



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

INSTITUTO DE BIOLOGÍA

BIOLOGÍA EVOLUTIVA

EVALUACIÓN DE CRITERIOS EVOLUTIVOS EN HERRAMIENTAS DE CONSERVACIÓN

TESIS

POR ARTÍCULO CIENTÍFICO

**UNITE BEHIND EVOLUTIONARY BIOLOGY: MODIFYING PUBLIC POLICIES AND THEIR
TOOLS TO ACHIEVE LONG TERM CONSERVATION**

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:

MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

PRESENTA:

CRISTINA ISABEL GUZMÁN GONZÁLEZ

TUTORA PRINCIPAL DE TESIS:

DRA. ANA LAURA WEGIER BRIUOLO

INSTITUTO DE BIOLOGÍA, UNAM

COMITÉ TUTOR:

M. en C. HÉCTOR SALVADOR ESPINOSA PÉREZ

INSTITUTO DE BIOLOGÍA, UNAM

DR. JUAN JACOBO SCHMITTER SOTO

El Colegio de la Frontera Sur, Unidad Chetumal

Ciudad Universitaria, CD. MX. Octubre, 2020



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

INSTITUTO DE BIOLOGÍA

BIOLOGÍA EVOLUTIVA

EVALUACIÓN DE CRITERIOS EVOLUTIVOS EN HERRAMIENTAS DE CONSERVACIÓN

TESIS

POR ARTÍCULO CIENTÍFICO

**UNITE BEHIND EVOLUTIONARY BIOLOGY: MODIFYING PUBLIC POLICIES AND THEIR
TOOLS TO ACHIEVE LONG TERM CONSERVATION**

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:

MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

PRESENTA:

CRISTINA ISABEL GUZMÁN GONZÁLEZ

TUTORA PRINCIPAL DE TESIS:

DRA. ANA LAURA WEGIER BRIUOLO

INSTITUTO DE BIOLOGÍA, UNAM

COMITÉ TUTOR:

M. en C. HÉCTOR SALVADOR ESPINOSA PÉREZ

INSTITUTO DE BIOLOGÍA, UNAM

DR. JUAN JACOBO SCHMITTER SOTO

El Colegio de la Frontera Sur, Unidad Chetumal

Ciudad Universitaria, CD. MX. 2020

COORDINACIÓN DEL POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS
INSTITUTO DE BIOLOGIA
OFICIO CPCB/655/2020
ASUNTO: Oficio de Jurado

M. en C. Ivonne Ramírez Wence
Directora General de Administración Escolar, UNAM
P r e s e n t e

Me permito informar a usted que en la reunión ordinaria del Comité Académico del Posgrado en Ciencias Biológicas, celebrada el día **10 de agosto del 2020** se aprobó el siguiente jurado para el examen de grado de **MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS** en el campo de conocimiento de **BIOLOGÍA EVOLUTIVA** de la alumna **GUZMÁN GONZÁLEZ CRISTINA ISABEL** con número de cuenta **304511817** por la modalidad de graduación de **tesis por artículo científico** titulado: **“Unite behind evolutionary biology: modifying public policies and their tools to achieve long term conservation”**, que es producto del proyecto realizado en la maestría que lleva por título: **“Evaluación de criterios evolutivos en herramientas de conservación”**, ambos realizados bajo la dirección de la **DRA. ANA LAURA WEGIER BRIUOLO**, quedando integrado de la siguiente manera:

Presidente: **DRA. ALICIA MASTRETTA YANES**
Vocal: **DRA. MARIANA VALLEJO RAMOS**
Secretario: **M. EN C. HÉCTOR SALVADOR ESPINOSA PÉREZ**
Suplente: **DRA. PAOLA MASSYEL GARCÍA MENESES**
Suplente: **DR. LUIS ZAMBRANO GONZÁLEZ**

Sin otro particular, me es grato enviarle un cordial saludo.

A T E N T A M E N T E
“POR MI RAZA HABLARÁ EL ESPÍRITU”
Cd. Universitaria, Cd. Mx., a 09 de octubre de 2020

COORDINADOR DEL PROGRAMA



DR. ADOLFO GERARDO NAVARRO SIGÜENZA



AGRADECIMIENTOS INSTITUCIONALES

Al Posgrado en Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Autónoma de México.

Al CONACYT por otorgarme la beca 450908.

Al proyecto CONABIO DGAP003/WN003/18 y al proyecto UNAM-PAPIIT IN214719 por el apoyo financiero.

Al apoyo PAEP y a la empresa Flying Sharks por el financiamiento para asistir al Congreso Ibérico de Ictiología 2018 y poder presentar nuestro trabajo en él.

A Olmo Torres Talamante y a Océanos Vivientes por invitarme a formar parte del Taller para la Conservación de Tiburones y Rayas en ANPs.

Nuevamente a Olmo Torres Talamante, Kim Ley Cooper y a Razonatura por la orientación.

A los miembros del Comité tutorial, Ana Laura Wegier Briuolo, Héctor Salvador Espinosa Pérez y Juan Jacobo Schmitter Soto.

AGRADECIMIENTOS A TÍTULO PERSONAL

A mi mamá y a mi papá por el apoyo, la paciencia, la comprensión y la motivación que me dieron. Nada de esto sería posible sin ustedes.

A Lulú por la disposición, por las horas de trabajo y las desveladas. Me llevé tu tiempo, pero te comparto aquí el fruto del esfuerzo. Valió la pena.

A mis amistades y a mis familiares les agradezco el amor con el que me acompañaron en el camino, las palabras, presencias, ayudas, abrazos y todas sus muestras de afecto. Gracias a ellas me mantuve en pie hasta el final.

A Gaby, Enrique, Helena, Gerardo, Rodrigo, Eduardo, y demás maestras y maestros les agradezco por haberme abierto los ojos y haber sido pieza clave en mi transformación. Me han permitido observar esta carrera desde una nueva perspectiva y ver de cerca la manera en que podemos modificar al mundo.

A los miembros de mi Comité Tutoral y del Jurado, les agradezco su guía sincera y oportuna, su comprensión y apoyo total para que yo lograra concretar este proyecto. A Ana le agradezco particularmente haber ido más allá y entender mis necesidades personales, de modo que siempre supo cómo guiarme para llegar al final de este proyecto, al paso que necesité hacerlo.

A Javi le agradezco todo el trabajo invertido en esta investigación y le agradezco haber sido tan paciente y cooperativo, porque sin su esfuerzo esta tesis no existiría.

A la UNAM y al Posgrado en Ciencias Biológicas, gracias por darme la oportunidad de prepararme y darme la oportunidad de conocer una nueva forma de ayudar a México y al planeta.

A Abril en particular le agradezco haberme acompañado, haberme tolerado, haberme impulsado, haberme abrazado y haberme recordado mis capacidades para enfrentar al mundo.

DEDICATORIA

Para Abril, con la esperanza de que encuentres siempre el camino para lograr lo que te propongas.

ÍNDICE

Resumen	1
Abstract	2
Introducción	4
Artículo	9
Discusión general	24
Conclusiones	26
Literatura citada	27

ÍNDICE DE ABREVIATURAS

ES: Earth System (Sistema Tierra).

E/MSY: Extinctions per million species-years (extinciones por millón de especies-años).

CITES: Anexo 1 de la Resolución Conf.9.24 (Rev. CoP 17). Criterios biológicos para la inclusión de especies en el Apéndice I.

IUCN: Criterios para las Categorías de En peligro crítico, En peligro y Vulnerable. Categorías y Criterios de la Lista Roja de UICN: Versión 3.1. Segunda edición.

MSC: Anexo SA: The Default Assessment Tree. Marine Stewardship Council Fisheries Standard. V.2.01.

PSM: Anexo I del Informe de resultados del Taller de evaluación de productividad, susceptibilidad y manejo de tiburones mexicanos listados en el apéndice II de CITES.

RAM I: Anexo Normativo I de la Norma Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010. Método de Evaluación de Riesgo de Extinción de las Especies Silvestres en México.

RAM II: Anexo Normativo I de la Norma Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010. Método de Evaluación de Riesgo de Extinción de Plantas en México.

COP: Conference of the Parties (Conferencia de las Partes).

RESUMEN

Según el marco de referencia del Sistema Tierra, propuesto por Rockström y colaboradores, la integridad de la biósfera está compuesta por la diversidad funcional y la diversidad genética. La pérdida de diversidad genética hasta ahora sólo puede ser medida por medio de la tasa de extinción de especies, pero es necesario encontrar una forma de medir la pérdida de diversidad a nivel intraespecífico.

En muchas regiones del planeta se han desarrollado instrumentos de conservación y manejo con criterios que indirectamente protegen a la diversidad genética, pero al compararlos nos enfrentamos con que presentan conjuntos de datos y series de tiempo desfasados y esto limita los análisis. Es necesario un indicador del estado actual de conservación biológica y evolutiva de las especies que permita un monitoreo sistemático. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo es averiguar si las herramientas de conservación actuales están enfocadas en medidas efectivas para la conservación de los procesos evolutivos.

En esta investigación obtuvimos los parámetros de seis herramientas, es decir, documentos usados para la generación y aplicación de políticas públicas, que describen los criterios para tomar decisiones respecto a la conservación de las especies. Las seis herramientas son: “Conferencia 9.24 de CITES”, “Categorías y criterios de la Lista Roja”, “Productividad, susceptibilidad y manejo de tiburones mexicanos listados en el apéndice II de CITES”, “Marine Stewardship Council Fisheries Standard”, “Método de evaluación de riesgo de especies silvestres en México” y “Método de evaluación de riesgo de plantas en México”. Los clasificamos según su nivel ecológico (población, comunidad o ecosistema), su carácter evolutivo (directamente evolutivos si revelan cambios en la estructura genética, indirectamente evolutivos si sólo sugieren los cambios, o no evolutivos) y su factor de cambio (parámetros cuyos resultados pueden cambiar en el tiempo, como el tamaño poblacional, o parámetros que no cambian, como el hecho de ser especies migratorias). Los análisis revelaron que la mayoría de los parámetros son poblacionales (71%) y no-evolutivos (61%). Las herramientas presentan desde un 30% hasta un 100% de parámetros que cambian en el tiempo, que servirán para monitorear y construir así el indicador propuesto. Dentro de los parámetros de cambio, los más escasos (3%) fueron los de migración. La carencia de éstos implica que no sabremos en qué medida afectarán la introducción de especies, fragmentación y otros procesos al flujo génico.

Proponemos que los parámetros existentes en las herramientas sean revalorados como línea base, que se haga una reclasificación de esos mismos parámetros con una función múltiple (diagnóstico, monitoreo y mitigación), siempre dando prioridad a que continúen los procesos evolutivos que mantienen la diversidad genética. Sugerimos aprovechar la mecánica gubernamental y académica que ya existe. Una vez sistematizada la información se puede usar para evaluar el límite planetario denominado integridad de la biósfera que propone Rockström.

ABSTRACT

According to the Earth System framework, proposed by Rockström and collaborators, the biosphere integrity is composed of functional diversity and genetic diversity. The loss of genetic diversity has been measured until now through the species' extinction rate, but it is necessary to find a way to measure the loss of diversity at an intraspecific level.

Different tools for biodiversity conservation and management purposes have been developed in many regions of the planet. They indirectly protect genetic diversity, but if they are compared we find out that they have outdated data sets and time series and this limits the analyses. An indicator of the actual state of the biological and evolutionary conservation of species that allows bottom-up systematic monitoring is needed, that is, considering local particularities and mechanisms generated for conservation at a global level. Thus, the objective of this work is to find out if the current conservation tools are focused on effective measures for conservation of evolutionary processes.

In this investigation we obtained parameters from six tools, that is, documents used for the generation and application of public policies, that describe the criteria to make decisions about conservation of species. The tools are: "Resolution to Conference 9.24", "Red List Categories and Criteria", "Productivity, susceptibility and management of mexican sharks listed in CITES appendix II", "Marine Stewardship Council Fisheries Standard", "Risk of extinction of wild species in Mexico assessment methodology" and "Risk of extinction of plants in Mexico assessment methodology". We classified them according to their ecological level (population, community, or ecosystem), their evolutionary nature (directly if they reveal changes in genetic structure, indirectly if they only suggest changes, or non-evolutionary) and their change factor (parameters whose results can change over time, like population size, or parameters that do not change, like the fact of being migratory species). The analyses revealed that most of the parameters are populational (71%) and non-evolutionary (61%). Tools include a percentage of change parameters that goes from 30 to 100%, which will be used to monitor and thus build the proposed indicator. Among the change parameters, those related to migration were the most scarce (3%). Such shortage implies that we cannot know how much the introduction of species, fragmentation, and other processes will affect gene flow.

We propose that the existing parameters in each tool should be reassessed as a baseline, that a reclassification of those same parameters with multiple functions

(diagnosis, monitoring, and mitigation) is made, always prioritizing the fact that evolutionary processes that maintain genetic diversity continue. We suggest taking advantage of the existing governmental and academic mechanics. Once systematized, the information can be used to assess the biosphere integrity planetary boundary.

INTRODUCCIÓN

El aprovechamiento de los recursos que hace la humanidad ha llevado a muchas especies a la extinción a una velocidad que rebasa la resiliencia natural del planeta Tierra, de modo que la vida no alcanza a reemplazarse o regenerarse para sustituir las funciones que cubrían esas especies, como lo haría en el caso de una extinción “natural” (Arita, 2016). Actualmente se están perdiendo ecosistemas completos mucho más rápido que en otras eras geológicas y el declive en el número de individuos es similar al de otras extinciones (Dirzo *et al.*, 2014). Debemos garantizar que la época actual sea una en la que podamos prosperar y garantizar también un futuro para las próximas generaciones.

Para proponer un plan de acción, se puede tomar como primer paso la delimitación del problema a nivel global. Para eso conviene tomar como punto de partida al marco de referencia del Sistema Tierra (ES por sus siglas en inglés, *Earth System*) (Rockström *et al.*, 2009). Según esta propuesta, en la Tierra ocurren diferentes procesos que la mantienen en funcionamiento, entre los que se encuentran los sistemas de circulación física del planeta, la regulación de la temperatura, etc. Desde 2009, los autores del ES identificaron nueve procesos y para cada uno de ellos definieron un límite, llamado “límite planetario”, que es un espacio de operación seguro en el que es posible mantener la actividad humana sin desestabilizar los procesos del ES (fig. 1). También han logrado definir unidades de medición y límites planetarios para la mayoría de ellos (Rockström *et al.*, 2009); sin embargo, algunos aún continúan en investigación. El objetivo del proyecto de límites planetarios, que lleva ya más de diez años de avances, es entender el funcionamiento del ES en cada una de sus diferentes formas y lograr tener medidas tan rigurosas como sea posible para saber hasta qué punto la humanidad puede perturbar estos procesos sin provocar en ellos un desequilibrio; sólo así tendremos una noción más clara sobre cómo regular nuestras actividades. “Las consecuencias de transgredir uno o más de los límites planetarios pueden ser deletéreas o incluso catastróficas debido al riesgo de cruzar umbrales que dispararían cambios ambientales no lineales y abruptos a escalas continentales o planetarias” (Rockström *et al.*, 2009).

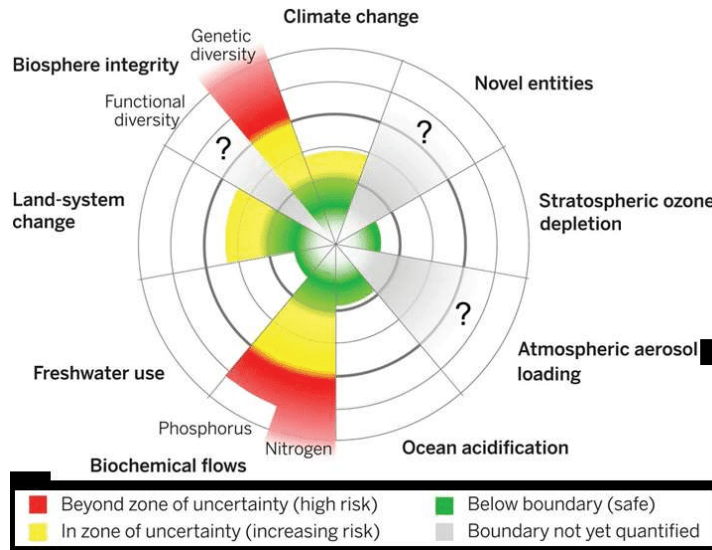


Fig. 1. Estado actual de las variables control para siete de los nueve límites planetarios, tomado de Steffen *et al.*, 2015

De los nueve procesos descritos para el ES, uno de los que se consideran centrales es la integridad de la biósfera (Steffen *et al.*, 2015). Se estudió la integridad de la biósfera desde los ángulos de la diversidad funcional y de la diversidad genética. La propuesta que hicieron fue que la pérdida de diversidad genética por ahora sea representada solamente por medio de la tasa de extinción de especies, porque carecemos de las herramientas que podrían permitir analizar la pérdida de diversidad intraespecífica. Aun así, la parte de diversidad genética medida (100–1000 E/MSY) ya ha rebasado el límite propuesto (< 10 E/MSY) más allá de la zona del umbral de riesgo alto. Se requiere mucho trabajo para comprender este proceso y para proponer soluciones que mantengan sus niveles por debajo del límite planteado.

Existen esfuerzos de conservación, pero la información genética aún no se ha incorporado a muchos de ellos (Holderegger, et al, 2019); a este fenómeno se le conoce como “brecha entre la genética y la conservación” (Sandström *et al.*, 2019). La pérdida de la diversidad genética puede ser un proceso difícil de ver si no existen puntos de comparación iniciales, además se espera contar con métricas a nivel global por lo que es aún más complicado. Una de las causas demostradas de la pérdida de diversidad genética se debe al aprovechamiento excesivo de las especies, del que cada vez hay más evidencias biológicas y económicas (Bunnefeld y Keane, 2014). Se han reportado cambios en las frecuencias fenotípicas de poblaciones en uso y se ha demostrado que estos cambios se llevan a cabo mediante mecanismos evolutivos como la selección generada por el mismo aprovechamiento (Festa-Bianchet 2013; Vainikka y Hyvärinen, 2012), por lo que se necesita integrar la información sobre los potenciales efectos evolutivos del aprovechamiento selectivo en los planes de manejo (Bunnefeld y Keane, 2014).

Para entender la brecha entre genética y conservación, es necesario entender cómo ocurre el traslado de la información desde las áreas de investigación, donde el conocimiento se produce, hasta que éste se aplica en las políticas públicas orientadas a la conservación local y global. La información genética existe (Hoban *et al.* 2013), y también existe el interés de usarla por parte de los tomadores de decisiones (Holderegger *et al.* 2019; Sandström *et al.* 2019). Sin embargo, hay una falla en la comunicación entre científicos y tomadores de decisiones. El estudio de Hoban *et al.* (2013) buscó la frecuencia con que la palabra “política” se menciona en los artículos de la revista Conservation Genetics desde que ésta inició, y tan solo el 0.8% la mencionan. Además de esto, la comunicación entre ambos grupos de actores se ve mermada por la presentación de la información por medio de un lenguaje técnico especializado, en revistas científicas de difícil acceso, principalmente en inglés, con intereses científicos más que prácticos, con preguntas subsecuentes (que en muchas ocasiones quedan sin respuestas) y que para su completa comprensión se requieren conocimientos complejos de ecología y evolución (Hoban *et al.*, 2013; Holderegger, *et al.*, 2019; Sandström *et al.*, 2019). Otro obstáculo importante es que las metas de conservación de diversidad genética presentes en las políticas internacionales y nacionales carecen de un nicho en los planes de manejo locales (Laikre *et al.*, 2016). Las herramientas de conservación y aprovechamiento de recursos genéticos deberían ser un puente de ciencia aplicada, en el que participen los científicos y las científicas generando y traduciendo información en formatos con resultados que dicten prácticas consecuentes de manejo.

El presente trabajo tiene como objetivo averiguar si las herramientas de conservación y aprovechamiento actuales están enfocadas en medidas efectivas para la conservación de los procesos evolutivos que originan y mantienen la diversidad genética (Wegier, 2013). Para efectos de esta investigación, definimos a las herramientas como documentos usados para la generación y aplicación de políticas públicas, que describen los criterios para tomar decisiones respecto a la conservación de las especies. Se seleccionaron seis herramientas, entre las que se encuentran tres nacionales (México) y tres internacionales; cada una se describe a continuación.

1. Resolution to conference 9.24:

Esta herramienta establece los criterios biológicos y comerciales que deben seguirse para incluir especies en los Apéndices I y II de la Convención de Diversidad Biológica. Es una herramienta de carácter internacional con capacidad para evaluar a especies de todo tipo. Su objetivo es que las decisiones para enmendar los Apéndices de la Convención estén fundadas en información científica sólida y pertinente (CITES, 2002).

2. “Red List Categories and Criteria”:

La Lista Roja es un sistema para clasificar especies de alto riesgo de extinción global. Es aplicable para la mayoría de los organismos, posee reconocimiento internacional y se ha usado en una amplia gama de publicaciones por numerosas organizaciones gubernamentales y no gubernamentales. Este documento

establece nueve categorías diferentes, de las cuales sólo tres representan algún grado de amenaza (en peligro crítico, en peligro y vulnerable). Los criterios de estas tres categorías fueron los que se analizaron en esta investigación (Comisión de Supervivencia de Especies de la UICN, 2012).

3. “Marine Stewardship Council Fisheries Standard”:

El estándar de pesquerías de Marine Stewardship Council tiene como objetivo asegurar que los alimentos marinos etiquetados provengan de pesquerías sostenibles y puedan ser rastreados hasta ellas. El documento se basa en tres principios que le permiten lograr este objetivo:

a. Stocks sostenibles: la pesquería debe garantizar que las poblaciones blanco no estén sobreexplotadas, o en caso de estarlo, deben garantizar que se trabaja en recuperarlas.

b. Impacto ambiental de la pesca: las operaciones de la pesca deben garantizar que se mantendrá la estructura, productividad, función y diversidad del ecosistema del que la pesquería depende, así como de las especies asociadas a éste.

c. Manejo efectivo: la pesquería debe estar sujeta a un sistema de manejo efectivo que garantice que se respeten las leyes locales, nacionales e internacionales y que incorpore marcos institucionales y operacionales que requieran que el uso de los recursos sea responsable y sostenible (Marine Stewardship Council, 2018).

4. “Productivity, susceptibility and management of mexican sharks listed in CITES appendix II”:

Este reporte es el resultado de un taller que tuvo como objetivo evaluar la productividad, susceptibilidad y riesgo por manejo de las 4 especies de tiburones listadas en el apéndice II de CITES que están sujetas a pesca y comercio internacional en México (hasta el año de publicación de la herramienta): *Sphyrna mokarran*, *Sphyrna lewini*, *Sphyrna zygaena* y *Carcharhinus longimanus*. Esta evaluación sirve para tener más y mejores elementos para emitir los dictámenes de extracción no perjudicial (NDF), documentos necesarios para asegurar que la comercialización internacional de dichas especies sea sustentable. Participaron en ella dependencias del gobierno, instituciones académicas, asociaciones civiles y consultores independientes (Benítez Díaz, H., López Segurajáuregui, G., y Rivera Téllez, E., 2015).

5 y 6. “Risk of Extinction of Wild Species in Mexico Assessment Methodology” y “Risk of Extinction of Plants in Mexico Assessment Methodology”:

Estas dos herramientas pertenecen a una misma Norma Oficial Mexicana, cuyo objetivo es identificar especies o poblaciones en riesgo y establecer los criterios de inclusión, exclusión o cambio de categoría de riesgo de extinción. La metodología de especies silvestres (anexo I de la NOM 059 SEMARNAT 2010) trata a todas las especies excepto a las plantas, porque la segunda metodología (anexo II) trata exclusivamente a las plantas. El resultado de la evaluación que se hace con ambas metodologías es una sola lista (anexo III) en la que se puede localizar a

cada especie y a su categoría de riesgo. Existen cuatro posibles categorías: En peligro de extinción, Amenazada, Sujeta a protección especial y Probablemente extinta en el medio silvestre. En la elaboración de la Norma participaron Secretarías, Institutos nacionales, centros de investigación, universidades y distintas organizaciones y sociedades (SEMARNAT, 2010).

Se presenta esta investigación en formato de artículo científico del tipo Resumen Político (*Policy brief*), que es una de las modalidades que ofrece la revista elegida para publicación. Este tipo de artículo otorga la posibilidad de relatar un descubrimiento y, además, hacer sugerencias puntuales respecto a las políticas públicas existentes en la actualidad, con una propuesta concreta de acción. Un propósito de esta investigación es que se aprovechen los esfuerzos previos en cuanto a generación de instrumentos para la conservación y que no implique un gasto de recursos excesivo. A lo largo del artículo se describe cómo es posible aprovechar las herramientas ya existentes e incluso las muestras que fueron tomadas para realizar las mediciones iniciales y dar con ello una solución viable. Más que generar nuevos mecanismos o estrategias, es posible reorganizar los parámetros de los instrumentos que ya existen a nivel mundial y regional, y transformarse en herramientas multipropósito para lograr con eso obtener información altamente valiosa para la conservación a largo plazo.

Sin mayor preámbulo, se presenta a continuación el artículo “*Unite behind evolutionary biology: modifying public policies and their tools to achieve long-term conservation*”.

Unite behind evolutionary biology: modifying public policies and their tools to achieve long term conservation

Cristina Guzmán González^{1,2}, Javier Pérez-López^{1,2}, Ana Wegier^{2*}

¹Posgrado en Ciencias Biológicas, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Mexico, ²Laboratorio de Genética de la Conservación, Jardín Botánico, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Mexico

Submitted to Journal:
Frontiers in Marine Science

Specialty Section:
Marine Affairs and Policy

Article type:
Policy Brief Article

Manuscript ID:
564941

Received on:
22 May 2020

Frontiers website link:
www.frontiersin.org

Conflict of interest statement

The authors declare that the research was conducted in the absence of any commercial or financial relationships that could be construed as a potential conflict of interest

Author contribution statement

CGG and AW conceived the project. CGG analyzed the tools. JPL assisted with data analysis and prepared the figures. All authors managed the database, classified the parameters, wrote the manuscript and approved final version.

Keywords

Biosphere integrity, conservation-genetics gap, Public policies, conservation tools, change parameters, Evolutionary processes

Abstract

Word count: 125

- Having a planetary scale indicator of genetic diversity loss poses a challenge. But can be accomplished using the conservation tools available throughout the world. An indicator of the current state of evolutive conservation of the species that allows bottom-up monitoring is required to be used as the 'control variables' for biosphere integrity planetary boundary.
- We extracted parameters from six conservation tools and classified them according to ecological level, evolutionary nature and change factor.
- The frequency of parameters reveals that they are mostly population, non-evolutionary and change ones.
- We suggest turning the current conservation tools into multipurpose ones (diagnosis, monitoring and mitigation) by reassessing their change parameters as a baseline that could be used as part of the biosphere integrity planetary boundary.

Contribution to the field

We made a timely suggestion that may be of interest to decision makers working particularly on long term conservation. Oceans are growingly being affected by human activities and the big marine organisms' habitats usually exceed political divisions, so there is a need for a strategy that regulates conservation at long term and that works both locally and globally. Biosphere integrity is one of the planetary boundaries and it searches to meet the conservation status of biodiversity, but genetic diversity has been particularly difficult to assess. We propose to take advantage of the existing conservation tools around the world to use them as baseline of an indicator for the conservation status of genetic diversity. If it is put into action, this indicator may be a strategy to conserve evolutionary processes in different regions of the world using the same criteria to diagnose, monitor and mitigate.

Funding statement

The projects CONABIO DGAP003/WN003/18 and UNAM-PAPIIT IN214719, as well as CONACYT scholarships no. 777752 and 609346 financially supported the development of this research and extra support for publication is being requested from the first two.

Unite behind evolutionary biology: modifying public policies and their tools to achieve long term conservation

Cristina Guzmán-González^{1,2}, Javier Pérez-López^{1,2}, Ana Wegier^{*1}.

¹ Laboratorio de Genética de la Conservación, Jardín Botánico, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México.

² Posgrado en Ciencias Biológicas, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México.

* Correspondence:

Ana Wegier

awegier@ib.unam.mx

Keywords: biosphere integrity, conservation-genetics gap, public policies, conservation tools, change parameters, evolutionary processes.

Abstract

- Having an indicator of genetic diversity loss at the planetary scale poses a challenge but can be accomplished using the conservation tools available throughout the world. An indicator of the current state of evolutionary conservation of species that allows a bottom-up monitoring is required to be used as 'control variables' for the biosphere integrity planetary boundary.
- We extracted parameters from six conservation tools and classified them according to their ecological level, evolutionary nature and change factor.
- The frequency of parameters reveals that they are mostly population, non-evolutionary and change ones.
- We suggest turning the current conservation tools into multipurpose ones (diagnosis, monitoring and mitigation) by reassessing their change parameters as a baseline that could be used as part of the biosphere integrity planetary boundary.

1. Introduction

Human activities are affecting the Earth system (Jackson et al., 2001; Baum et al., 2003; Weigle et al., 2005; Cozar et al., 2014; Heithaus et al., 2014; McCauley et al., 2015; Anton et al., 2019). We are bound to search for a new paradigm that allows humanity to develop in a sustainable way (Liu et al., 2018). Based on the functioning and resilience of the Earth

system, nine planetary boundaries were defined in an effort to find the safe operating space for human societies to develop; the biosphere integrity planetary boundary is at a particularly high risk (Steffen et al., 2015). Having an indicator of genetic and biological diversity loss at a planetary scale is complicated as changes occur in different ways according to each region; therefore future research is required to ensure the availability of reliable data to be used as the 'control variables' for this boundary (Steffen et al., 2015; Blowes et al., 2019).

At first, the definition of the concept of biosphere integrity was based on extinction rates, with the necessity of incorporating the role of biodiversity into the ecosystems' functioning at different scales (Lenton and Williams, 2013). Many efforts at global and local scales have been proposed since then (Pereira et al., 2017). For instance, the Living Planet Index (Collen et al., 2013), the Environmental Performance Index (Wendling, 2018), the International Union for Conservation of Nature Red List Index (Comisión de Supervivencia de Especies de la UICN, 2000) and the Biodiversity Integrity Index (Majer and Beeston, 1996), and initiatives coordinated by United Nations like the Millenium Ecosystem Assessment (Norgaard, 2008) and the Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services (Maljean-Dubois, 2014) are among the most relevant attempts. All these indices have summed up transcendent efforts to build public databases that integrate the experts' criteria, and historically have assumed the conservation of genetic diversity (Storfer, 1996); however, it is necessary to evaluate the effectiveness of the measures through systematic monitoring.

Nowadays, the exploitation and use of genetic resources in each country is regulated locally with different instruments (Branquinho et al., 2019). Nevertheless, legislations are often disconnected from the context where they are developed. Water, land ownership, agriculture, wildlife, indigenous communities, profit sharing and intellectual property are regulated by institutions with particular goals that are frequently alien to each other. Moreover, having outdated data sets and time series becomes a limitation; therefore, their analyses are also outdated (Blowes et al., 2019). This prevents us from arriving at significant conclusions on local and global biodiversity change (Cardinale et al., 2018). In addition, the strategies to preserve populations are uniform, but their genetics are constantly changing so these strategies must be dynamical too.

We must migrate from a strategy centered on the numerical dynamics of populations to another one that guarantees the maximum evolutionary potential to comply with the future changing conditions (Mace and Purvis, 2008). Furthermore, some evolutionary changes can occur in ecological time scales (Ashley et al., 2003; Stockwell et al., 2003) so they can be used to monitor the conservation status and effectiveness of the measures over time. In summary, by considering the evolutionary and ecological processes that origin and preserve the biological and genetic diversity, successful results in resource management can be achieved (Kinnison and Hairston, 2007; Mace and Purvis, 2008; Schlaepfer et al., 2010) and reduce the probability that “unpleasant surprises” occur (Lankau et al., 2011).

Humanity's resources depend on a diversity that, in most cases, is not considered in the different conservation tools available (Sandström et al., 2019). Mariculture and agrobiodiversity need effective conservation measures. These are complex strategies because the processes that have originated and that drive populations' genetic diversity in the domestication processes are entwined with cultures' interests, which are also at risk of disappearing or changing their lifestyles (Pérez-Zavala, 2004, 41). The loss of this diversity cannot be ignored in the planetary boundaries nor forgotten by public policies, but in many cases these policies are contrary to the diversity and its surroundings' conservation by restricting the gene flow (Ridley and Alexander, 2016).

The information included in the exploitation and conservation instruments is useful to respond to actual needs, but an indicator of the current state of the biological and evolutive conservation of the species that allows a bottom-up monitoring to consider local particularities is required. It must be functional both at a local level (so it has the possibility to influence public policies and budgets) and at a global level (so it clarifies the existing mechanisms for global communication around conservation) (Vince and Hardesty, 2017), as it happens with the Convention on Biological Diversity. Building an indicator of the species' conservation state at the global level seems like an overwhelming responsibility, but part of the work has already been done because data may be rescued from previous samplings and it can be used as "time zero" in comparisons.

Humanity's survival depends on the conservation of genetic resources (Young et al., 2016). Society demands actions to ensure enough resources for next generations, however, in order to properly manage and preserve genetic resources, timely information is required (Young et al., 2016). A great amount of information has already been organized, but it needs to be reclassified so it can be used in new ways. In this paper, we show how a selection of current tools (designed for management of resources or lists of endangered species) can be classified in order to identify changes that can be measured by combining the current and future information. It is possible to achieve this at global scale and, therefore, it would be possible to measure the changes in local diversity, assess the efficiency of the protection measures by country, establish thresholds based on this information and integrate the analyses of the planetary boundaries of biosphere integrity. Our objective is to propose a strategy that prioritizes the evaluation of genetic and biological variation, the processes that have formed and maintained them, and the context in which they develop, so it is considered in the efforts for the conservation of the Earth System.

2. Sections on Policy Options and Implications

Species conservation is managed through tools that generate diagnostics that allow us to make choices on their use. We analyzed the most recent versions of six tools (table 1). We chose three national (Mexico) and three international tools so that we had results from both local and global levels. To be selected for this investigation, tools had to:

- be dictated by scientific or governmental authorities.
- be built with (mostly biological) evaluation criteria that facilitated information about the current state of a population or species, its context or interactions.
- be designed with the main purpose of making decisions on management or conservation.

Table 1. Tools names, keys and characteristics. The short names for the tools are presented in this table, as well as the code keys by which we will refer to them onward. Geographic origin, main purpose and year of publication of each tool are described. The complete name for each tool can be found in the supplementary materials section.

Tool name	Key	Geographic origin	Main purpose	Year
Resolution to conference 9.24	CITES	International	Management	2002
Red List Categories and Criteria	IUCN	International	Conservation	2012
Marine Stewardship Council Fisheries Standard	MSC	International	Management	2018
Productivity, susceptibility and management of mexican sharks listed in CITES appendix II	PSM	National	Management	2015
Risk of Extinction of Wild Species in Mexico Assessment Methodology	RAM I	National	Conservation	2010
Risk of Extinction of Plants in Mexico Assessment Methodology	RAM II	National	Conservation	2010

The parameters of each tool were extracted, and a database was built. Then, they were classified by ecological level, evolutionary nature and change factor through time to obtain the total number of parameters of each one (Figure 1). A χ^2 test was carried out to compare the frequency of the parameters found between tools. Then, through a standardized residual test, we determined if the registered frequency was higher or lower than the expected by

chance. The code used to build the database and χ^2 are available in the following repository: <https://github.com/conservationgenetics/Unite-behind-evolutionary-biology.git>. The definitions of tool, parameter, tools complete names, authors and category by type of analyses, as well as the results of the χ^2 test, are found in the supplementary section.

The first step of our analysis was to determine the information that has been employed until now in the different diagnostics made on species databases. 276 parameters were identified among the six analyzed tools. Here, we present the number of parameters included in each tool: MSC (101), CITES (57), RAM II (48), PSM (30), RAM I (25) and IUCN (15). The results of the three classifications described in the methodology are shown in figure 1.

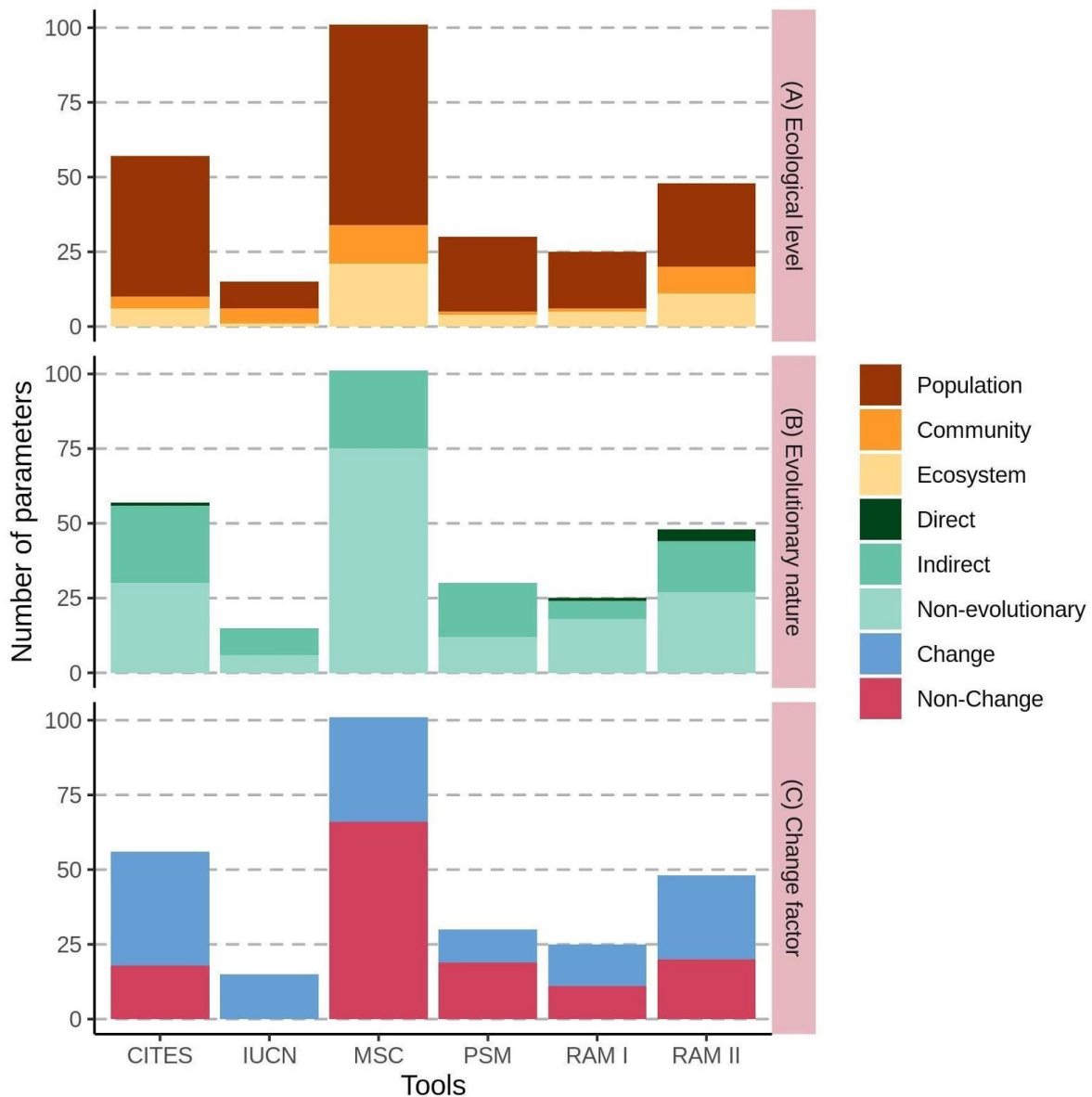


Figure 1. Classification of the parameters of each tool according to the type of information they provide. **(A)** Analysis of the ecological level from which the data in each tool is obtained (population, community, ecosystem). **(B)** Information related to the evolutionary history used in each tool (direct, indirect, non-evolutionary). **(C)** Characteristic information of the taxa that is sensitive to changes (change) and information that remains constant (non-change).

(1A) Ecological level (population, community, or ecosystem). We classified the parameters according to the ecological level from which they bring information. Although all the tools provide information on the three ecological levels, the proportion between variables is heterogeneous. Most of the parameters belonged to the “population” variable ($n=195$), meaning that information about populations’ emerging properties is abundant among the tools. Instead, the least frequent variable was “community” ($n=33$), so the information about the environmental context is scarcer.

(1B) Evolutionary nature (direct, indirect, or non-evolutionary). The most evident result is the low amount of evolutionary parameters. Although some tools weigh or assign a differential value to the importance of the evolutionary information, it is still not enough for changes to be monitored. There are three tools with less than four directly evolutionary parameters (CITES, RAM I, RAM II); this is equivalent to less than 1% of the total number of parameters within the range of each tool. Even more, in three others, these parameters are completely absent (IUCN, MSC, PSM). More than 70% of the assessed parameters lack the features that contribute to recapitulate the evolutionary history of species. At first sight, the results reveal that the conservation-genetics gap is a fact (Sandström et al., 2019). Nonetheless, the indirect parameters provide certain information that can be used as proxies of evolutionary parameters. For example, CITES has a parameter that measures size structure that could replace information about genetic structure in case of missing. Also, the non-evolutionary parameters provide information about the context of the species, its use and management, so they are also necessary.

(1C) Change factor (change or non-change). The change factor classification distinguishes between parameters with the capacity to change over time and space where the measurements are carried out (blue) and those without it (red), so that the information that can be used in systematic monitoring in time is identified. Five of the assessed tools have a fraction of parameters, that range from 30 to 60%, that can change over time as a consequence of management and exploitation of the species. Only IUCN presents 100% of change parameters.

Now that we have identified the change parameters as those useful for systematic monitoring, the second analysis has the purpose of making a deeper assessment that includes only them. Figure 2 was built using only the change parameters and it shows with more detail that some of them can be proxies of evolutionary and ecological processes.

Thus, in absence of directly evolutionary parameters, baseline information can be obtained to make comparisons. Additionally, if the monitoring process has traceability with the diagnostic one, the same experts can participate in the interpretation and even carry out genetic analyses of the previously collected samples, taking advantage of the current more affordable costs of genetic research (DePalma, 2015). Such an analysis could allow scientific information to be dynamically integrated to the decisions made by authorities.

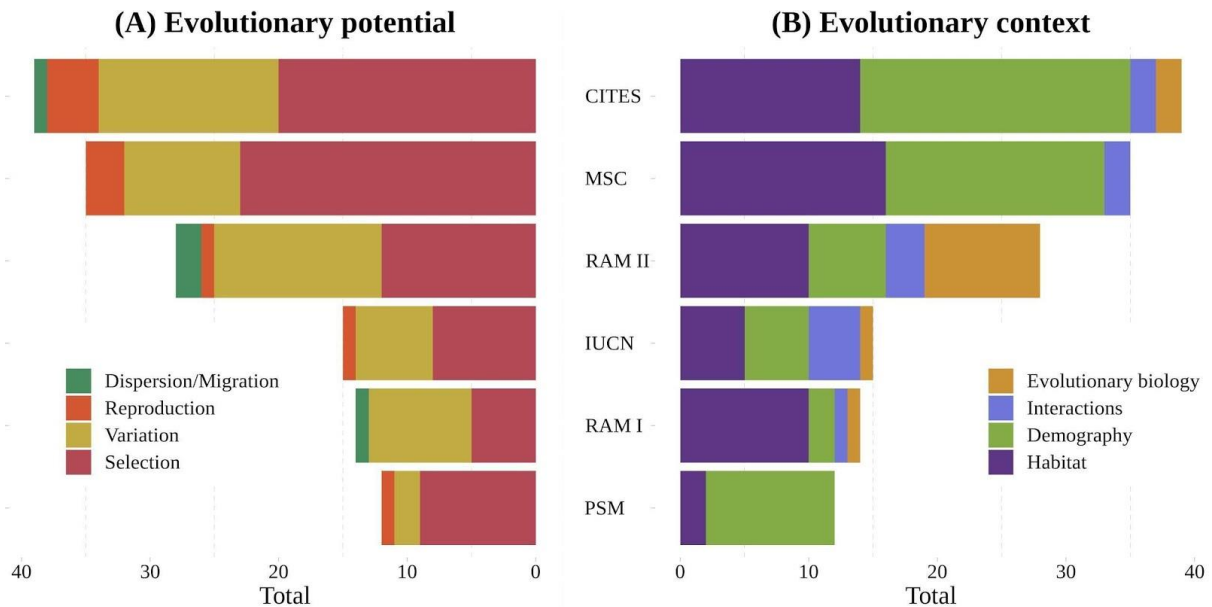


Figure 2. Classification of the change parameters based on the potential (A) and the evolutionary context (B) that can be modified over time.

Under the perspective of the evolutionary potential, the parameters related to migration and dispersion are the least represented in the tools (**Figure 2A**), so a parameter that can provide information about the gene flow (F_{st}) is missing in five of six tools; only RAM II includes it. The reason might be that it is an evolutionary force that was paid little attention in conservation before the development of conservation genetics (Ellstrand and Rieseberg, 2016) and that the tools were designed before these changes. Gene flow varies considerably between species, populations, and individuals, as well as over time (DePalma, 2015; Wu et al., 2016). Gene flow analysis is useful to observe the effects of introduced species, translocation of individuals, formation of hybrids, genetically modified organisms, fragmentation and conservation strategies (Ellstrand and Rieseberg, 2016). The consequences of gene flow are variable and can be hard to predict because they depend on evolutionary history and on the environment (Mercer et al., 2014; Hoffmann et al., 2015; Ridley and Alexander, 2016). Gene flow parameters are needed to diagnose and monitor changes. In this way, we will be able to see the effects of applying conservation strategies and of achieving local and global measurements that include the evolutionary potential.

As for the evolutionary context, **figure 2B** reiterates the absence of evolutionary parameters in almost all the tools, this time from the perspective of change parameters. Nevertheless, RAM II shows a high number of parameters that, while they are not directly evolutionary (because they were not reflected in the first classification), they could be indirect parameters that serve as proxies of evolutionary processes, even in the absence of genetic measurements. Given that the technological and economical resources dedicated to monitoring can be limited, we consider this tool to be an example to follow.

3. Actionable Recommendations

i. We propose to reassess the parameters of the existing diagnostic tools as a baseline to face the current challenges: monitoring and mitigation. The first step is to make a new classification of the parameters of the tools that have been used at a local level, with the advantage that the governmental and academic procedures that include information about the social and environmental context already exist.

ii. We suggest turning the conservation, trading and exploitation tools into multipurpose ones. The continuity of the evolutionary processes that origin and maintain genetic diversity is a priority. Traceability of data in the stages of diagnostic, monitoring and mitigation of damage must be assured. We highly recommend carrying out genetic analyses of samples that have already been collected and to take advantage of the local and global comparisons of resources shared between countries, such as marine organisms.

iii. The systematized information can be used as part of the biosphere integrity planetary boundary if the committees reach consensus through the perspective of Earth System Science.

iv. Finally, this strategy must include the diversity that sustains the provisioning and cultural ecosystemic services, integrating the genetic diversity that human activities drive (mariculture, aquaculture, agriculture, animal husbandry and others) in domestication processes. This diversity is vulnerable and the strategies for the conservation of the evolutionary processes that maintain it are complex so they must be managed, using the tools, in an integral way.

4. Conclusions

All tools are perfectible, but the value of the information that has been systematized with them is unmatched, because currently we have the information of the “time zero” or baseline, so that when we make a comparison we are able to figure out the current state of the diversity. The six tools we used as examples in this paper have already been used to assess around 150 thousand species; these represent a very small fraction of the total number of tools used worldwide. If the tools of each country were gathered, a great part of

the diversity associated with cultural, economic, social and scientific interest for humanity could be represented. It will certainly be an exercise with many benefits. Long term conservation will only be possible if we unite behind evolutionary biology.

5. Conflict of Interest

The authors declare that the research was conducted in the absence of any commercial or financial relationships that could be construed as a potential conflict of interest.

6. Author contributions

CGG and AW conceived the project. CGG analyzed the tools. JPL assisted with data analysis and prepared the figures. All authors managed the database, classified the parameters, wrote the manuscript and approved final version.

7. Funding Statement

This work was financially supported by the projects CONABIO DGAP003/WN003/18 and UNAM-PAPIIT IN214719. CGG and JP-L were supported by CONACYT through scholarships no. 450908 and no. 609346 respectively. The funders had no role in study design, data analysis, decision to publish, or preparation of the manuscript.

8. Acknowledgements

We are grateful for the support of Héctor Espinosa-Pérez, Juan J. Schmitter-Soto, Kim Ley Cooper and Olmo Torres Talamante. We also thank Denise Arroyo, Guadalupe Andraca, Diego Casar, Eunice Arteaga and Melania Vega for discussions concerning this manuscript and Lourdes Guzmán for helping with the translation of this document. This work constitutes the master's degree research of CGG, who received a scholarship from the Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) and extends thanks to the Graduate Program Posgrado en Ciencias Biológicas at Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).

9. Data Availability Statement

The datasets generated and analyzed for this study can be found in the repository “Unite behind evolutionary biology”, by “*conservationgenetics*” (<https://github.com/conservationgenetics/Unite-behind-evolutionary-biology.git>).

10. References

Anton, A., Geraldi, N. R., Lovelock, C. E., Apostolaki, E. T., Bennett, S., Cebrian, J., et al. (2019). Global ecological impacts of marine exotic species. *Nature Ecology and Evolution* 3, 787–800. doi: 10.1038/s41559-019-0851-0

Ashley, M. V., Willson, M. F., Pergams, O. R. W., O'Dowd, D. J., Gende, S. M., and Brown, J. S. (2003). Evolutionarily enlightened management. *Biological Conservation* 111, 115–123. doi: 10.1016/s0006-3207(02)00279-3.

Baum, J. K., Myers, R. A., Kehler, D. G., Worm, B., Harley, S. J., and Doherty, P. A. (2003). Collapse and conservation of shark populations in the Northwest Atlantic. *Science* 299, 389–392. doi: 10.1126/science.1079777

Blowes, S. A., Supp, S. R., Antão, L. H., Bates, A., Bruelheide, H., Chase, J. M., et al. (2019). The geography of biodiversity change in marine and terrestrial assemblages. *Science* 366, 339–345. doi: 10.1126/science.aaw1620

Branquinho, C., Serrano, H. C., Nunes, A., Pinho, P., and Matos, P. (2019). “Essential Biodiversity Change Indicators for Evaluating the Effects of Anthropocene in Ecosystems at a Global Scale”, in *From Assessing to Conserving Biodiversity*, ed. E. Casetta, J. Marques da Silva and D. Vecchi (Cham, Switzerland: Springer), 137–163.

Cardinale, B. J., Gonzalez, A., Allington, G. R. H., and Loreau, M. (2018). Is local biodiversity declining or not? A summary of the debate over analysis of species richness time trends. *Biological Conservation* 219, 175–183. doi: 10.1016/j.biocon.2017.12.021.

Comisión de Supervivencia de Especies de la UICN. (2000). *Categorías y Criterios de la Lista Roja de la UICN. Versión 3.1. Segunda edición.* Gland, Suiza: UICN.

Collen, B., McRae, L., Loh, J., Deinet, S., De Palma, A., Manley, R., et al. (2013). Tracking Change in Abundance: The Living Planet Index. *Biodiversity Monitoring and Conservation* 71–94. doi: 10.1002/9781118490747.ch4.

Cozar, A., Echevarria, F., Gonzalez-Gordillo, J. I., Irigoien, X., Ubeda, B., Hernandez-Leon, S., et al. (2014). Plastic debris in the open ocean. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 111, 10239–10244. doi: 10.1073/pnas.1314705111.

DePalma, A. (2015). Peptides: New Processes, Lower Costs. *Genetic Engineering & Biotechnology News* 35, 24–26. doi: 10.1089/gen.35.13.12.

Ellstrand, N. C., and Rieseberg, L. H. (2016). When gene flow really matters: gene flow in applied evolutionary biology. *Evolutionary Applications* 9, 833–836. doi: 10.1111/eva.12402

Heithaus, M. R., Alcoverro, T., Arthur, R., Burkholder, D. A., Coates, K. A., Christianen, M. J. A., et al. (2014). Seagrasses in the age of sea turtle conservation and shark overfishing. *Frontiers in Marine Science* 1, 1–6. doi: 10.3389/fmars.2014.00028.

Hoffmann, A., Plötner, J., Pruvost, N. B. M., Christiansen, D. G., Röthlisberger, S., Choleva, L., et al. (2015). Genetic diversity and distribution patterns of diploid and

- polyploid hybrid water frog populations (*Pelophylax esculentus* complex) across Europe. *Molecular Ecology* 24, 4371–4391. doi: 10.1111/mec.13325.
- Jackson, J. B., Kirby, M. X., Berger, W. H., Bjorndal, K. A., Botsford, L. W., Bourque, B. J., et al. (2001). Historical overfishing and the recent collapse of coastal ecosystems. *Science* 293, 629–637. doi: 10.1126/science.1059199
- Kinnison, M. T., and Hairston, N. G. (2007). Eco-evolutionary conservation biology: contemporary evolution and the dynamics of persistence. *Functional Ecology* 21, 444–454. doi: 10.1111/j.1365-2435.2007.01278.x.
- Lankau, R., Jørgensen, P. S., Harris, D. J., and Sih, A. (2011). Incorporating evolutionary principles into environmental management and policy. *Evolutionary Applications* 4, 315–325. doi: 10.1111/j.1752-4571.2010.00171.x
- Lenton, T. M., and Williams, H. T. P. (2013). On the origin of planetary-scale tipping points. *Trends in Ecology & Evolution* 28, 380–382. doi: 10.1016/j.tree.2013.06.001
- Liu, J., Hull, V., Godfray, H. C. J., Tilman, D., Gleick, P., Hoff, H., et al. (2018). Nexus approaches to global sustainable development. *Nature Sustainability* 1, 466–476. doi: 10.1038/s41893-018-0135-8.
- Mace, G. M., and Purvis, A. (2008). Evolutionary biology and practical conservation: bridging a widening gap. *Molecular Ecology* 17, 9–19. doi: 10.1111/j.1365-294X.2007.03455.x
- Majer, J. D., and Beeston, G. (1996). The Biodiversity Integrity Index: An illustration using ants in western Australia. *Conservation Biology* 10, 65–73. doi: 10.1046/j.1523-1739.1996.10010065.x.
- Maljean-Dubois, S. (2014). The intergovernmental science-policy platform on biodiversity and ecosystem services (IPBES). *Journal International de Bioethique* 25, 55–73, 146.
- McCauley, D. J., Pinsky, M. L., Palumbi, S. R., Estes, J. A., Joyce, F. H., and Warner, R. R. (2015). Marine defaunation: animal loss in the global ocean. *Science* 347, 1255641-1–1255641-7. doi: 10.1126/science.1255641
- Mercer, K. L., Jason Emry, D., Snow, A. A., Kost, M. A., Pace, B. A., and Alexander, H. M. (2014). Fitness of crop-wild hybrid sunflower under competitive conditions: implications for crop-to-wild introgression. *PLoS ONE* 9, e109001, 1- 10. doi: 10.1371/journal.pone.0109001.
- Norgaard, R. B. (2008). Finding hope in the millennium ecosystem assessment. *Conservation Biology* 22, 862–869. doi: 10.1111/j.1523-1739.2008.00922.x
- Pereira, H. M., Belnap, J., Böhm, M., Brummitt, N., García-Moreno, J., Gregory, R., et al. (2017). “Monitoring Essential Biodiversity Variables at the Species Level”, in

- The GEO Handbook on Biodiversity Observation Networks, M. Walters and R. J. Scholes (Cham, Switzerland: Springer), 79–105.
- Pérez Zavala, C. (2004). La muerte de las culturas locales y el renacimiento de las culturas políticas. *El Cotidiano* 20, 127, 40-45.
- Ridley, C. E., and Alexander, L. C. (2016). Applying gene flow science to environmental policy needs: a boundary work perspective. *Evolutionary Applications* 9, 924–936. doi: 10.1111/eva.12393
- Sandström, A., Lundmark, C., Andersson, K., Johannesson, K., and Laikre, L. (2019). Understanding and bridging the conservation-genetics gap in marine conservation. *Conservation Biology* 33, 725–728. doi: 10.1111/cobi.13272
- Schlaepfer, D. R., Glättli, M., Fischer, M., and Van Kleunen, M. (2010). A multi-species experiment in their native range indicates pre-adaptation of invasive alien plant species. *New Phytologist* 185, 1087–1099. doi: 10.1111/j.1469-8137.2009.03114.x.
- Steffen, W., Richardson, K., Rockstrom, J., Cornell, S. E., Fetzer, I., Bennett, E. M., et al. (2015). Planetary boundaries: Guiding human development on a changing planet. *Science* 347, 1259855- 1–1259855- 10. doi: 10.1126/science.1259855.
- Stockwell, C. A., Hendry, A. P., and Kinnison, M. T. (2003). Contemporary evolution meets conservation biology. *Trends in Ecology & Evolution* 18, 94–101. doi: 10.1016/s0169-5347(02)00044-7.
- Storfer, A. (1996). Quantitative genetics: a promising approach for the assessment of genetic variation in endangered species. *Trends in Ecology & Evolution* 11, 343–348. doi: 10.1016/0169-5347(96)20051-5
- Vince, J., and Hardesty, B. D. (2017). Plastic pollution challenges in marine and coastal environments: from local to global governance. *Restoration Ecology* 25, 123–128. doi: 10.1111/rec.12388.
- Weigle, S. M., David Smith, L., Carlton, J. T., and Pederson, J. (2005). Assessing the Risk of Introducing Exotic Species via the Live Marine Species Trade. *Conservation Biology* 19, 213–223. doi: 10.1111/j.1523-1739.2005.00412.x.
- Wendling, Z. A., Emerson, J. W., Esty, D. C., Levy, M. A., de Sherbinin, A., et al. (2018). Environmental Performance Index. New Haven, CT: Yale Center for Environmental Law & Policy 193.
- Wu, P.-P., Zuo, H.-W., Sun, G., Wu, D.-X., Salomon, B., Hu, Q.-W., et al. (2016). Comparison of gene flow among species that occur within the same geographic locations versus gene flow among populations within species reveals introgression among several *Elymus* species. *Journal of Systematics and Evolution* 54, 152–161. doi: 10.1111/jse.12172.

Young, H. S., McCauley, D. J., Galetti, M., and Dirzo, R. (2016). Patterns, Causes, and Consequences of Anthropocene Defaunation. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 47, 333–358. doi: 10.1146/annurev-ecolsys-112414-054142.

DISCUSIÓN GENERAL

Las herramientas de conservación analizadas tuvieron una capacidad limitada para evaluar la continuidad de los procesos evolutivos, claves en cualquier estrategia de conservación. En primer lugar, presentaron una baja frecuencia de parámetros directamente evolutivos (fig. 1B). Sin embargo, tienen un gran potencial de trabajo, si se toma en cuenta que hay muchos parámetros a nivel poblacional (fig. 1A) y, sobre todo, si se aprovechan los parámetros clasificados como *de cambio* (fig. 1C). Estas ventajas con las que ya cuentan las herramientas pueden compensar la ausencia de información directamente evolutiva con datos sobre fragmentación, cambios en la amplitud del intervalo altitudinal que abarcan, o del número de provincias que habitan, por poner algunos ejemplos, que indiquen una posible modificación de sus procesos evolutivos.

Éste no es el único trabajo en el que se sugiere modificar una herramienta para obtener más información en materia de diversidad genética. En el año 2015, Willoughby *et al* demostraron que los criterios de UICN no tienen la capacidad para detectar la pérdida sistemática de diversidad genética y, por lo tanto, proponen incorporar criterios adicionales que evalúen tamaño efectivo de población y diversidad genética que sirvan para definir prioridades de conservación. Esto permitiría proteger a especies con sistemas de apareamiento poco comunes o con características biológicas inusuales que en el pasado se han clasificado erróneamente en las categorías de bajo riesgo.

En segundo lugar, son herramientas de diagnóstico que se utilizan para tomar decisiones respecto al manejo; éstas deben ser complementadas para que, además de diagnosticar, también puedan monitorear los cambios y la efectividad de las acciones pasivas o activas, para así sustentar las decisiones desde la perspectiva de la conservación de los procesos y, por lo tanto, aumentar la posibilidad de lograr una mitigación adecuada de los daños. Es importante destacar la necesidad de dar un seguimiento en vez de realizar un diagnóstico único. Un estudio en el que se revisaron los Reportes Nacionales de distintos países para la Convención de Diversidad Biológica de los últimos dos periodos (2014 y 2018) se detectó que las estrategias de monitoreo genético son escasas (Hoban *et al.* 2020). Una de las recomendaciones de nuestra publicación fue transformar las herramientas en multipropósito, integrando tres aspectos: diagnóstico, monitoreo y mitigación (*actionable recommendation ii*). De esta forma se logra concatenar a los actores involucrados en un sistema integral, que ya cuenta con presupuesto y capacidad de gestión. Es un procedimiento sencillo que implica bajos gastos de recursos económicos al inicio. Esto permitiría a las herramientas locales e internacionales transformarse en un indicador de cambio sin perder las características con las que fueron diseñadas lo cual, además, las volvería comparables entre sí. Al contar con distintas herramientas que evalúen cambio en el tiempo, como las evaluadas en este trabajo, ya habría datos del estado de los procesos evolutivos, su variación y posibilidades de mitigación a nivel global, sobre el que se pueden establecer los umbrales que pongan en riesgo

la posibilidad de continuar, en el futuro cercano, la vida en la Tierra como la conocemos.

Es importante hacer este tipo de propuestas políticas para superar la brecha entre genética y conservación (Sandström *et al.* 2019). Un descubrimiento que aterriza en una propuesta de acción está mucho más cerca de frenar la crisis de pérdida de biodiversidad por la que atraviesa nuestro planeta. Las reuniones entre las partes firmantes del Convenio de Diversidad Biológica que se reúnen cada dos años en las COP podrían coadyuvar para la discusión requerida para el enriquecimiento e implementación de esta estrategia con la visión de los gobiernos.

Hoban *et al.* (2013) hacen algunas recomendaciones puntuales que se pueden aprovechar para superar la brecha:

- La información no debe quedarse entre científicos ni permanecer solo en los medios que utilizamos comúnmente para comunicarnos entre nosotros, como son libros y revistas indexadas. Deben generarse materiales atractivos, interactivos y participativos, que usen ejemplos prácticos y que eviten el lenguaje técnico. Por lo tanto, las científicas y los científicos deben tener una participación activa hasta la aplicación de conocimiento en políticas públicas. (Holderegger *et al.* 2019 también comparten esta sugerencia).
- El papel de los científicos puede ser ayudar en investigaciones, revisar proyectos, resolver preguntas, interpretar resultados y evaluar el éxito post proyecto que realicen los manejadores locales.
- Se sugiere promover la existencia de listas de contactos y foros de discusión que favorezcan la interacción entre las partes. En estos casos, es importante asegurar que los intereses de ambas partes estén representados.

Las aportaciones de Hoban *et al.* (2013) son pertinentes siempre que se tome en cuenta que el contexto en el que fueron propuestas es diferente al de México. En nuestro país también hay obstáculos entre la ciencia y la política, así que hay mucho trabajo por hacer por parte de ambos grupos. No basta sólo con hacer más accesible la información científica. Es importante que cada uno tome la responsabilidad que le corresponde y que no se le cargue todo el peso a un solo bando. Además de foros de discusión, sugerimos generar instituciones que construyan el puente necesario para superar la brecha entre genética y conservación, y que vuelvan vinculantes a las políticas públicas.

En cuanto al traslado de información desde su generación hasta su aplicación, nuestra investigación sólo refleja el resultado final, y es que las herramientas aún están limitadas para evaluar la continuidad de los procesos evolutivos. Para saber en qué parte de todo el proceso de traslado de información hubo un problema, sería necesario investigar también cómo fueron creadas las herramientas y quiénes participaron. De esa manera podríamos comprobar si el

proceso en México ocurre de manera similar a los resultados obtenidos en los estudios en el Mar Báltico (Hoban *et al.* 2013; Sandström *et al.* 2019).

Por otro lado, es común que se sugiera la protección de áreas o de variantes específicas de fenotipos como una propuesta de conservación genética (Moritz, 2004), nosotros sugerimos la conservación de los procesos que generan y mantienen la variación. Por lo tanto, buscar que los parámetros de las herramientas abarquen la recolección de este tipo de información se vuelve crucial.

Se cuenta en la actualidad con mucha información, suficiente para percatarnos de que es necesario reducir la erosión en la diversidad genética (Hoban *et al.* 2013). Para que haya una conservación efectiva a largo plazo se necesita conocer el estatus evolutivo de las poblaciones y garantizar que la conservación de los procesos que generan su variación sea una prioridad.

CONCLUSIONES

Se logró realizar una revisión de los parámetros y una propuesta que permite aprovechar su información de una manera simple, de bajo costo y comparable entre las herramientas del mundo, para poder integrar un índice del estado de conservación de la diversidad genética a nivel global en el mediano plazo. Su implementación requiere la vinculación entre diversos sectores de la academia, los gobiernos y donde los organismos para la negociación entre las partes firmantes del Convenio de Diversidad Biológica podrían coadyuvar para lograr la meta.

LITERATURA CITADA

(Se excluye la literatura citada dentro del artículo)

- Arita, H. (2016). *Crónicas de la extinción. La vida y la muerte de las especies animales*. Fondo de Cultura Económica. México. 269.
- Benítez Díaz, H., López Segurajáuregui, G., y Rivera Téllez, E. 2015. Informe de resultados del Taller de evaluación de productividad, susceptibilidad y manejo de tiburones mexicanos listados en el apéndice II de CITES.
- Bunnefeld, N., y Keane, A. (2014). Managing wildlife for ecological, socioeconomic, and evolutionary sustainability. *Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America* 111, 12964–12965. doi:10.1073/pnas.1413571111.
- CITES. 2002. Resolución Conf. 9.24. (Rev. CoP 17). Criterios biológicos para la inclusión de especies en el Apéndice I.
- Comisión de Supervivencia de Especies de la UICN. 2012. *Categorías y Criterios de la Lista Roja de UICN. Versión 3.1. Segunda edición*.
- Dirzo, R., Young, H. S., Galetti, M., Ceballos, G., Isaac, N. J. B., y Collen, B. (2014). Defaunation in the Anthropocene. *Science* 345, 401–406. doi:10.1126/science.1251817.
- Festa-Bianchet, M. (2013). Why Evolutionary Biology Is Important for Conservation. *En: Bekoff, M. Ignoring Nature No More*. University of Chicago Press. (9): 125–136.
- Hoban, S., Campbell, C., da Silva, J., Ekblom, R., Chris Funk, W., Garner, B., et al. (2020). An analysis of genetic diversity actions, indicators and targets in 114 National Reports to the Convention on Biological Diversity. doi:10.1101/2020.08.28.254672.
- Hoban, S. M., Hauffe, H. C., Pérez-Espona, S., Arntzen, J. W., Bertorelle, G., Bryja, J., et al. (2013). Bringing genetic diversity to the forefront of conservation policy and management. *Conservation Genetics Resources* 5, 593–598. doi:10.1007/s12686-013-9859-y.
- Holderegger, R., Balkenhol, N., Bolliger, J., Engler, J. O., Gugerli, F., Hochkirch, A., et al. (2019). Conservation genetics: Linking science with practice. *Mol. Ecol.* 28, 3848–3856. doi:10.1111/mec.15202.
- Laikre, L., Lundmark, C., Jansson, E., Wennerström, L., Edman, M., y Sandström, A. (2016). Lack of recognition of genetic biodiversity: International policy and its implementation in Baltic Sea marine protected areas. *Ambio* 45, 661–680. doi:10.1007/s13280-016-0776-7.

- Marine Stewardship Council. 2018. Marine Stewardship Council Fisheries Standard. V.2.01.
- Moritz, C. (2004). Conservation Units and Translocations: Strategies for Conserving Evolutionary Processes. *Hereditas* 130, 217–228. doi:10.1111/j.1601-5223.1999.00217.x.
- Rockström, J., Steffen, W., Noone, K., Persson, Å., Stuart III Chapin, F., Lambin, E., et al. (2009). Planetary Boundaries: Exploring the Safe Operating Space for Humanity. *Ecology and Society* 14. doi:10.5751/es-03180-140232.
- Sandström, A., Lundmark, C., Andersson, K., Johannesson, K., y Laikre, L. (2019). Understanding and bridging the conservation-genetics gap in marine conservation. *Conservation Biology* 33, 725–728. doi:10.1111/cobi.13272.
- SEMARNAT. 2010. Norma Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010, Protección ambiental- Especies nativas de México de flora y fauna silvestres- Categorías de riesgo y especificaciones para su inclusión, exclusión o cambio- Lista de especies en riesgo. Método de Evaluación del Riesgo de Extinción de las Especies Silvestres en México.
- Steffen, W., Richardson, K., Rockström, J., Cornell, S. E., Fetzer, I., Bennett, E. M., et al. (2015). Sustainability. Planetary boundaries: guiding human development on a changing planet. *Science* 347, 1259855. doi:10.1126/science.1259855.
- Vainikka, A., y Hyvärinen, P. (2012). Ecologically and evolutionarily sustainable fishing of the pikeperch *Sander lucioperca*: Lake Oulujärvi as an example. *Fisheries Research* 113, 8–20. doi:10.1016/j.fishres.2011.09.004.
- Wegier, A. (2013). Diversidad genética y conservación de *Gossypium hirsutum* silvestre y cultivado en México. Tesis de doctorado. Instituto de Ecología, UNAM. México.