

Métadonnées des indicateurs des ODD

(Modèle de métadonnées harmonisées - format
version 1.0)

0. Information sur l'indicateur

0.a. Objectif

Objectif 2: Éliminer la faim, assurer la sécurité alimentaire, améliorer la nutrition et promouvoir l'agriculture durable

0.b. Cible

Cible 2.5: D'ici à 2020, préserver la diversité génétique des semences, des cultures et des animaux d'élevage ou domestiqués et des espèces sauvages apparentées, y compris au moyen de banques de semences et de plantes bien gérées et diversifiées aux niveaux national, régional et international, et favoriser l'accès aux avantages que présentent l'utilisation des ressources génétiques et du savoir traditionnel associé ainsi que le partage juste et équitable de ces avantages, comme convenu à l'échelle internationale.

0.c. Indicateur

Indicateur 2.5.1 : Nombre de ressources génétiques (a) végétales et (b) animales destinées à l'alimentation et à l'agriculture sécurisées dans des installations de conservation à moyen ou à long terme

0.d Série

Sans objet.

0.e. Mise à jour des métadonnées

Mars 2021

0.f. Indicateurs associés

Indicateur 2.5.1b sur les ressources génétiques animales.

0.g. Organisation(s) internationale(s) responsable(s) du suivi mondial

Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO)

1. Communication des données

1.a. Organisation

Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO)

2. Définition, concepts et classifications

2.a. Définition et concepts

Définition :

La conservation des ressources génétiques végétales et animales pour l'alimentation et l'agriculture (RGAA) dans des installations de conservation à moyen ou long terme (*ex-situ*, dans des banques de gènes) représente le moyen le plus fiable de conserver les ressources génétiques dans le monde. Les RGAA végétales et animales conservées dans ces installations peuvent être facilement utilisées dans des programmes de sélection, même directement à la ferme.

La mesure des tendances dans les matériaux conservés *ex-situ* fournit une évaluation globale de la mesure

dans laquelle nous parvenons à maintenir et/ou à accroître la diversité génétique totale disponible pour une utilisation future et donc protégée contre toute perte permanente de diversité génétique qui pourrait survenir dans l'habitat naturel, c'est-à-dire *in situ*, ou dans l'exploitation.

Les deux composantes de l'indicateur, les RGAA végétales (2.5.1.a) et animaux (2.5.1.b), sont comptées séparément.

L'élément végétal est calculé comme le nombre d'accessions de ressources phytogénétiques obtenues dans des installations de conservation dans des conditions à moyen ou long terme, où une « accession » est définie comme un échantillon distinct de semences, de matériel de plantation ou de plantes qui est conservé dans une banque de gènes. Les Normes applicables aux banques de gènes pour les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (accessibles à l'adresse (<http://www.fao.org/publications/card/fr/c/db9bb2f1-da1a-5aa8-b9d7-507ddc2b570f>) définissent les meilleures pratiques scientifiques et techniques actuelles pour la conservation des ressources phytogénétiques et soutiennent les principaux instruments politiques internationaux pour la conservation et l'utilisation des ressources phytogénétiques. Ces normes volontaires ont été approuvées par la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO lors de sa quatorzième session ordinaire (<http://www.fao.org/3/mg538f/mg538f.pdf>).

Concepts :

Ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (RPGAA) : Tout matériel génétique d'origine végétale ayant une valeur effective ou potentielle pour l'alimentation et l'agriculture.

Accession : Une accession est définie comme un échantillon de semences, de matériel de plantation ou de plantes représentant soit une population sauvage, soit une race, une lignée de sélection ou un cultivar amélioré, qui est conservé dans une banque de gènes. Chaque accession doit être distincte et, en termes d'intégrité génétique, aussi proche que possible de l'échantillon fourni à l'origine.

Collection de base : Une collection de base est définie comme un ensemble d'accessions uniques à conserver pour une période de moyen à long terme.

Collection active : Une collection active est définie comme un ensemble d'accessions distinctes qui est utilisé pour la régénération, la multiplication, la distribution, la caractérisation et l'évaluation. Les collections actives sont conservées à court ou moyen terme et sont généralement dupliquées dans une collection de base.

Installations de conservation à moyen ou long terme : La diversité biologique est souvent conservée *ex situ*, en dehors de son habitat naturel, dans des installations appelées banques de gènes. Dans le cas des ressources génétiques végétales, les banques de gènes conservent les collections de base dans des conditions de stockage à moyen ou long terme, sous forme de semences en chambre froide, de plantes en plein champ et de tissus *in vitro* et/ou cryoconservés.

2.b. Unité de mesure

Nombre d'accessions de ressources phytogénétiques obtenues dans des installations de conservation dans des conditions à moyen ou long terme, où une « accession » est définie comme un échantillon distinct de semences, de matériel de plantation ou de plantes qui est conservé dans une banque de gènes.

2.c. Classifications

Les Normes applicables aux banques de gènes pour les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture (accessibles à l'adresse (<http://www.fao.org/publications/card/fr/c/db9bb2f1-da1a-5aa8-b9d7-507ddc2b570f>) définissent les meilleures pratiques scientifiques et techniques actuelles pour la conservation des ressources phytogénétiques et soutiennent les principaux instruments politiques

internationaux pour la conservation et l'utilisation des ressources phytogénétiques. Ces normes volontaires ont été approuvées par la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO lors de sa quatorzième session ordinaire (<http://www.fao.org/3/mg538f/mg538f.pdf>).

3. Type de source de données et méthode de collecte des données

3.a. Sources de données

Les données proviennent des Correspondants nationaux officiellement désignés (voir <http://www.fao.org/agriculture/crops/thematic-sitemap/theme/seeds-pgr/gpa/national-focal-points/fr/>) et de centres de recherche agricole régionaux et internationaux détenant des collections de RPGAA *ex-situ*. Les fournisseurs de données communiquent soit (i) directement à la FAO en utilisant le tableur contenu dans le document Liste des descripteurs pour la communication de la composante végétale de l'indicateur ODD 2.5.1 (voir Références) accessible sur la page d'accueil du WIEWS (<http://www.fao.org/wiews>) ou (ii) par le biais de systèmes d'information publiés qui sont conformes à la norme de la liste des descripteurs du passeport multicultures (MCPD) de la FAO/Bioversity v. 2 (voir Références), par exemple EURISCO (<http://eurisco.ipk-gatersleben.de/>) et Genesys (<https://www.genesys-pgr.org>).

Les données sont stockées dans le Système mondial d'information et d'alerte rapide sur les ressources génétiques végétales pour l'alimentation et l'agriculture (WIEWS - <http://www.fao.org/wiews>), la plateforme de la FAO établie pour faciliter l'échange d'informations ainsi que les évaluations périodiques de l'état des ressources génétiques végétales pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde.

3.b. Méthode de collecte de données

L'indicateur est lié à un cadre de suivi approuvé par la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO, dans lequel l'état et les tendances des ressources génétiques végétales et animales sont décrits au moyen d'indicateurs convenus au niveau mondial et d'évaluations régulières menées par les pays. Les correspondants nationaux/coordonnateurs nationaux officiellement nommés rendent compte directement à la FAO, selon un format approuvé par la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO.

Les sessions des groupes de travail techniques intergouvernementaux sur les ressources génétiques végétales et animales pour l'alimentation et l'agriculture permettent des processus de consultation formels.

3.c. Calendrier de collecte de données

La collecte de données est effectuée sur une base annuelle dans le cadre de la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO.

3.d. Calendrier de diffusion des données

Premier trimestre de l'année.

3.e. Fournisseur de données

Les correspondants nationaux officiellement nommés et les gestionnaires de banques de gènes régionales/internationales fournissent les données. Pour des informations par pays, voir pour les ressources génétiques végétales <http://www.fao.org/agriculture/crops/thematic-sitemap/theme/seedspgr/gpa/national-focal-points/fr/>.

3.f. Compileur de données

Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO).

3.g. Mandat institutionnel

Les points focaux nationaux pour les ressources phytogénétiques sont responsables de la fourniture des données nationales sur l'indicateur. Leurs termes de référence ont été détaillés dans des lettres circulaires aux États demandant aux pays de faire rapport par l'intermédiaire de leurs points focaux nationaux (voir <http://www.fao.org/agriculture/crops/thematic-sitemap/theme/seeds-pgr/gpa/national-focal-points/en/>).

4. Autres considérations méthodologiques

4.a. Justification

Les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture constituent les éléments de base de la sécurité alimentaire et, directement ou indirectement, soutiennent les moyens de subsistance de chaque personne sur terre. Comme la conservation et l'accessibilité de ces ressources sont d'une importance vitale, des installations de conservation à moyen ou long terme (banques de gènes) ont été mises en place aux niveaux national, régional et mondial pour préserver et rendre accessibles ces ressources et les informations qui y sont associées pour la sélection et la recherche. Les inventaires des fonds des banques de gènes fournissent une mesure dynamique de la diversité végétale et animale existante et de son niveau de préservation. Les données relatives à cet indicateur facilitent le suivi de la diversité assurée et accessible par les banques de gènes et soutiennent l'élaboration et la mise à jour des stratégies de conservation et d'utilisation durable des ressources génétiques.

L'indicateur est lié à un cadre de suivi approuvé par la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO, dans lequel l'état et les tendances des ressources génétiques végétales et animales sont décrits au moyen d'indicateurs convenus au niveau mondial, et d'évaluations régulières menées par les pays.

Le nombre de matériaux conservés dans des conditions de stockage à moyen ou long terme fournit une mesure indirecte de la diversité génétique totale, qui est gérée de manière à garantir une utilisation future. Globalement, les variations positives correspondent donc à une augmentation de l'agrobiodiversité préservée, tandis que les variations négatives correspondent à une perte de celle-ci.

Il faut faire preuve de prudence dans la déclaration et l'interprétation de l'indicateur. Dans le cas des ressources phytogénétiques, l'ajout non contrôlé d'entrées qui sont en fait des doubles d'échantillons déjà conservés et comptabilisés, ou, vice versa, la suppression de doubles redondants des collections déclarées peut conduire à des interprétations erronées. Afin d'éviter le double comptage au niveau national, il convient de déclarer principalement les collections de base. Une collection active ne peut être déclarée que si, en l'absence d'une collection de base, elle remplit également la fonction de collection de base. Un autre exemple qui doit être surveillé à la fois lors de la déclaration et de l'interprétation des résultats, est le regroupement ou le fractionnement des accessions, car dans les deux cas, la variation du nombre comptabilisé ne reflète pas une variation de la diversité génétique conservée et sécurisée. Il est donc essentiel que les pays et les centres régionaux/internationaux déclarants, ainsi que les informations demandées sur le niveau des accessions, expliquent également la raison de la diminution ou de l'augmentation du nombre d'accessions, en particulier lorsque cela ne reflète pas une perte ou un gain réel de la diversité génétique conservée et sécurisée.

4.b. Commentaires et limitations

D'une manière générale, deux questions sont préoccupantes dans l'utilisation du « nombre d'entrées » comme indicateur de la diversité des collections *ex-situ*.

Les doubles d'accessions non détectées peuvent contribuer à une augmentation de l'indicateur, car chaque accession est une unité gérée, conservée et enregistrée comme distincte. La détection de ces doublons

entraînera donc une réduction du nombre d'accessions précédemment déclarées. Cela peut se produire à différents niveaux, par exemple au sein des collections des banques de gènes et également au niveau international.

Une perte de viabilité du ou des matériels conservés qui n'est pas rapidement détectée peut également ne pas se refléter dans le nombre d'entrées, ce qui contribue à surestimer le nombre réel d'entrées.

Des informations supplémentaires pourraient être fournies par d'autres indicateurs mesurant la conservation *ex-situ*, qui font partie du suivi de la mise en œuvre du Plan d'action mondial pour les RPGAA sous l'égide de la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO.

4.c. Méthode de calcul

La composante plantes de l'indicateur est calculée comme le nombre total d'accessions uniques de ressources phytogénétiques obtenues dans des installations de conservation à moyen et long terme. Cela doit inclure toutes les accessions dans les collections de base, et les accessions uniques stockées dans des installations de conservation à moyen terme, en tant que collections actives, uniquement lorsque ces accessions sont considérées comme faisant partie des collections de base nationales. Les collections de base peuvent comprendre à la fois des collections de semences, de plein champ, cryopréservées ou *in vitro*, selon les espèces conservées et les installations disponibles dans le pays.

4.d. Validation

Il n'y a pas de processus de validation.

4.e. Ajustements

Aucun.

4.f. Traitement des valeurs manquantes (i) au niveau national et (ii) au niveau régional

- **Au niveau national**

Les valeurs manquantes sont traitées comme telles et ne sont pas remplacées par des estimations.

- **Aux niveaux régional et mondial**

Les valeurs manquantes sont traitées comme telles et ne sont pas remplacées par des estimations.

4.g. Agrégats régionaux

Les agrégats sont la somme des valeurs des pays.

4.h Méthodes et instructions à la disposition des pays pour la compilation des données au niveau national

Les points focaux nationaux officiellement désignés et les gestionnaires de banques de gènes régionales ou internationales sont priés de fournir la liste des accessions conservées dans des installations de conservation à moyen ou long terme en remplissant une feuille de calcul contenue dans le document Liste des descripteurs pour la notification de la composante végétale de l'indicateur ODD 2.5.1 (voir Références) accessible depuis la page d'accueil du WIEWS (<http://www.fao.org/wiews/fr/>). Sur les 12 descripteurs passeports qui peuvent être utilisés pour caractériser chaque accession, quatre sont obligatoires : (i) le nom de la banque de gènes (ou code de l'institut détenteur) ; (ii) le numéro d'accession ; (iii) le nom scientifique de l'accession (nom du taxon, y compris le genre, l'espèce et le rang taxonomique inférieur) ; et (iv) le type de stockage. Il est fortement recommandé de rendre compte des autres descripteurs, car ils permettent d'analyser les changements dans les différents types de diversité concernés, y compris les changements dans le type et l'origine du matériel sécurisé (par exemple statut biologique ; pays d'origine ;

lieux de duplication de la sécurité ; etc. Les descripteurs ont été approuvés par la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO (voir la question 6.2 dans le format de rapport « pour le suivi de la mise en œuvre du deuxième plan d'action mondial pour les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture » <http://www.fao.org/3/mm294f/mm294f.pdf>). Les avoires des banques de gènes sont comptés sur la base de la liste des accessions déclarées. Les points focaux nationaux sont invités à fournir une brève analyse pour mettre en évidence et expliquer les changements intervenus depuis le rapport précédent.

4.i Gestion de la qualité

La FAO dispense une formation régulière aux points focaux nationaux en matière de collecte de données et d'établissement de rapports.

4.j Assurance de la qualité

La FAO est responsable de la qualité des processus statistiques internes utilisés pour compiler les ensembles de données publiés.

FAO 2014. *Normes des banques de gènes pour les ressources génétiques végétales pour l'alimentation et l'agriculture*. Rome. (<http://www.fao.org/3/i3704f/i3704f.pdf>)

4.k Evaluation de la qualité

Tous les deux ans, la FAO organise des ateliers mondiaux destinés aux coordonnateurs nationaux pour évaluer et discuter de la collecte des données sur lesquelles l'indicateur est basé. Les indicateurs eux-mêmes sont automatiquement calculés dans DAD-IS. Des réunions sont organisées si nécessaire avec les points focaux nationaux pour évaluer et discuter des données relatives à l'indicateur et de leurs processus de collecte.

5. Disponibilité des données et désagrégation

Disponibilité des données:

Les données recueillies dans le cadre du premier cycle de suivi de la mise en œuvre du deuxième plan d'action mondial pour les RPGAA servent de référence (nombre d'accessions à partir de juin 2014).

En février 2020, des données sur plus de 5.4 millions d'accessions provenant de 103 pays et de 17 centres internationaux/régionaux sont en cours de publication. La collecte des données est effectuée chaque année en janvier. Des efforts continus sont faits pour améliorer la couverture des pays et des centres internationaux/régionaux, ainsi que la qualité des informations.

Séries chronologiques:

Les données sont disponibles dans WIEWS pour 2014, 2016, 2017, 2018 et 2019. Les estimations du statut de l'indicateur avant 2014 sont effectuées en utilisant la date d'acquisition des accessions déclarées en 2014.

Désagrégation:

Une désagrégation géographique (nationale, régionale, mondiale) est effectuée. Le regroupement par sexe, âge, etc. n'est pas applicable.

6. Comparabilité / écart par rapport aux normes internationales

Sources de divergences:

Il n'y a pas de données estimées au niveau international. Les données sur cet indicateur sont toutes

produites par les pays et les centres régionaux ou internationaux.

7. Références et documentation

Correspondants nationaux pour le suivi du deuxième plan d'action mondial pour les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture et la préparation des rapports nationaux pour le troisième rapport sur l'état des ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde : <http://www.fao.org/agriculture/crops/thematic-sitemap/theme/seeds-pgr/gpa/national-focalpoints/fr/>

Liste des descripteurs pour le rapport sur la composante végétale de l'indicateur ODD 2.5.1, FAO 2017

http://www.fao.org/fileadmin/user_upload/wIEWS/docs/SDG_251_data_requirement_sheet_table_EN.doc
[x](#)

Le deuxième plan d'action mondial pour les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture : <http://www.fao.org/docrep/015/i2624f/i2624f00.htm>

Le deuxième rapport sur l'état des ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde : <http://www.fao.org/docrep/013/i1500f/i1500f00.htm>

Normes des banques de gènes pour les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture, FAO, 2014 <http://www.fao.org/publications/card/fr/c/db9bb2f1-da1a-5aa8-b9d7-507ddc2b570f>

Objectifs et indicateurs des ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture, In : Rapport de la quatorzième session ordinaire de la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture

CGRFA-14/13/Report, Appendix C <http://www.fao.org/3/mg538f/mg538f.pdf>

Modèle de rapport pour le suivi de la mise en œuvre du deuxième plan d'action mondial pour les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture, CGRFA-15/15/Inf.9,

<http://www.fao.org/3/mm294f/mm294f.pdf>

FAO/Bioversity Multi-Crop Passport Descriptor (MCPD) v. 2

http://www.bioversityinternational.org/fileadmin/user_upload/online_library/publications/pdfs/FAO-Bioversity_multi_crop_passport_descriptors_V_2_Final_rev_1526.pdf