (Brésil – Embrapa coton)
CNPAF	Embrapa Arroz e Feijão (Brésil – Embrapa riz et haricot)
CNPAT	Embrapa Agroindústria Tropical (Brésil – Embrapa agro-industries tropicales)
CNPF	Embrapa Florestas (Brésil – Embrapa forêts)
CNPGC	Embrapa Gado de Corte (Brésil)
CNPH	Embrapa Hortaliças (Brésil – Embrapa légumes)
CNPMF	Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical (Brésil – Embrapa manioc et fruits tropicaux)
CNPM5	Embrapa Milho e Sorgo (Brésil – Embrapa millet et sorgho)
CNPq	Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (Brésil – Conseil national pour le développement scientifique et technologique)
CNPSO	Embrapa Soja (Brésil – Embrapa soja)
CNPT	Embrapa Trigo (Brésil – Embrapa blé)
CNPUV	Embrapa Uva e Vinho (Brésil – Embrapa raisin et vigne)
CNRR1	China National Rice Research Institute (Chine – Institut de recherche nationale sur le riz)
CNUED	Conférence des Nations Unies sur l’environnement et le développement
COILLTE	Coillte Teorante, The Irish Forestry Board (Irlande – Conseil forestier irlandais)
CONSEFORH	Proyecto de Conservación y Silvicultura de Especies Forestales de Honduras (Honduras – Projet de conservation et de sylviculture des espèces forestières)
COP	Conférence des Parties à la Convention sur la diversité biologique
COR	National Clonal Germplasm Repository, United States Department of Agriculture, Agricultural Research Services (États-Unis d’Amérique – Dépôt national de matériel génétique clonal, Département de l’agriculture, Services de recherche agricole)
CORAF/WECARD	Conseil ouest et centre africain pour la recherche et le développement agricoles
CORBANA	Corporación Bananera Nacional S.A. (Costa Rica – Société bananière nationale)
CORPOICA	Centro de Investigación La Selva, Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (Colombie – Centre de recherche La Selva, Société colombienne de recherche agricole)
CORRA	Council for Partnerships on Rice Research in Asia (Conseil pour les partenariats de recherche sur le riz en Asie)
COT	Crop Germplasm Research Unit, United States Department of Agriculture, Agricultural Research Services (États-Unis d’Amérique – Unité de recherche sur le matériel génétique des cultures, Département de l’agriculture, Services de recherche agricole)

CPAA	Embrapa Amazônia Ocidental (Brésil – Embrapa Amazonie occidentale)
CPACT/Embrapa	Embrapa Clima Temperado (Brésil – Embrapa climat tempéré)
CPATSA	Embrapa Semi-Árido (Brésil – Embrapa climat semi-aride)
CPBBD	Central Plant Breeding and Biotechnology Division, Nepal Agricultural Research Council (Népal – Division centrale de la sélection végétale et des biotechnologies, Conseil de recherche agricole)
CPRI	Central Potato Research Institute (Inde – Institut central de recherche sur la pomme de terre)
CPS	Secrétariat de la Communauté du Pacifique
CRA-CAT	Consiglio per la Ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura Unità di ricerca per le Colture alternative al Tabacco (Italie – Conseil pour la recherche et pour l'expérimentation en agriculture, Unité de recherche pour les cultures alternatives au tabac)
CRA-FLC	Consiglio per la Ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura - Unità di Ricerca per le Colture alternative al Tabacco (Italie)
CRA-FRF	Consiglio per la Ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura – Unità di ricerca per la Frutticoltura (Italie – Conseil pour la recherche et pour l'expérimentation en agriculture, Unité de recherche pour la culture fruitière)
CRA-FRU	Consiglio per la Ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura – Centro di Ricerca per la Frutticoltura (Italie - Conseil pour la recherche et l'expérimentation dans l'agriculture, Centre de recherche pour la culture fruitière)
CRAGXPP	Département Lutte biologique et Ressources phytogénétiques, Centre de recherches agronomiques de Gembloux, Ministère des classes moyennes et de l'agriculture (Belgique)
CRA-OLI	Consiglio per la Ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura – Centro di Ricerca per l'Olivicoltura e l'Industria Olearia (Italie – Conseil pour la recherche et pour l'expérimentation en agriculture, Centre de recherche pour l'oléiculture et pour l'industrie de l'huilerie)
CRA-VIT	Centro per la Ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura – Centro di Ricerca per la Viticoltura (Italie – Centre pour la recherche et pour l'expérimentation, Centre de recherche pour la viticulture)
CRC	Central Romana Corporation (République dominicaine)
CRDI	Centre de recherche pour le développement international
CRGAA	Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture
CRI	Citrus Research Institute, Académie chinoise des sciences agricoles (Chine – Institut de recherche sur les agrumes)
CRIA	Central Research Institute for Agriculture (Indonésie – Institut central de recherche sur l'agriculture)

CRIG	Cocoa Research Institute of Ghana (Ghana – Institut de recherche sur le cacao)
CRIN	Cocoa Research Institute of Niger (Niger – Institut de recherche sur le cacao)
CRL CRU	Centre de recherches de Lethbridge, Agriculture Canada Cocoa Research Unit, University of West Indies (Trinité-et-Tobago – Unité de recherche sur le cacao, Université des Indes occidentales)
CSFRI	Citrus and Subtropical Fruit Research Institute (Afrique du Sud – Institut de recherche sur les agrumes et sur les fruits subtropicaux)
CSIRO	Organisation de la recherche scientifique et industrielle du Commonwealth
CTA CTC	Centre technique de coopération agricole et rurale Centro de Tecnologia Canavieira (Brésil – Centre de technologie de Canavieira)
CTRI	Central Tobacco Research Institute (Inde – Institut central de recherche sur le tabac)
DANAC	Fundación para la Investigación Agrícola DANAC (République bolivarienne du Venezuela – Fondation pour la recherche agricole DANAC)
DAR	Department of Agricultural Research, Ministry of Agriculture (Botswana – Département de la recherche agricole, Ministère de l'agriculture)
DArT DAV	Diversity Arrays Technology National Germplasm Repository, United States Department of Agriculture, Agricultural Research Services, University of California (États-Unis d'Amérique – Dépôt national de matériel génétique, Département de l'agriculture, Services de recherche agricole, Université de Californie)
DB NRRC	Dale Bumpers National Rice Research Centre (États-Unis d'Amérique – Centre national de recherche sur le riz Dale Bumpers)
DBGERMO	Sistema para la Documentación de Recursos Genéticos Vegetales (Argentine – Système de documentation des ressources phytogénétiques)
DCRS	Dodo Creek Research Station, Ministry of Home Affairs and Natural Development (Îles Salomon – Station de recherche de Dodo Creek, Ministère des affaires intérieures et du développement de la nature)
DDC DENAREF	Direction du développement et de la coopération (Suisse) Departamento Nacional de Recursos Fitogenéticos y Biotecnología (Équateur – Département national des ressources phytogénétiques et des biotechnologies)
DFS	Artemis'k Experimental Station (Ukraine – Station expérimentale Artemis'k)

DGCB-UM	Department of Genetics and Cellular Biology, University Malaya (Malaisie – Département de génétique et de biologie cellulaire, Université Malaya)
DLP Laloki	Dry-lowlands Research Programme, Laloki (NARI) (Papouasie-Nouvelle-Guinée – Programme de recherche sur les plaines arides)
DOA	Department of Agriculture, Papua New Guinea University of Technology (Papouasie-Nouvelle-Guinée – Département de l'agriculture, Université de technologie)
DOR	Directorate of Oilseeds Research (Inde – Direction de la recherche sur les graines oléagineuses)
DPI	Droit de propriété intellectuelle
DTRUFC	Division of Tropical Research, United Fruit Company (Honduras – Division de la recherche tropicale)
EA-PGR	Regional Network for Conservation and Use of Plant Genetic Resources in East Asia (Réseau régional pour la conservation et l'utilisation des ressources phylogénétiques en Asie de l'Est)
EAPGREN	Réseau sur les ressources phylogénétiques d'Afrique orientale
EAPZ	Escuela Agrícola Panamericana El Zamorano (Honduras – École agricole panaméricaine El Zamorano)
EARTH	Escuela de Agricultura de la Región Tropical Humeda (Costa Rica – École d'agriculture de la région tropicale humide)
ECICC	Estación Central de Investigaciones de Café y Cacao (Cuba – Station centrale de recherche sur le café et sur le cacao)
ECPGR	Programme européen de coopération pour les ressources phylogénétiques
EEA INTA Anguil	Estación Experimental Agropecuaria «Ing. Agr. Guillermo Covas (Argentine – Station expérimentale agricole «Ing. Agr. Guillermo Covas»)
EEA INTA Cerro Azul	Estación Experimental Agropecuaria Cerro Azul (Argentine – Station expérimentale agricole Cerro Azul)
EENP	Estación Experimental Napo-Payamino (Équateur – Station expérimentale Napo-Payamino)
EETP	Estación Experimental Pichilingue (Équateur – Station expérimentale Pichilingue)
EFOPP	Enterprise for Extension and Research in Fruit Growing and Ornamentals (Hongrie – Entreprise de vulgarisation et de recherche sur les fruits et les plantes décoratives)
EM	Évaluation des écosystèmes pour le Millénaire
Embrapa	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria (Brésil – Entreprise de recherche agricole)
ENSCONET	European Native Seed Conservation Network (Réseau européen pour la conservation des semences locales)
ePIC	Electronic Plant Information Centre (Royaume-Uni – Centre électronique d'information sur les plantes)

ESCORENA	Système européen de réseaux coopératifs de recherche en agriculture
EUFORGEN	Programme européen des ressources génétiques forestières
EURISCO	European Internet Search Catalogue (Catalogue européen de recherche sur Internet)
EWS R&D	East West Seed Research and Development Division (Bangladesh – Division de la recherche et de la mise au point des semences Est-Ouest)
FAO	Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture
FAOSTAT	Base de données statistiques fondamentales de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture
FARA	Forum pour la recherche agricole en Afrique
FAST	Faculté des sciences et techniques (Bénin)
FCRI	Food Crops Research Institute (Viet Nam – Institut de recherche sur les cultures vivrières)
FCRI-DA	Field Crops Research Institute – Department of Agriculture (Thaïlande – Institut de recherche sur les cultures de plein champ, Département de l'agriculture)
FEM	Fonds pour l'environnement mondial
FF.CC.AA.	Facultad de Ciencias Agrarias (Pérou – Faculté de sciences agraires)
FHIA	Fundación Hondureña de Investigación Agrícola (Honduras – Fondation hondurienne de recherches agricoles)
FIDA	Fonds international de développement agricole
FIGS	Focused Identification of Germplasm Strategy (Stratégie d'identification ciblée de matériel génétique)
FIPA	Fédération internationale des producteurs agricoles
FIS	Fondation internationale pour la science
FIS	Fédération internationale des semences
FMRA	Forum mondial de la recherche agricole
FONTAGRO	Fonds régional pour la technologie agricole
FORAGRO	Forum des Amériques pour la recherche agricole et le développement technologique
FPC	Firestone Plantations Company (Libéria)
FRIM	Forest Research Institute of Malaysia (Institut de recherches forestières de la Malaisie)
FRUCTUS	Association suisse pour la sauvegarde du patrimoine fruitier (Suisse)
GBREMIR	East Malling Research (Royaume-Uni)
GBWS	Germplasm Bank of Wild Species (Chine – Banque de matériel génétique des espèces sauvages)
GCDT	Fonds fiduciaire mondial pour la diversité des cultures
GCP	Generation Challenge Programme
GCRAI	Groupe consultatif pour la recherche agricole internationale
GEN	Plant Genetic Resources Unit, Cornell University, New York State Agricultural Experiment Station, United States

	Department of Agriculture, Agricultural Research Services (États-Unis d'Amérique – Unité des ressources phytogénétiques, Université Cornell, Station expérimentale agricole de l'État de New York, Département de l'agriculture, Services de recherche agricole)
GEVES	Unité expérimentale de Sophia-Antipolis, Groupe d'étude et de contrôle des variétés et des semences (France)
GIEC	Groupe d'experts intergouvernemental sur l'évolution du climat
GIPB	Initiative de partenariat mondial pour le renforcement des capacités de sélection végétale
GMZ	Zone de gestion des gènes
GPS	Système de positionnement mondial
GRI	Genetic Resources Institute (Azerbaïdjan – Institut des ressources génétiques)
GRIN	Réseau d'information sur les ressources en matériel génétique
Groupe ETC	Groupe d'action sur l'érosion, la technologie et la concentration
GRPI	Initiative sur les politiques de ressources génétiques de Biodiversity International
GSC	Guyana Sugar Corporation, Breeding and Selection Department (Département de l'amélioration et de la sélection)
GSLY	C.M. Rick Tomato Genetics Resource Centre (États-Unis d'Amérique – Centre des ressources génétiques des tomates C.M. Rick)
GSPC	Stratégie mondiale de conservation des ressources phytogénétiques
GTZ	Deutsche Gesellschaft für Technische Zusammenarbeit (Allemagne – Office allemand de la coopération technique)
HBROD	Potato Research Institute Havlickuv Brod Ltd. (République tchèque – Institut de recherche sur la pomme de terre de Havlickuv Brod)
HOLOVOU	Research and Breeding Institute of Pomology, Holovousy Ltd. (République tchèque – Institut de recherche et de sélection de pomologie)
HRC, MARDI	Horticulture Research Centre, Malaysian Agricultural Research and Development Institute (Malaisie – Centre de recherche sur l'horticulture, Institut de recherche et de développement agricole)
HRI-DA/THA	Horticultural Research Institute, Department of Agriculture (Thaïlande – Institut de recherche horticole, Département de l'agriculture)
HRIGRU	Horticultural Research International, University of Warwick, Genetic Resources Unit (Royaume-Uni – Organisation internationale de recherche horticole, Université de Warwick, Unité des ressources génétiques)

HSCRI	Horticulture and Subtropical Crops Research Institute (Azerbaïdjan – Institut de recherche sur l’horticulture et sur les cultures subtropicales)
IAC	Instituto Agronómico de Campinas (Brésil – Institut agronomique de Campinas)
IAO	Istituto Agronomico per l’Oltremare (Italie – Institut agronomique d’outremer)
IAPAR	Instituto Agronomico do Paranà (Brésil – Institut agronomique du Paranà)
IARI	Indian Agricultural Research Institute (Institut indien de recherches agricoles)
IBC	Institute of Biodiversity Conservation (Éthiopie – Institut de conservation de la biodiversité)
IBERS-GRU	Institute of Biological, Environmental & Rural Sciences, Genetic Resources Unit, Aberystwyth University (Royaume-Uni – Institut de sciences biologiques, environnementales et rurales, Unité des ressources génétiques, Université d’Aberystwyth)
IBN-DLO	Institute for Forestry and Nature Research (Pays-Bas – Institut de recherches forestières et sur la nature)
IBONE	Instituto de Botánica del Nordeste, Universidad Nacional de Nordeste, Consejo Nacional de Investigaciones Cientificas y Técnicas (Argentine – Institut de botanique du Nord-Est, Université nationale du Nord-Est, Conseil national de recherches scientifiques et techniques)
IBOT	Jardim Botânico de São Paulo (Brésil – Jardin botanique de São Paulo)
ICA/REGION 1	Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria Tibaitata (Colombie – Société colombienne de recherche agricole de Tibaitata)
ICA/REGION 5	Centro de Investigación El Mira, Instituto Colombiano Agropecuario El Mira (Colombie – Centre de recherche El Mira, Institut agricole colombien El Mira)
ICA/REGION 5	Centro de Investigaciones de Palmira, Instituto Colombiano Agropecuario Palmira (Colombie – Centre de recherches de Palmira, Institut agricole colombien de Palmira)
ICABIOGRAD	Indonesian Centre for Agricultural Biotechnology and Genetic Resources Research and Development (Indonésie – Centre indonésien pour la recherche et le développement des biotechnologies agricoles et des ressources génétiques)
ICAR	Indian Council of Agricultural Research (Conseil indien de recherche agricole)
ICARDA	Centre international de recherches agricoles dans les régions sèches
ICBA	Centre international d’agriculture biosaline

ICCI-TELAVUN	Lieberman Germplasm Bank, Institute for Cereal Crops Improvement, Tel-Aviv University (Israël – Banque de matériel génétique Lieberman, Institut pour l'amélioration des cultures céréalières, Université de Tel-Aviv)
ICCPT Fundul	Research Institute for Cereals and Technical Plants, Fundulea (Roumanie – Institut de recherche pour les céréales et les plantes techniques)
ICGN	Réseau international du génome du café
ICGR-CAAS	Institute of Crop Germplasm Resources, Académie chinoise des sciences agricoles (Institut des ressources génétiques des cultures)
ICGT	International Cocoa Genebank (Trinité-et-Tobago – Banque de gènes internationale du cacao)
ICPP Pitesti	Fruit Growing Research Institute, Maracineni-Arges (Roumanie Institut de recherche pour la culture des fruits)
ICRISAT	Institut international de recherche sur les cultures des zones tropicales semi-arides
ICRR	Indonesian Centre for Rice Research (Centre indonésien de recherche sur le riz)
ICVV Valea C	Wine Growing Research Institute, Valea Calugareasca-Prahova (Roumanie – Institut de recherche sur la production de vin)
IDEFOR	Institut pour le développement des forêts (Côte d'Ivoire)
IDEFOR-DCC	Département du café et du cacao, Institut pour le développement des forêts (Côte d'Ivoire)
IDEFOR-DPL	Département des plantes à latex, Institut pour le développement des forêts (Côte d'Ivoire)
IDESSA	Institut des savanes (Côte d'Ivoire)
IDI	International Dambala (Winged Bean) Institute (Sri Lanka – Institut international du Dambala [pois carré])
IFVCNS	Institute for Field and Vegetable Crops (Serbie – Institut pour les cultures de plein champ et légumières)
IGB	Israel Gene Bank for Agricultural Crops, Agricultural Research Organization, Volcani Centre (Banque de gènes israélienne pour les cultures agricoles, Organisation de recherche agricole, Centre Volcani)
IGC	Comité intergouvernemental de l'OMPI de la propriété intellectuelle relative aux ressources génétiques, aux savoirs traditionnels et au folklore
IGFRI	Indian Grassland and Fodder Research Institute (Institut indien de recherche sur les herbages et les fourrages)
IGV	Istituto di Genetica Vegetale, Consiglio Nazionale delle Ricerche (Italie – Institut de génétique végétale, Conseil national des recherches)
IHAR	Plant Breeding and Acclimatization Institute (Pologne – Institut de la sélection végétale et de l'acclimatation)
IICA	Institut interaméricain de coopération pour l'agriculture

IIT	Instituto de Investigaciones del Tabaco (Cuba – Institut de recherches sur le tabac)
IITA	Institut international d'agriculture tropicale
ILETRI	Indonesian Legume and Tuber Crops Research Institute (Institut indonésien de recherche sur les légumineuses et les tubercules)
ILK	Institute of Bast Crops (Ukraine – Institut des cultures libériennes)
ILRI	Institut international de recherches sur l'élevage
IMIACM	Comunidad de Madrid, Dirección General de Agricultura y Desarrollo Rural, Instituto Madrileño de Investigación Agraria y Alimentaria (Espagne – Communauté de Madrid, Direction générale de l'agriculture et du développement rural, Institut de recherche agraire et alimentaire de Madrid)
INBAR	Réseau international sur le bambou et le rotin
INCANA	Inter-regional Network on Cotton in Asia and North Africa (Réseau interrégional sur le coton en Asie et en Afrique du Nord)
INCORD	Cotton Institute for Research and Development (Viet Nam – Institut du coton pour la recherche et le développement)
INERA	Institut national pour l'étude et la recherche agronomique (Congo)
INGENIC	International Group for the Genetic Improvement of Cocoa (Groupe international pour l'amélioration génétique du cacao)
INGER	Réseau international pour l'évaluation génétique du riz
INIA CARI	Centro Regional de Investigación, Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas, Carillanca (Chili – Centre régional de recherche, Institut national de recherches agricoles)
INIA INTIH	Banco Base, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Intihuasi (Chili – Banque de base, Institut de recherches agricoles)
INIA-CENIAP	Centro Nacional de Investigaciones Agropecuarias, Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (République bolivarienne du Venezuela – Centre national de recherches agricoles, Institut national de recherches agricoles)
INIACRF	Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Centro de Recursos Fitogenéticos (Espagne – Institut national de recherche et de technologies agraires et agricoles, Centre des ressources phylogénétiques)
INIA-EEA.ILL	Estación Experimental Agraria, Illpa (Pérou – Station agraire expérimentale)
INIA-EEA.POV	Estación Experimental Agraria, El Porvenir (Pérou – Station agraire expérimentale)
INIAFOR	Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Centro de Investigaciones Forestales (Espagne)

	– Institut national de recherche et de technologies agraires et alimentaires, Centre de recherches forestières)
INIA-Iguala	Estación de Iguala, Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (Mexique – Station d'Iguala, Institut national de recherches agricoles)
INIAP	Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (Équateur – Institut national de technologies agricoles)
INIBAP	Réseau international pour l'amélioration de la banane et de la banane plantain
INICA	Instituto Nacional de Investigación de la Caña de Azúcar (Cuba – Institut national de recherche sur la canne à sucre)
INIFAP	Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (Mexique – Institut national de recherches forestières, agricoles et sur l'élevage)
INIFAT	Instituto de Investigaciones Fundamentales en Agricultura Tropical «Alejandro de Humboldt» (Cuba – Institut de recherches fondamentales en agriculture tropicale Alejandro de Humboldt)
INRA Bordeaux (FRA057)	Institut national de la recherche agronomique/Unité de recherches sur espèces fruitières et vigne (France)
INRA Bordeaux (FRA219)	Institut national de la recherche agronomique/Recherches forestières (France)
INRA INRA/Angers	Institut national de la recherche agronomique (France) Institut national de la recherche agronomique/Station d'amélioration des espèces fruitières et ornementales (France)
INRA/CRRAS	Institut national de la recherche agronomique (France)/ Centre régional de la recherche agronomique de Settat (Maroc)
INRA/ENSA-M	Institut national de la recherche agronomique/Station de recherches viticoles (France)
INRA-Clermont	Institut national de la recherche agronomique/Station d'amélioration des plantes (France)
INRA-Dijon	Institut national de la recherche agronomique/Station de génétique et d'amélioration des plantes (France)
INRA-Montpellier	Institut national de la recherche agronomique/Station de génétique et d'amélioration des plantes (France)
INRA-Poitou	Institut national de la recherche agronomique/Station d'amélioration des plantes fourragères (France)
INRA-Rennes (FRA010)	Institut national de la recherche agronomique/Station d'amélioration des plantes (France)
INRA-Rennes (FRA179)	Institut national de la recherche agronomique/Station d'amélioration pomme de terre et plantes à bulbes (France)
INRA-UGAFL	Institut national de la recherche agronomique/Unité de génétique et amélioration des fruits et légumes (France)
INRENARE	Instituto Nacional de Recursos Naturales Renovables (Panama – Institut national de ressources naturelles renouvelables)

IOB	Institute of Vegetable and Melon Growing (Ukraine – Institut de la culture des légumes et du melon)
IOPRI	Indonesian Palm Oil Research Institute (Institut indonésien de recherche sur le palmier à huile)
IPB-UPLB	Institute of Plant Breeding, College of Agriculture, University of the Philippines, Los Baños College (Philippines – Institut de la sélection végétale, Institut supérieur d'agriculture, Université des Philippines, Institut supérieur de Los Baños)
IPEN	International Plant Exchange Network (Réseau international d'échange des plantes)
IPGR	Institute for Plant Genetic Resources «K.Malkov» (Bulgarie – Institut pour les ressources phylogénétiques «K.Malkov»)
IPGRI	Institut international des ressources phylogénétiques (à présent Biodiversity International)
IPK (DEU146)	Genebank, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (Allemagne – Banque de gènes, Institut Leibniz de recherche sur la phylogénétique et les plantes cultivées)
IPK (DEU159)	External Branch North of the Department Genebank, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Potato Collection in Gross-Luesewitz (Allemagne – Filière externe nord de la banque de gènes du département, Institut Leibniz de recherche sur la phylogénétique et les plantes cultivées, Collection de pommes de terre, Gross-Luesewitz)
IPK (DEU271)	External Branch North of the Department Genebank, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, Oil Plants and Fodder Crops in Malchow (Allemagne – Filière externe nord de la banque de gènes du département, Institut Leibniz de recherche sur la phylogénétique et les plantes cultivées, Cultures oléagineuses et fourragères, Malchow)
IPRBON	Institute for Potato Research, Bonin (Pologne – Institut de recherche sur la pomme de terre)
IPSR	Department of Applied Genetics, John Innes Centre, Norwich Research Park (Royaume-Uni – Département de génétique appliquée, Centre John Innes, Parc de recherche de Norwich)
IR	Institute of Plant Production n.a. V.Y. Yurjev of UAAS (Ukraine – Institut de la production végétale n.a.V.Y.Yurjev de UAAS)
IRCC/CIRAD	Institut de recherches du café et du cacao et autres plantes stimulantes/Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (Côte d'Ivoire)
IRCT/CIRAD	Département des cultures annuelles/Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (France)
IRRI	Institut international de recherches sur le riz
IRTAMB	Generalitat de Catalunya, Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries, Centre Mas Bové (Espagne – Generalitat

	de Catalogne, Institut de recherche et de technologies agroalimentaires, Centre Mas Bové)
ISAR	Institut de sciences agronomiques du Rwanda
ISRA-URCI	Institut sénégalais de recherche agricole-Unité de recherche commune en culture <i>in vitro</i>
ITRA	Institut togolais de recherche agronomique
IVM	Institute of Grape and Wine «Maharach» (Ukraine – Institut des raisins et du vin «Maharach»)
JARC	Jimma Agricultural Research Centre (Éthiopie – Centre de recherche agricole Jimma)
JICA	Agence japonaise de coopération internationale
JIRCAS	Japan International Research Centre for Agricultural Sciences (Japon – Centre international de recherche pour les sciences agricoles)
JKI (DEU098)	Julius Kühn Institute, Federal Research Centre for Cultivated Plants - Institute of Grapevine Breeding (Allemagne – Institut Julius Kühn, Centre fédéral de recherche sur les plantes cultivées)
JKI (DEU451)	Julius Kühn Institute, Federal Research Centre for Cultivated Plants - Institute of Horticultural Crops and Fruit Breeding (Allemagne – Institut Julius Kühn, Centre fédéral de recherche sur les plantes cultivées, Institut de sélection des cultures horticoles et des fruits)
JKI	Julius Kühn Institute, Federal Research Centre for Cultivated Plants (Allemagne – Institut Julius Kühn, Centre fédéral de recherche sur les plantes cultivées)
KARI	Kenya Agricultural Research Institute (Institut de recherches agricoles du Kenya)
KARI-NGBK	National Genebank of Kenya, Crop Plant Genetic Resources Centre, Muguga (Kenya – Banque de gènes nationale du Kenya, Centre des ressources génétiques des plantes cultivées)
KEFRI	Kenya Forest Research Institute (Institut de recherches forestières du Kenya)
KLOST	Federal College and Research Institute for Viticulture and Fruit Growing (Autriche – Institut supérieur fédéral et Institut de recherche pour la viticulture et la culture des fruits)
KPS	Crimean Pomological Station (Ukraine – Station pomologique de Crimée)
KROME	Agricultural Research Institute Kromeriz, Ltd. (République tchèque – Institut de recherche agricole Kromeriz)
KST	Crimean Tobacco Experimental Station (Ukraine – Station expérimentale de Crimée pour le tabac)
LACNET	Latin America and Caribbean Network (Réseau d'Amérique latine et des Caraïbes)
LAREC	Lam Dong Agricultural Research and Experiment Centre (Viet Nam – Centre Lam Dong de recherche agricole et d'expérimentation)

LBN	National Biological Institute (Indonésie – Institut national de biologie)
LEM/IBEAS	IBEAS, Laboratoire d'écologie moléculaire, Université de Pau (France)
LFS	L'viv Experimental Station of Horticulture (Ukraine – Station expérimentale d'horticulture L'viv)
LIA	Lithuanian Institute of Agriculture (Institut lituanien d'agriculture)
LI-BIRD	Local Initiatives for Biodiversity, Research and Development (ONG du Népal – Initiatives locales pour la biodiversité, la recherche et le développement)
Linseed	All India Coordinated Research Project on Linseed, CSA University of Agriculture & Technology, Kanpur, Uttar Pradesh (Inde – projet de recherche coordonnée sur les graines de lin, Université CSA d'agriculture et de technologie)
LPGPB	Laboratory of Plants Gene Pool and Breeding (Arménie – Laboratoire de sélection et de pools de gènes végétaux)
LUBLIN	Institute of Genetics and Plant Breeding, University of Agriculture (Pologne – Institut de génétique et de sélection végétale, Université d'agriculture)
MARDI	Malaysian Agricultural Research and Development Institute (Institut de recherche et de développement agricoles de la Malaisie)
MARS	Makoka Agricultural Research Station (Malawi – Station de recherche agricole de Makoka)
MHRP	Main Highlands Research Programme, Aiyura (Papouasie-Nouvelle-Guinée – Programme de recherche des hautes-terres principales)
MIA	Subtropical Horticultural Research Unit, National Germplasm Repository-Miami, United States Department of Agriculture (États-Unis d'Amérique – Unité de recherche horticole subtropicale, Dépôt national de matériel génétique-Miami, Département de l'agriculture)
MPOB	Malaysia Palm Oil Board (Conseil du palmier à huile de la Malaisie)
MRB	Malaysian Rubber Board (Conseil malaisien du caoutchouc)
MRIZP	Maize Research Institute «Zemun Polje» (Serbie – Institut de recherche sur le maïs « Zemun Polje»)
MRS	Msekera Research Station (Zambie – Station de recherche Msekera)
MSBP	Millennium Seed Bank Project (Projet de banque de semences du Millénaire)
MUSACO	Réseau Musa pour l'Afrique centrale et occidentale
MUSALAC	Réseau de recherche et de développement sur les bananiers et les bananiers plantains pour l'Amérique latine et les Caraïbes

NA	U.S. National Arboretum, United States Department of Agriculture, Agricultural Research Services, Woody Landscape Plant Germplasm Repository (États-Unis d'Amérique – Arboretum national, Département de l'agriculture, Services de recherche agricole, Dépôt de matériel génétique des plantes ligneuses de paysage)
NABNET	Réseau des biosciences en Afrique du Nord
NAEP	National Agri-Environment Programme (Hongrie – Programme national sur l'environnement agricole)
NAKB	Inspection Service for Floriculture and Arboriculture (Pays-Bas – Service d'inspection pour la floriculture et l'arboriculture)
NARC (LAO010)	Napok Agricultural Research Centre (République démocratique populaire lao – Centre de recherches agricoles Napok)
NARC (NPL026)	Nepal Agricultural Research Council (Conseil pour la recherche agricole du Népal)
NBPGR (IND001)	National Bureau of Plant Genetic Resources (Inde – Bureau national des ressources phytogénétiques)
NBPGR (IND024)	Regional Station Thrissur, National Bureau of Plant Genetic Resources (Inde – Station régionale de Thrissur, Bureau national des ressources phytogénétiques)
NBPGR (IND064)	Regional Station Jodhpur, National Bureau of Plant Genetic Resources (Inde – Station régionale de Jodhpur, Bureau national des ressources phytogénétiques)
NC7	North Central Regional Plant Introduction Station, United States Department of Agriculture, Agricultural Research Services (États-Unis d'Amérique – Station d'introduction des plantes de la région septentrionale et centrale, Département de l'agriculture, Services de recherche agricole)
NCGRCD	National Clonal Germplasm Repository for Citrus & Dates, United States Department of Agriculture, Agricultural Research Services (États-Unis d'Amérique – Dépôt national clonal pour les agrumes et les dattes, Département de l'agriculture, Services de recherche agricole)
NCGRP	National Centre for Genetic Resources Preservation (États-Unis d'Amérique – Centre national pour la conservation des ressources génétiques)
NE9	Northeast Regional Plant Introduction Station, Plant Genetic Resources Unit, United States Department of Agriculture, New York State Agricultural Experiment Station, Cornell University (États-Unis d'Amérique – Station d'introduction des plantes de la région nord-orientale, Unité des ressources phytogénétiques, Département de l'agriculture, Station agricole expérimentale de l'État de New York, Université Cornell)

NEPAD	Nouveau partenariat pour le développement en Afrique
NFC	National Fruit Collections, University of Reading (Royaume-Uni – Collections nationales de fruits, Université de Reading)
NGB	Banque nordique de génétique
NIAS	National Institute of Agrobiological Sciences (Japon – Institut national de sciences agrobiologiques)
NISM	Mécanisme national de partage d'informations
NMK	National Museums of Kenya (Musées nationaux du Kenya)
NordGen	Centre nordique de ressources génétiques
NORGEN	Réseau nord-américain des ressources phylogénétiques
NPGRC	National Plant Genetic Resources Centre (République-Unie de Tanzanie – Centre national de ressources phylogénétiques)
NPGS	National Plant Germplasm System (Système national pour le matériel phylogénétique)
NR6	Potato Germplasm Introduction Station, United States Department of Agriculture, Agricultural Research Services (États-Unis d'Amérique Station d'introduction du matériel génétique de la pomme de terre, Département de l'agriculture, Services de recherche agricole)
NRCB	National Research Centre for Banana (Inde – Centre national de recherche sur la banane)
NRCOG	National Research Centre for Onion and Garlic (Inde – Centre national de recherche sur l'oignon et l'ail)
NRCRI	National Root Crops Research Institute (Nigeria – Institut national de recherche sur les racines)
NSGC	National Small Grains Germplasm Research Facility, United States Department of Agriculture, Agricultural Research Services (États-Unis d'Amérique – Installation nationale de recherche sur le matériel génétique des petites céréales, Département d'agriculture, Services de recherche agricole)
NUC	Njala University College (Sierra Leone – Institut universitaire de Njala)
OADA	Organisation arabe pour le développement agricole
OAPI	Organisation africaine de la propriété intellectuelle
OBC	Organisation basée sur la communauté
OCDE	Organisation de coopération et de développement économiques
OGM	organisme génétiquement modifié
OIC	Organisation internationale du cacao
OMC	Organisation mondiale du commerce
OMD	Objectifs du Millénaire pour le développement
OMPI	Organisation mondiale de la propriété intellectuelle
ONU	Organisation des Nations Unies
OPEP	Organisation des pays exportateurs de pétrole
OPRI	Oil Palm Research Institute (Ghana – Institut de recherche sur le palmier à huile)

ORPV	Organisation régionale de la protection des végétaux
ORSTOM-Montpellier	Laboratoire des ressources génétiques et amélioration des plantes tropicales, ORSTOM (France)
OSS Roggwil	Verein Obstsortensammlung Roggwil (Suisse)
OUA	Organisation de l'unité africaine
PABRA	Alliance panafricaine de recherche sur le haricot
PAM	Plan d'action mondial
PAN	Botanical Garden of the Polish Academy of Sciences (Pologne Jardin botanique de l'académie des sciences)
PAPGREN	Réseau des ressources phytogénétiques agricoles du Pacifique
PBBC	Évaluation des capacités en matière de sélection végétale et de biotechnologie
PCA-ZRC	Philippine Coconut Authority-Zamboanga Research Centre (Autorité philippine sur la noix de coco, Centre de recherche de Zamboanga)
PCR	Réaction de polymérisation en chaîne
PERUG	Dipartimento di Biologia Applicata, Università degli Studi, Perugia (Italie – Département de biologie appliquée, Université de Pérouse)
PG	Pomological Garden (Kazakhstan – Jardin pomologique)
PGRC (CAN004)	Ressources phytogénétiques du Canada, Centre de recherches de Saskatoon, Agriculture et Agro-alimentaire Canada
PGRC	Plant Genetic Resources Centre (Sri Lanka – Centre des ressources phytogénétiques)
PGRI	Plant Genetic Resources Institute (Pakistan – Institut des ressources phytogénétiques)
PGRRI	Plant Genetic Resources Research Institute (Ghana – Institut de recherche sur les ressources phytogénétiques)
PHES	Plew Horticultural Experimental Station (Thaïlande – Station expérimentale d'horticulture Plew)
PhilRice	Philippine Rice Research Institute (Philippines – Institut de recherche sur le riz)
PNP-INIFAP	Programa Nacional de la Papa, Instituto de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (Mexique – Programme national de la pomme de terre, Institut de recherches forestières, agricoles et sur l'élevage)
PNUD	Programme des Nations Unies pour le développement
PNUE	Programme des Nations Unies pour l'environnement
PotatoGene	Potato Gene Engineering Network (Réseau de génie génétique de la pomme de terre)
PPB	Sélection végétale participative
PRC	Plant Resources Centre (Viet Nam – Centre des ressources végétales)
PROCIANDINO	Programa Cooperativo de Innovación Tecnológica Agropecuaria para la Región Andina (Programme coopératif en innovation technologique agricole de la région andine)

PROCICARIBE PROCINORTE	Système caraïbe de sciences et de technologies agricoles Programme coopératif en recherche et technologie du Centre Régional Nord
PROCISUR	Programme coopératif pour le développement technologique, agronomique et pastoral du Cône Sud
PROCITROPICOS	Programa Cooperativo de Investigación y Transferencia de Tecnología para los Trópicos Suramericanos (Programme coopératif de recherche et de transfert de technologies dans les Tropiques sud-américains)
PRUHON	Research Institute of Landscaping and Ornamental Gardening (République tchèque – Institut de recherche sur l'aménagement du paysage et le jardinage décoratif)
PSE	Paiements pour services environnementaux
PSR	Pro Specie Rara (Suisse – fondation sans but lucratif)
PU	Peradenya University (Sri Lanka – Université de Peradenya)
PULT	Department of Special Crops (Tobacco), Institute Soil Science and Plant Cultivation (Pologne – Département des cultures spéciales – tabac, Institut de la science des sols et des cultures végétales)
PVP	Protection des variétés végétales
QDPI	Queensland Department of Primary Industries, Maroochy Research Station (Australie – Département du Queensland d'industries primaires, Station de recherche de Maroochy)
QPM	Quality Protein Maize (maïs à haute qualité protéique)
QTL	Locus à effets quantitatifs
RAC (CHE001)	Station fédérale de recherches en production végétale de Changins (Suisse)
RAC (CHE019)	Domaine de Caudoz – Viticulture RAC Changins (Suisse)
RAPD	Amplification aléatoire de l'ADN polymorphe
RBG	Millennium Seed Bank Project, Seed Conservation Department, Royal Botanic Gardens, Kew, Wakehurst Place (Royaume-Uni – Projet de banque de semences du Millénaire, Département de la conservation des semences, Jardins botaniques royaux)
RCA	Institute for Agrobotany (Hongrie – Institut d'agro- botanique)
RDAGB-GRD	Genetic Resources Division, National Institute of Agricultural Biotechnology, Rural Development Administration (République de Corée – Division des ressources génétiques, Institut national de biotechnologie agricole, Administration du développement rural)
RECSEA-PGR	Coopération régional des ressources phylogénétiques de l'Asie du Sud-Est
REDARFIT	Réseau andin des ressources phylogénétiques
REDBIO	Réseau de coopération technique sur la biotechnologie végétale
RedSICTA	Proyecto Red de Innovación Agrícola (Projet Réseau d'innovation agricole)

REGENSUR	Red de Recursos Genéticos del Cono Sur (Réseau des ressources génétiques du Cône Sud)
REHOVOT	Department of Field and Vegetable Crops, Hebrew University of Jerusalem (Israël – Département des cultures végétales et de plein champ, Université hébraïque de Jérusalem)
REMERFI	Réseau de ressources phylogénétiques d'Amérique centrale
RFLP	polymorphisme de longueur des fragments de restriction
RGC	Regional Germplasm Centre (Secrétariat de la Communauté du Pacifique – Centre régional de matériel génétique)
RIA	Research Institute of Agriculture (Kazakhstan – Institut de recherche sur l'agriculture)
RICP (CZE061)	Genebank Department, Vegetable Section Olomuc, Research Institute of Crop Production (République tchèque – Département banque de gènes, Section légumes d'Olomouc, Institut de recherche pour la production agricole)
RICP (CZE122)	Genebank Department, Division of Genetics and Plant Breeding, Research Institute of Crop Production (République tchèque – Département banque de gènes, Division de la génétique et de la sélection végétale, Institut de recherche pour la production agricole)
RICP	Research Institute of Crop Production (République tchèque – Institut de recherche pour la production agricole)
RIGA	Activités rurales génératrices de revenus
RIPV	Research Institute of Potato and Vegetables (Kazakhstan – Institut de recherche sur la pomme de terre et les légumes)
RNG	School of Plant Science, University of Reading (Royaume-Uni – École de phytotechnie, Université de Reading)
ROCAREG	Réseau ouest et centre africain des ressources génétiques
ROCARIZ	Réseau de recherche-développement rizicole en Afrique de l'Ouest et du Centre
ROPTA	Plant Breeding Station Ropta (Pays-Bas – Station de sélection végétale de Ropta)
RPAG	Recherche participative et analyse du genre
RPGAA	Ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture
RRI	Rubber Research Institute (Viet Nam - Institut de recherche sur le caoutchouc)
RRII	Rubber Research Institute of India (Institut de recherche sur le caoutchouc de l'Inde)
RRS-AD	Banana National Programme (Ouganda – Programme national sur la banane)
RSPAS	Research School of Pacific and Asian Studies (Australie – École de recherche sur les études du Pacifique et de l'Asie)
S9	Plant Genetic Resources Conservation Unit, Southern Regional Plant Introduction Station, University of Georgia, United States Department of Agriculture, Agricultural Research Services (États-Unis d'Amérique – Unité de

	conservation des ressources phytogénétiques, Station d'introduction des plantes de la région méridionale, Université de la Georgia, Département de l'agriculture, Services de recherche agricole)
SAARI	Serere Agriculture and Animal Production Research Institute (Ouganda – Institut de recherche sur l'agriculture et sur la production animale de Serere)
SADC SADC-FANR	Communauté de développement de l'Afrique australe Food, Agriculture and Natural Resources Directorate (Direction de l'alimentation, de l'agriculture et des ressources naturelles) de la SADC
SADC-PGRN	Plant Genetic Resources Network (Réseau pour les ressources phytogénétiques) de la SADC
SADC-SSSN	Réseau pour la sécurité des semences dans la région de la SADC
SamAI	Samarkand Agricultural Institute named F. Khodjaev (Ouzbékistan – Institut agricole de Samarkand appelé F. Khodjaev)
SANBio SANPGR	Réseau de l'Afrique australe pour les biosciences South Asia Network on Plant Genetic Resources (Réseau de l'Asie du Sud sur les ressources phytogénétiques)
SAREC	Swedish Agency for Research Cooperation (Agence suédoise pour la coopération dans la recherche)
SASA	Science and Advice for Scottish Agriculture, Scottish Government (Royaume-Uni – Sciences et conseils pour l'agriculture écossaise, Gouvernement écossais)
SAVE FOUNDATION	Sauvegarde pour l'agriculture des variétés d'Europe (fondation)
SCAPP	Scientific Centre of Agriculture and Plant Protection (Arménie – Centre scientifique d'agriculture et de protection des plantes)
SCRDC	Centre de recherche et de développement sur les sols et les grandes cultures, Agriculture et Agro-alimentaire Canada
SCRI	Scottish Crop Research Institute (Royaume-Uni – Institut écossais de recherche sur les cultures)
SDIS	Système de documentation et d'information de la Communauté du développement de l'Afrique australe
SEABGRC	South East Asian Banana Germplasm Resources Centre, Davao Experimental Station, Bureau of Plant Industry (Philippines – Centre des ressources de matériel génétique de la banane de l'Asie du Sud-Est, Station expérimentale de Davao, Bureau de l'industrie végétale)
SeedNet	Réseau de l'Europe du Sud-Est sur les ressources phytogénétiques
SFL	Holt Agricultural Research Station (Norvège – Station de recherche agricole de Holt)

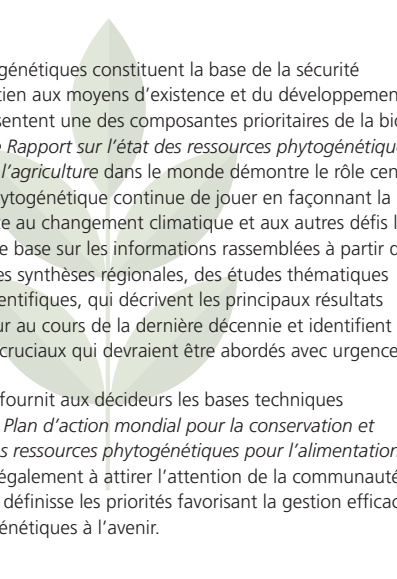
SGRP	Programme sur les ressources génétiques à l'échelle du Système du GCRAI
SGSV	Chambre forte semencière mondiale de Svalbard
SHRWIAT	Plant Breeding Station (Pologne – Station de sélection végétale)
SIAEX	Junta de Extremadura, Servicio de Investigación y Desarrollo Tecnológico, Finca la Orden (Espagne – Conseil d'Extremadure, Service de recherche et de développement technologique, Domaine la Orden)
SIBRAGEN	Sistema brasileiro de informação de recursos genéticos (Brésil - Système brésilien d'information sur les ressources génétiques)
SICTA	Système d'intégration centraméricain de technologie agricole
SIG	Système d'information géographique
SINAC	Sistema Nacional de Areas de Conservación (Costa Rica – Système national de zones de conservation)
SINGER	Réseau d'information à l'échelle du système sur les ressources génétiques
SIR	Sugar Crop Research Institute, Mardan (Pakistan – Institut de recherche sur les plantes saccharifères)
SKF	Research Institute of Pomology and Floriculture (Pologne – Institut de recherche de pomologie et de floriculture)
SKUAST	Sher-E-Kashmir University of Agricultural Sciences and Technology of Kashmir (Inde - Université Sher-E-Kashmir de sciences et technologies agricoles du Kashmir)
SKV	Plant Genetic Resources Laboratory, Research Institute of Vegetable Crops (Pologne – Laboratoire pour les ressources phytogénétiques, Institut de recherche des cultures légumières)
SMDD	Sommet mondial pour le développement durable
SML	Système multilatéral d'accès et de partage des avantages
SNRA	Systèmes nationaux de recherche agricole
SOUTA	School of Biological Sciences, University of Southampton (Royaume-Uni – École de sciences biologiques, Université de Southampton)
SOY	Soybean Germplasm Collection, United States Department of Agriculture, Agricultural Research Services (États-Unis d'Amérique – Collection de matériel génétique du soja, Département de l'agriculture, Services de recherche agricole)
SPB-UWA	School of Plant Biology, Faculty of Natural and Agricultural Sciences, University of Western Australia (Australie – École de biologie végétale, Faculté de sciences naturelles et agricoles, Université de l'Australie occidentale)
SPGRG	Centre de ressources phytogénétiques de la Communauté du développement de l'Afrique australe
SPS	Accord sur l'application des mesures sanitaires et phytosanitaires
SR, MARDI	Strategic Resource Research Centre MARDI (Malaisie – Centre de recherche stratégique sur les ressources, MARDI)

SRA-LGAREC	La Granja Agricultural Research and Extension Centre (Philippines – Centre de recherche et de vulgarisation agricoles La Granja)
SSJC	Southern Seed Joint-Stock Company (Viet Nam)
SUMPERK	AGRITEC, Research, Breeding and Services Ltd. (République tchèque)
SVKBRAT	Research Institute for Viticulture and Enology (Slovaquie – Institut de recherche pour la viticulture et l'œnologie)
SVKLOMNICA	Potato Research and Breeding Institute (Slovaquie – Institut de recherche et de sélection de la pomme de terre)
SVKPIEST	Research Institute of Plant Production Piestany (Slovaquie – Institut de recherche sur la production végétale de Piestany)
TAMAWC	Australian Winter Cereals Collection, Agricultural Research Centre (Collection australienne de céréales d'hiver, Centre de recherche agricole)
TANSAO	Taro Network for Southeast Asia and Oceania (Réseau du taro pour l'Asie du Sud-Est et l'Océanie)
TARI	Taiwan Agricultural Research Institute (Institut de recherche agricole de Taïwan)
TaroGen	Taro Genetic Resources Network (Réseau sur les ressources génétiques du taro)
TIRPAA	Traité international sur les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture
TOB	Oxford Tobacco Research Station, Crops Science Department, North Carolina State University (Station de recherche d'Oxford sur le tabac, Département de phytotechnie, Université de l'État de la Caroline du Nord)
TRI	Tea Research Institute (Sri Lanka – Institut de recherche sur le thé)
TROPIC	Institute of Tropical and Subtropical Agriculture, Czech University of Agriculture (Institut d'agriculture tropicale et subtropicale, Université tchèque d'agriculture)
TROPIGEN	Réseau amazonien des ressources phylogénétiques
TSS-PDAF	Taiwan Seed Service, Provincial Department of Agriculture and Forestry (Services des semences de Taïwan, Département provincial de l'agriculture et des forêts)
U.NACIONAL	Facultad de Agronomía, Universidad Nacional de Colombia (Faculté d'agronomie, Université nationale de Colombie)
UAC	Université d'Abomey Calavi (Bénin)
UACH	Banco Nacional de Germoplasma Vegetal, Departamento de Fitotecnía, Universidad Autónoma de Chapingo (Mexique – Banque nationale de matériel phylogénétique, Département de phytotechnie, Université autonome de Chapingo)
UBA-FA	Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires (Argentine – Faculté d'agronomie, Université de Buenos Aires)
UC-ICN	Instituto de Ciencias Naturales (Équateur – Institut de

	sciences naturelles)
UCR-BIO	Banco de Germoplasma de Pejibaye UCR-MAG, Escuela de Biología, Escuela de Zootecnia, Universidad de Costa Rica (Banque de matériel génétique de Pejibaye UCR-MAG, École de biologie, École de zootechnie, Université de Costa Rica)
UCT	Unité centrale de traitement
UDAC	Unidade de Direcção Agraria de Cajú (Mozambique – Unité de la direction agraire de Cajú)
UDS	Ustymivka Experimental Station of Plant Production (Ukraine – Station expérimentale de production végétale de Ustymivka)
UH	University of Hawaii at Manoa (États-Unis d'Amérique – Université d'Hawaï à Manoa)
UHFI-DFD	Department of Floriculture and Dendrology, University of Horticulture and Food Industry (Hongrie – Département de floriculture et de dendrologie, Université d'horticulture et de l'industrie alimentaire)
UHFI-RIVE	Institute for Viticulture and Enology, University of Horticulture and Food Industry (Hongrie – Institut de viticulture et d'œnologie, Université d'horticulture et de l'industrie alimentaire)
UICN	Union internationale pour la conservation de la nature
UM	Universiti Malaya (Malaisie – Université Malaya)
UNALM	Universidad Nacional Agraria La Molina (Pérou – Université agraire nationale La Molina)
UNCI	Université nationale de Côte d'Ivoire
UNMIHT	Horticulture Department, Michigan State University (États-Unis d'Amérique – Département d'horticulture, Université de l'État du Michigan)
UNSAAC	Universidad Nacional San Antonio Abad del Cusco, Centro K'Ayra (Pérou – Université nationale San Antonio Abad del Cusco, Centre K'Ayra)
UNSAAC/CICA	Universidad Nacional San Antonio Abad del Cusco (Pérou – Université nationale San Antonio Abad del Cusco)
UPASI-TRI	United Planters' Association of South India-Tea Research Institute (Inde – Association des planteurs de l'Inde du sud, Institut de recherche sur le thé)
UPLB	University of the Philippines, Los Baños (Université des Philippines, Los Baños)
UPM	University Putra (Malaisie – Université Putra)
UPOU	University of Philippines Open University (Université des Philippines Open)
UPOV	Union internationale pour la protection des obtentions végétales
URG	Unité des ressources génétiques (Mali)
USDA	United States Department of Agriculture (Département de l'agriculture des États-Unis d'Amérique)

USDA-ARS	United States Department of Agriculture-Agricultural Research Services (Département de l'agriculture des États-Unis d'Amérique, Services de recherche agricole)
USP	University of South Pacific (Samoa – Université du Pacifique Sud)
UzRICBSP	Uzbek Research Institute of Cotton Breeding and Seed Production (Ouzbékistan - Institut de recherche ouzbèk pour la sélection et la production semencière du coton)
UzRIHVWM	Uzbek Research Institute of Horticulture, Vine Growing and Wine Making named R.R. Shreder (Ouzbékistan – Institut de recherche sur l'horticulture, la culture de la vigne et la production de vin appelé R.R. Shreder)
UzRIPI	Uzbek Research Institute of Plant Industry (Ouzbékistan – Institut de recherche sur l'industrie végétale)
VEGTBUD	Station of Budapest, Vegetable Crops Research Institute (Hongrie – Station de Budapest, Institut de recherche sur les cultures légumières)
VIH/SIDA	Virus de l'immunodéficience humaine/syndrome d'immunodéficience acquise
VINATRI	Tea Research Institute of Viet Nam (Institut de recherche sur le thé du Viet Nam)
VIR	N.I. Vavilov All-Russian Scientific Research Institute of Plant Industry (Fédération de Russie – Institut de recherche scientifique pour l'industrie végétale)
W6	Western Regional Plant Introduction Station, United States Department of Agriculture, Agricultural Research Services, Washington State University (États-Unis d'Amérique – Station d'introduction des plantes de la région occidentale, Département de l'agriculture, Services de recherche agricole, Université de l'État de Washington)
WABNET	Réseau ouest-africain de biosciences
WACCI	Centre d'Afrique de l'Ouest pour l'amélioration des cultures
WADA (AUS002)	Western Australian Department of Agriculture (Australie – Département de l'agriculture de l'Australie occidentale)
WADA (AUS137)	Australian Trifolium Genetic Resource Centre, Western Australian Department of Agriculture (Australie – Centre australien des ressources génétique du trèfle, Département de l'Australie occidentale)
WANANET	Réseau de ressources phytogénétiques de l'Asie de l'Ouest et l'Afrique du Nord
WASNET	Réseau ouest-africain des semences et matériel de plantation
WCF	Fondation mondiale pour le cacao
WCMC	Centre de surveillance de la conservation mondiale de la nature
WDPA	World Database on Protected Areas (Base de données mondiale sur les aires protégées)

WICSBS	West Indies Central Sugarcane Breeding Station (Station centrale de sélection de la canne à sucre des Indes occidentales)
WIEWS	Système mondial d'information et d'alerte rapide sur les ressources phytogénétiques
WLMP	Sir Alkan Tololo Research Centre, Bubia (Papouasie-Nouvelle-Guinée – Centre de recherche Sir Alkan Tololo)
WRS	Centre de recherches sur les céréales, Winnipeg, Agriculture et Agro-alimentaire Canada



Les ressources phytogénétiques constituent la base de la sécurité alimentaire, du soutien aux moyens d'existence et du développement économique, et représentent une des composantes prioritaires de la biodiversité. *Le Deuxième Rapport sur l'état des ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture* dans le monde démontre le rôle central que la diversité phytogénétique continue de jouer en façonnant la croissance agricole face au changement climatique et aux autres défis liés à l'environnement. Il se base sur les informations rassemblées à partir des rapports nationaux, des synthèses régionales, des études thématiques et des publications scientifiques, qui décrivent les principaux résultats atteints dans ce secteur au cours de la dernière décennie et identifient les lacunes et les besoins cruciaux qui devraient être abordés avec urgence.

Le Deuxième Rapport fournit aux décideurs les bases techniques pour la mise à jour du *Plan d'action mondial pour la conservation et l'utilisation durable des ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture*. Il vise également à attirer l'attention de la communauté mondiale pour qu'elle définisse les priorités favorisant la gestion efficace des ressources phytogénétiques à l'avenir.

ISBN 978-92-5-206534-0

