

# Los indicadores de diversidad genética para el Marco Mundial de la Diversidad Biológica están desarrollados, probados y listos para su implementación

## INFORME DE POLITICAS

### RESUMEN

La diversidad genética es una parte vital en la resiliencia de las poblaciones, las especies y los ecosistemas - **y puede ser monitoreada y reportada mediante simples indicadores que no requieren análisis de ADN y tienen datos disponibles.** Los indicadores de diversidad genética pueden compilarse rápidamente para más de 100 especies por país y presentan beneficios a escala nacional y local. La evaluación de 900 especies de plantas y animales en nueve países ha demostrado que: **(a) la mayoría de las poblaciones se mantienen PERO, (b) en la mayoría de las especies, muchas poblaciones son demasiado pequeñas y están perdiendo diversidad genética.** Pueden encontrarse orientación y apoyo disponibles para la implementación de los indicadores.

### El MMDB Kunming Montreal busca la conservación genética de todas las especies

- La diversidad genética permite a las especies adaptarse a las condiciones cambiantes, contribuye a la resiliencia de los ecosistemas y promueve el éxito de la restauración ecológica.
- La diversidad genética está disminuyendo debido a la pérdida de hábitat, la fragmentación, la sobreexplotación y otras actividades humanas.

### Las partes del CBD deben reportar los avances en la conservación de la diversidad genética usando estos indicadores de carácter genético:

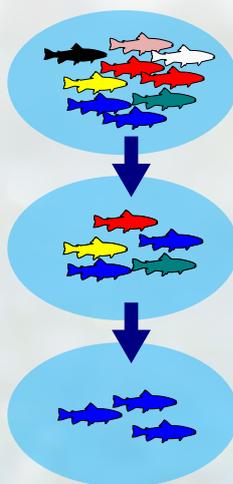
- La proporción de poblaciones dentro de una especie con un tamaño efectivo > 500 (Indicador principal A.4.0)
- La proporción de poblaciones que se mantienen dentro de una especie

La diversidad genética es la variación presente a nivel del ADN, pero **los datos del ADN no son necesarios para evaluar con los indicadores de diversidad genética.** Los indicadores utilizan aproximaciones fiables del cambio en la diversidad genética.

### ¿Por qué la diversidad genética debería ser monitoreada utilizando indicadores?

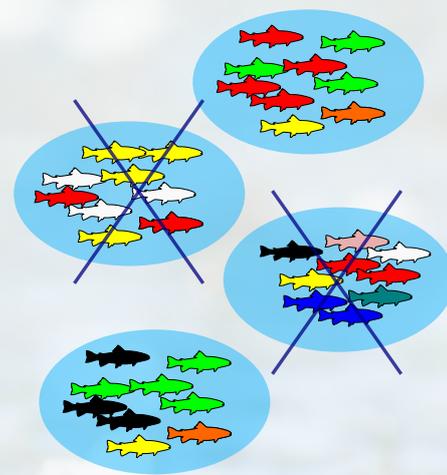
Los indicadores de diversidad genética son herramientas de conservación útiles, incluso más allá del CBD, para guiar las acciones de conservación, el manejo de especies en peligro de extinción y ayudar a comunicar sobre amenazas a nivel genético.

### Pérdida de diversidad en poblaciones pequeñas



Las poblaciones muy pequeñas pierden diversidad genética y sufren endogamia, baja viabilidad y capacidad de adaptación reducida.

### Pérdida de diversidad en poblaciones genéticamente distintas



Cuando las poblaciones se extinguen, se pierde variación genética única del acervo génico de la especie.

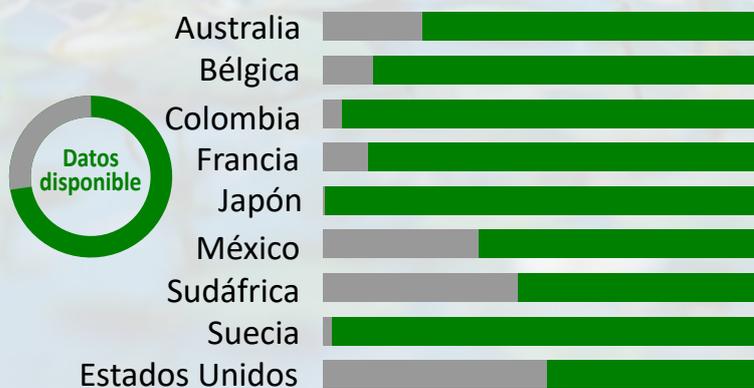
### Los indicadores de diversidad genética han sido empleados en 9 países alrededor del mundo incluyendo algunos megadiversos - ¡y la situación de la diversidad genética es crítica!

• Los indicadores fueron utilizados para evaluar >900 especies de Australia, Bélgica, Colombia, Francia, Japón, México, Suecia, Sudáfrica y Estados Unidos. El 72% de las especies presentó datos para al menos uno de los indicadores.

• Los indicadores son económicos y factibles con los datos ya existentes, y requieren tiempo limitado.

• Son aplicables y comparables en todos los países, grupos taxonómicos y ecosistemas.

• Los indicadores muestran que muchas poblaciones se encuentran al margen de una dramática pérdida de diversidad genética a menos que se tomen medidas rápidas.



Las barras verdes indican la proporción de especies con suficientes datos disponibles - la mayoría de especies.

Mire al verso



Escanee este código QR para más información



THE COALITION FOR CONSERVATION GENETICS

Visite nuestra página web para más información



90% de las poblaciones de *Luronium natans* (Bélgica) son demasiado pequeñas para mantener su diversidad genética

## ¿Qué tipo de datos son necesarios? ¿Es el proceso práctico para la mayoría de los países?

- La información de utilidad incluye tamaños poblacionales actuales o recientes, y el número de poblaciones actuales y perdidas - incluso estimaciones aproximadas (por ejemplo, menos de 1000, muchos miles, etc.).
- Los datos pueden recopilarse de expertos, investigaciones existentes o informes de gestión, bases de datos de agencias, ONGs, conocimiento local, datos de ciencia ciudadana o estimaciones basadas en SIG.
- Las poblaciones pueden definirse mediante aislamiento geográfico, información genética, diferencias en hábitats/ ecorregiones, rangos de dispersión, entre otros datos.
- Si hay incertidumbre, se pueden utilizar estimaciones múltiples.



Jeremy Shelton

Quedan menos de 5000 individuos de *Capensibufo rosei* (Sudáfrica), con solo dos poblaciones mantenidas sobre 6

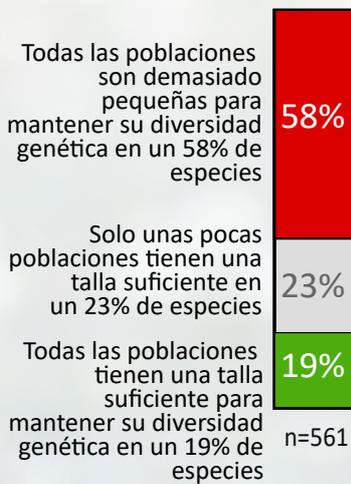
## Ayuda disponible

- La orientación para los indicadores se encuentra disponible y está siendo mejorada.
- De igual forma, hay asesoría disponible sobre cómo calcular, informar e incluir los indicadores en los Informes Nacionales y las Estrategias y Planes de Acción Nacionales de Biodiversidad, y sobre cómo utilizarlos para gestión y políticas nacionales o locales. ¡Utilice el código QR a continuación!

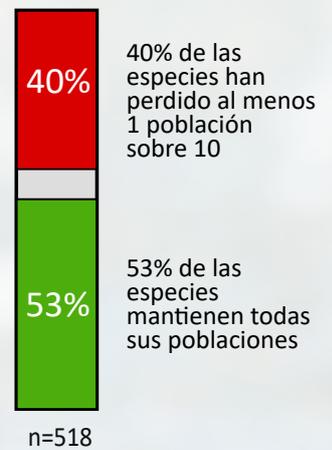
## ¿Próximos pasos?

- Los metadatos del PNUMA están completos. Se está gestionando más apoyo. Habrá orientación adicional escrita y en video disponible en enero de 2024.
- Sugerimos que el Glosario del CDB incluya ahora más términos genéticos para ayudar a las y los participantes del proyecto en sus informes.

**Indicador principal 4.A**  
% de poblaciones dentro de una especie con  $N_e > 500$



**Indicador complementario**  
% de poblaciones que se mantienen



## ¿Cuáles son las necesidades de capacidad?

- El personal (idealmente con conocimiento en bases de datos de biodiversidad, informes nacionales, planes de gestión, etc.) compila y genera la información: alrededor de 400 horas para hacer 100 especies.
- Si se coordina con los esfuerzos de la Lista Roja, este tiempo puede reducirse considerablemente.
- Los países no requieren infraestructura o investigación genética basada en el ADN. Todos los datos pueden provenir de fuentes no genéticas.
- De este modo, se pueden analizar cientos de especies con los indicadores de diversidad genética de forma más rápida y económica que los análisis basados en el ADN.
- Sin embargo, los proyectos basados en el ADN sí proporcionan información más detallada y precisa sobre la salud genética de las especies.



Se han estimado los indicadores genéticos en especies salvajes emparentadas con plantas cultivadas como por ejemplo el algodón de tierras altas (*Gossypium hirsutum*, México).



Escanee este código QR para más información



THE COALITION  
FOR CONSERVATION  
GENETICS

Visite nuestra página web para más información

