





# Capítulo 1

---

## El estado de la diversidad



## 1.1 Introducción

El Capítulo 1 del Primer Informe sobre el *Estado Mundial de los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura* describe la naturaleza, el alcance y el origen de la diversidad genética entre y dentro de las especies de plantas, la interdependencia entre los países con respecto a su necesidad de acceso a los recursos de otros y el valor de esta diversidad, en especial para los pequeños agricultores. En este capítulo se actualiza la información provista en el Primer Informe y se presenta una serie de elementos nuevos. El objetivo es posicionar RFAA en un contexto más amplio, donde se observan patrones cambiantes de consumo y producción de alimentos. Además, se resumen los conocimientos obtenidos hasta el momento con respecto a los cambios en el estado de la diversidad en campos agrícolas, colecciones *ex situ*, y áreas naturales protegidas y no protegidas. Se ofrece una revisión actualizada del estado de la vulnerabilidad genética y de la interdependencia entre países y regiones en el ámbito de la conservación y el uso de los RFAA. Asimismo, se suministra información nueva sobre indicadores de diversidad genética y técnicas de evaluación. El capítulo finaliza con un resumen de los cambios más importantes que se han efectuado desde 1996, e incluye una lista de deficiencias y necesidades que se esperan para el futuro.

Desde la publicación del Primer Informe, ciertas tendencias se han hecho más visibles, y han surgido otras nuevas. La globalización ha tenido un impacto creciente, los precios de los alimentos y la energía han aumentado, los alimentos orgánicos han crecido en popularidad, además de considerarse atractivos desde el punto de vista económico, y la producción de cultivos modificados genéticamente (OMG) se ha difundido ampliamente, si bien no se ha logrado sin oposición. La inversión destinada a la investigación agrícola, tanto en países desarrollados como en países en desarrollo, continúa generando altas tasas de rentabilidad económica, sobre todo mediante el desarrollo y la implementación de nuevas variedades de cultivos. La seguridad alimentaria continúa siendo una preocupación a nivel mundial, y es posible que no se observen cambios en el futuro inmediato, dado que la población mundial sigue creciendo, los recursos son más escasos y hay cada vez más presión para

desarrollar tierras productivas para usos alternativos. En la actualidad, existe un consenso generalizado de que el cambio climático es inevitable. Es posible que todos estos factores hayan repercutido en el estado de la diversidad de los campos agrícolas.

El desarrollo de nuevas variedades y sistemas de cultivo que se adapten a las condiciones ambientales y socioeconómicas más recientes será fundamental para limitar la pérdida del rendimiento en algunas regiones y para aprovechar las nuevas oportunidades en otras (ver Sección 4.9.5).<sup>1,2,3</sup> En muchas regiones del mundo, el rendimiento de cultivos ha llegado a expresar su máximo potencial, o incluso a decaer, como resultado de la degradación ambiental, de la escasez de agua y energía y de la falta de inversión específica en investigación e infraestructura (ver Capítulo 8).<sup>4</sup> Para hacer frente a estos desafíos, será necesario utilizar una mayor diversidad genética, lo cual generará una demanda cada vez mayor de material novedoso proveniente de los bancos de genes de todo el mundo.

## 1.2 Diversidad dentro y entre las especies de plantas

Solo algunos de los informes de países contienen datos que permiten realizar una comparación directa y cuantitativa de los cambios observados en el estado de la diversidad dentro y entre los cultivos desde el año 1996. Además, en aquellos informes que disponen de comparaciones cuantitativas, estas se centran principalmente en la cantidad de variedades distribuidas o en los cambios observados en las superficies cultivadas. Ambos factores solo muestran en forma muy indirecta los cambios en la diversidad genética de los campos agrícolas. Sin embargo, parece claro que las iniciativas de manejo en la explotación han crecido en la última década, puesto que la base científica de este trabajo se ha logrado comprender mejor y se han desarrollado y ejecutado metodologías apropiadas. Los vínculos entre aquellos que están principalmente interesados en el manejo de los RFAA en su explotación y aquellos que participan en la conservación y uso *ex situ* también se han fortalecido, si bien en varios aspectos los dos sectores permanecen desconectados. El crecimiento constante de las colecciones *ex situ* y

## CAPÍTULO 1

la inclusión cada vez mayor de la diversidad genética amenazada dentro de ellas es una tendencia positiva, aunque el atraso en la regeneración y la duplicación excesiva continúan siendo áreas de preocupación. En los informes de países, no hay datos cuantitativos sobre el estado cambiante de las especies silvestres a fines a las cultivadas (ESAC), pero varios países informaron la adopción de una serie de medidas específicas para promover su conservación. Por último, hay evidencia de que la sensibilización pública con respecto a la importancia de la diversidad de cultivos, en especial de aquellas especies anteriormente marginadas o infrautilizadas, como las hortalizas y las frutas tradicionales, está aumentando tanto en los países en desarrollo como en los desarrollados.

### 1.2.1 Cambios en el estado del manejo de la diversidad en la finca

Actualmente, en gran parte del mundo desarrollado, la producción industrializada proporciona la mayoría de los alimentos. El fitomejoramiento moderno ha conducido al desarrollo de variedades de cultivos que cumplen con los requisitos de los sistemas de producción de insumos elevados y con las estrictas normas del mercado (aunque hay un número limitado de trabajo de fitomejoramiento orientado a la agricultura de bajos insumos y a la agricultura orgánica). La fuerte demanda de los consumidores por obtener alimentos económicos de calidad uniforme y predecible ha conducido a un enfoque centrado en métodos de producción rentables. Como resultado, en el transcurso de la última década, las empresas multinacionales de alimentos han conseguido tener más influencia, y gran parte de los alimentos consumidos en los países industrializados ahora se produce más allá de sus fronteras nacionales.<sup>5</sup> Esta modalidad de producción y consumo de alimentos también se está disseminando en varios países en desarrollo, en especial en América del Sur y partes de Asia,<sup>6</sup> dado que los ingresos son mayores en dichas regiones.

Sin embargo, y a pesar de esta tendencia, una parte sustancial de los alimentos consumidos en el mundo en desarrollo aún se produce con pocos insumos químicos, o directamente sin ellos, y se comercializa a ni-

vel local. Estos sistemas de explotación agrícola, por lo general, dependen en gran medida de la diversidad de cultivos y variedades y, en muchos casos, de un gran nivel de diversidad genética dentro de las variedades locales. Esto representa una estrategia tradicional y generalizada para aumentar la seguridad alimentaria y reducir los riesgos ocasionados por los caprichos del mercado, el clima, las plagas o las enfermedades. A causa del cambio constante de la agricultura de subsistencia a la agricultura comercial, gran parte de la diversidad que aún existe dentro de esos sistemas tradicionales continúa amenazada. Mantener la diversidad genética dentro de los sistemas de producción local también permite conservar el conocimiento local y viceversa. Con la desaparición de idiomas y estilos de vida tradicionales en todo el mundo, es probable que se esté perdiendo una gran cantidad de conocimiento sobre cultivos y variedades tradicionales. Esto además trae aparejada la pérdida de una parte importante del valor de los recursos genéticos propiamente dichos, lo cual justifica la necesidad de prestar más atención al manejo de los RFAA en la explotación. El concepto de reservas de agrobiodiversidad ha ganado terreno en este contexto. Se trata de áreas protegidas cuyo propósito es la conservación de la diversidad cultivada y de las prácticas agrícolas y los sistemas de conocimiento asociados.

En el transcurso de la última década, la promoción y el apoyo del manejo de recursos genéticos en la explotación, ya sea en campos agrícolas, huertos domésticos, huertas comerciales u otras áreas cultivadas de gran diversidad, se han establecido firmemente como un componente clave de las estrategias de conservación de cultivos, ya que se han documentado las metodologías y los enfoques siguiendo un método científico, y se ha realizado un control de sus efectos (ver Capítulo 2). Tomando como base la información suministrada en los informes de países, no es posible sacar conclusiones definitivas acerca de las tendencias globales de la diversidad en la explotación desde el año 1996. Parece claro que la diversidad en los campos agrícolas ha disminuido para algunos cultivos en determinadas áreas y países, y la amenaza es cada vez mayor; pero, por otra parte, otros intentos de medir rigurosamente los cambios en la diversidad genética de los cultivos, detallados

en la bibliografía existente, no han arrojado los datos de erosión esperados. Este tema se analizará en más detalle en la Sección 1.3.

El fitomejoramiento participativo se ha adoptado ampliamente como un enfoque para la gestión de la diversidad en la explotación, con el objetivo de desarrollar cultivares mejorados y conservar las características de adaptación y otros rasgos de importancia local. Proporciona un vínculo particularmente efectivo con la conservación y el uso *ex situ*. En la Sección 4.6.2 se ofrece más información sobre el estado del fitomejoramiento participativo.

### 1.2.2 Cambios en el estado de la diversidad en las colecciones *ex situ*

Como se informa en el Capítulo 3, la cantidad total de muestras conservadas *ex situ* en todo el mundo ha aumentado aproximadamente un 20 por ciento (1,4 millones) desde 1996, para alcanzar los 7,4 millones. Sin embargo, se estima que menos del 30 por ciento de este total son muestras distintas (1,9-2,2 millones). Durante el mismo período, la nueva recolección registró al menos 240 000 muestras y, quizás, una cantidad considerablemente superior (ver Capítulo 3). Las principales tendencias se pueden inferir al comparar el estado actual de la diversidad de un conjunto de colecciones *ex situ* bien documentadas con la información correspondiente a la fecha de elaboración del Primer Informe. A tal efecto, se han analizado datos de 12 colecciones en poder de los centros del Grupo Consultivo para la Investigación Agrícola Internacional (GCAI) y World Vegetable Centre (Centro de Investigación y Desarrollo sobre los Vegetales de Asia, AVRDC) y datos de 16 colecciones seleccionadas que se conservan en los sistemas nacionales de investigaciones agronómicas (SNIA) (ver Cuadros 1.1 y 1.2, respectivamente). Estas colecciones representan una parte sustancial del total de los recursos *ex situ* mundiales. Su objetivo no es proporcionar un panorama completo o regionalmente equilibrado de la situación mundial: son simplemente bancos de genes que disponen de datos de calidad suficiente para el año 1996 y la actualidad, y que permiten realizar un cálculo razonable de las tendencias.

En conjunto, estas colecciones *ex situ* han crecido en forma considerable en términos de tamaño. Entre

1995 y 2008, las colecciones internacionales combinadas que mantienen el CGIAI y el AVRDC aumentaron un 18 por ciento, y las colecciones nacionales un 27 por ciento. Sin embargo, se desconoce que parte de este incremento sea debido a material completamente nuevo y distinto, y que parte represente la adquisición de materiales ya presentes en otros bancos de genes.

Si bien la opinión preponderante en 1995 era que la cobertura de la diversidad de los principales cultivos básicos<sup>7</sup> dentro de las colecciones del GCAI era bastante completa,<sup>8</sup> desde entonces varias colecciones han crecido, ya que se han identificado y solucionado deficiencias en la cobertura geográfica de las colecciones y se han agregado muestras adicionales de ESAC. También se han realizado ajustes en los números, como consecuencia de una mejora en el proceso de gestión y documentación. Además, varios de los bancos de genes del CGIAI se han hecho cargo de colecciones de materiales con características genéticas especiales y de colecciones huérfanas provistas por otros.

Si bien el principal crecimiento en las colecciones del CGIAI se centra en especies que ya estaban presentes antes de 1995, se ha agregado una cantidad considerable de especies nuevas.

En el caso de las colecciones nacionales analizadas, se ha observado un aumento particularmente importante en la cantidad de especies y muestras de cultivos no básicos y de ESAC conservadas si bien estas, por lo general, todavía están insuficientemente representadas en las colecciones.<sup>9</sup> El aumento en la cobertura de especies ha sido drástico: un promedio del 60 por ciento desde 1995. Sin embargo, hay grandes diferencias entre los países: algunas colecciones todavía se están recopilando y han registrado grandes incrementos (p. ej. Brasil, Ecuador e India); otras se mantienen estables o se encuentran en una etapa de consolidación (p. ej. Alemania y Federación de Rusia). Incluso se espera una mayor variabilidad en el amplio espectro de bancos de genes de todas las regiones.

El nivel de conservación de las colecciones del CGIAI ha avanzado en la última década, en gran medida como consecuencia del apoyo financiero adicional otorgado por el Banco Mundial. Los atrasos en la regeneración han disminuido sustancialmente, y no se informa ninguna erosión genética significativa. No obstante, en el caso de los bancos de genes nacio-

## CAPÍTULO 1

**CUADRO 1.1**  
Comparación entre las colecciones en poder de los centros del AVRDC y el GCIAC en 1995 y 2008

Centro <sup>a</sup>	1995 (N.º)			2008 (N.º)			Cambio (%)		
	Géneros	Especies	Muestras	Géneros	Especies	Muestras	Géneros	Especies	Muestras
AVRDC	63	209	43 205	160	403	56 522	154	93	31
CIAT	161	906	58 667	129	872	64 446	-20	-4	10
CIMMYT	12	47	136 259	12	48	173 571	0	2	27
CIP	9	175	13 418	11	250	15 046	22	43	12
ICARDA	34	444	109 223	86	570	132 793	153	28	22
ICRAF	3	4	1 005	3	6	1 785	0	50	78
ICRISAT	16	164	113 143	16	180	118 882	0	10	5
IITA	72	155	36 947	72	158	27 596	0	2	-25
ILRI	358	1 359	13 470	388	6	18 763	0	28	39
INIBAP/Bioversity	2	21	1 050	2	1 746	1 207	0	10	15
IRRI	11	37	83 485	11	23	109 161	0	5	31
WARDA	1	5	17 440	1	39	21 527	0	20	23
<b>Total</b>	<b>494</b>	<b>2 813</b>	<b>627 312</b>	<b>612</b>	<b>3 446</b>	<b>741 319</b>	<b>24</b>	<b>23</b>	<b>18</b>

Fuentes: Bancos de genes individuales; sitio Web 2008 de la Red de información sobre los recursos genéticos para todo el sistema (SINGER); los datos de WIEWS correspondientes a 1996 y 1995 para IITA e ICRAF se tomaron del CD SINGER 1997. No se consideraron los géneros indeterminados.

<sup>a</sup> World Vegetable Centre (Centro de Investigación y Desarrollo sobre los Vegetales de Asia, AVRDC); Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT); Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT); Centro Internacional de la Papa (CIP); Centro Internacional de Investigación Agrícola en las Zonas Secas (ICARDA); Centro Internacional de Investigación en Agroforestería [ahora el Centro Mundial de Agrosilvicultura] (ICRAF); Instituto Internacional de Investigación de Cultivos para las Zonas Tropicales Semiáridas (ICRISAT); Instituto Internacional de Agricultura Tropical (IITA); Instituto Internacional de Investigaciones Agropecuarias (ILRI); Red Internacional para el Mejoramiento del Banano y el Plátano (INIBAP); Instituto Internacional de Investigación sobre el Arroz (IRRI); Asociación de África Occidental para el Fomento del Arroz [ahora el Centro Africano del Arroz] (WARDA).

**CUADRO 1.2**  
**Comparación entre las colecciones en poder de determinados bancos de genes nacionales en 1995 y 2008<sup>a</sup>**

País	Banco de genes	1995 (N)			2008 (N)			Cambio (%)		
		Géneros <sup>b</sup>	Especies	Muestras	Géneros	Especies	Muestras	Géneros	Especies	Muestras
Alemania	IPK Gatersleben <sup>c</sup>	633	2 513	147 436	801	3 049	148 128	27	21	0
Brasil	CENARGEN	136	312	40 514	212	670	107 246	56	115	165
Canadá	PGRG	237	1 028	100 522	257	1 166	106 280	8	13	6
China	ICGR-CAAS	-	-	358 963	-	-	391 919	-	-	9
Ecuador	INIAP/DENAREF	207	499	10 835	272	662	17 830	31	33	65
Estados Unidos de América	NPGS <sup>e</sup>	1 582	8 474	411 246	2 128	11 815	508 994	35	39	24
Etiopía	IBC	71	74	46 322	151	324	67 554	113	338	46
Federación de Rusia	VIR	262	1 840	328 727	256	2 025	322 238	-2	10	-2
Hungría	ABI	238	742	37 969	294	915	45 321	24	23	19
India	NBPGR	73	177	154 533	723	1 495	366 333	890	745	137
Japón	NIAS	-	-	202 581	341	1 409	243 463	-	-	20
Kenya	KARI-NGBK	140	291	35 017	855	2 350	48 777	511	708	39
Países Bajos	CGN	30	147	17 349	36	311	24 076	20	112	39
Países nórdicos	NGB <sup>d</sup>	88	188	24 241	129	319	28 007	47	70	16
República Checa	RICP	34	96	14 495	30	175	15 421	-12	82	6
Turquia	AARI	317	1 941	32 122	545	2 692	54 523	72	39	70
<b>Promedio</b>		<b>289</b>	<b>1 309</b>	<b>140 205</b>	<b>502</b>	<b>2 098</b>	<b>178 294</b>	<b>74</b>	<b>60</b>	<b>27</b>



## CAPÍTULO 1

### CUADRO 1.2 (CONTINUACIÓN) Comparación entre las colecciones en poder de determinados bancos de genes nacionales en 1995 y 2008<sup>a</sup>

- <sup>a</sup> Bancos de genes seleccionados según el tamaño de las colecciones y la disponibilidad de los datos. Las cifras representan la cantidad de muestras. Las fuentes de datos son las siguientes: Encargado del banco de genes de Brasil; encargado del banco de genes de Canadá; informes de países: Alemania WIEWS 1996, EURISCO 2008, informes de países 1995 y 2007; China, 1995 y 2008; Ecuador, conjunto de datos del banco de genes, WIEWS 1996 y NISM (2008); Estados Unidos de América, Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA), conjunto de datos de la Red de Información de Recursos de Germoplasma (GRIN); Etiopía, WIEWS 1996 y NISM (2007); Federación de Rusia, encargado del banco de genes; Hungría, encargado del banco de genes; India, encargado del banco de genes; Kenia, WIEWS 1996 y NISM (2008); Países Bajos, encargado del banco de genes; Países Nórdicos, conjunto de datos del banco de genes; República Checa, WIEWS 1996 y EURISCO 2008; Turquía, encargado del banco de genes.
- <sup>b</sup> Los sistemas taxonómicos varían según el banco de genes y pueden haber cambiado con el transcurso del tiempo. Se incluyen híbridos y especies no identificadas.
- <sup>c</sup> Los datos de 1995 hacen referencia a las colecciones de germoplasma del IPK y de sus dos sucursales externas ubicadas en Gross-lusewitz y Malchow, y a las colecciones del PGRI en Braunschweig, dado que después de su cierre, la gran mayoría de las colecciones se transfirieron al IPK en el año 2004.
- <sup>d</sup> No incluye muestras conservadas en bancos de genes en campo, pero sí incluye material genético y colecciones de semillas especiales. Datos adicionales tomados del informe de país de Suecia, 1995.
- <sup>e</sup> El Sistema Nacional de Germoplasma Vegetal (NPGS) incluye los siguientes centros de depósito: C. M. Rick Tomato Genetic Resources Centre (GS1Y), Davis, California; Clover Collection, Departamento de Agronomía, Universidad de Kentucky (CLO), Lexington, Kentucky; Crop Germplasm Research Unit (COT), College Station, Texas; Dale Bumpers National Rice Research Centre (DB NRR), Stuttgart, Arkansas; Desert Legume Programme (DLEG), Tucson, Arizona; Fruit laboratory, ARS Plant Germplasm Quarantine Office (PGQO), Beltsville, Maryland; G.A. Marx Pea Genetic Stock Centre, Western Regional Plant Introduction Station (GSP1), Pullman, Washington; Maize Genetics Cooperation, Stock Centre (MGCS), Urbana, Illinois; National Arctic Plant Genetic Resources Unit, Alaska Plant Materials Centre (PALM), Palmer, Alaska; National Arid Land Plant Genetic Resources Unit (PAR), Parlier, California; National Centre for Genetic Resources Preservation (NCGRP), Fort Collins, Colorado; National Clonal Germplasm Repository (COR), Corvallis, Oregon; National Clonal Germplasm Repository for Citrus and Dates (NCGRCD), Riverside, California; National Germplasm Repository (DAV), Davis, California; National Germplasm Repository (HILO), Hilo, Hawaii; National Germplasm Resources Laboratory (NGRL), Beltsville, Maryland; National Small Grains Germplasm Research Facility (NSGC), Aberdeen, Idaho; National Tree Seed Laboratory, Dry Branch, Georgia; North Central Regional Plant Introduction Station (NC7), Ames, Iowa; Northeast Regional Plant Introduction Station, Plant Genetic Resources Unit (NE9), Geneva, Nueva York; Ornamental Plant Germplasm Centre (OPGC), Columbus, Ohio; Oxford Tobacco Research Station (TOB), Oxford, Carolina del Norte; Pecan Breeding and Genetics, National Germplasm Repository (BRW), Somerville, Texas; Plant Genetic Resources Conservation Unit, Southern Regional Plant Introduction Station (S9), Griffin, Georgia; Plant Genetic Resources Unit, New York State Agricultural Experiment Station (GEN), Geneva, Nueva York; Potato Germplasm Introduction Station (NR6), Sturgeon Bay, Wisconsin.

nales, ocurre una situación más compleja. Una serie de estudios recientes respaldados por el GCDT que abarcan 20 cultivos principales,<sup>10</sup> informa que existen importantes atrasos en la regeneración de una cantidad significativa de colecciones nacionales. Otras preocupaciones incluyen lo siguiente:

- Las especies marginadas e infrautilizadas, por lo general, siguen estando insuficientemente representadas en las colecciones.
- La situación puede agravarse si el foco de atención cambia aún más hacia los cultivos incluidos dentro del sistema multilateral de acceso y distribución de beneficios, en virtud del TIRFAA.
- La cantidad de individuos (semillas, tejidos, tubérculos, plantas, etc.) conservados por muestra es, a menudo, inferior a los valores óptimos para mantener una población heterogénea.
- Las ESAC son, por lo general, costosas de mantener y siguen estando representadas de modo insuficiente en las colecciones *ex situ*, una situación que posiblemente no cambie, a menos que se provean muchos más recursos para tal fin.

Aunque aparentemente hoy en día se conserva más diversidad *ex situ* que hace una década, es necesario obrar con cautela, como se señaló anteriormente. Algunos aumentos, sino la mayoría, proceden del intercambio de muestras existentes entre colecciones, lo cual conduce a un incremento generalizado en la cantidad de duplicaciones.<sup>11</sup> Esto podría, por lo menos en parte, reflejar una tendencia de “repatriación” de colecciones cada vez más acentuada. Además, al menos una parte del cambio puede atribuirse a una mejor gestión de las colecciones y a un conocimiento más acabado de las cifras relativas a este tema. Sin embargo, también debería tenerse en cuenta que la cantidad de muestras no es necesariamente un sinónimo de diversidad. En algunos casos una colección pequeña puede presentar más diversidad que una de mayor tamaño.

Varias redes y bancos de genes han informado la adopción de medidas para racionalizar colecciones. Un ejemplo es la iniciativa del Programa Cooperativo Europeo sobre Recursos Genéticos de las Plantas (ECPGR) para racionalizar las colecciones europeas de recursos fitogenéticos, que se encuentran dispersas en más de 500 mantenedores y 45 países. La identi-

ficación de los duplicados no deseables es un componente importante de la iniciativa, denominada AEGIS (Sistema Europeo Integrado de Bancos de Genes para los RFAA). Las llamadas “muestras más apropiadas” se identifican entre las muestras duplicadas; para ello, se utilizan criterios tales como la unicidad genética, la importancia económica y la facilidad de acceso, el estado de conservación y de documentación. La adopción de normas de datos comunes facilita enormemente la comparación de datos y, por consiguiente, la identificación de duplicados y muestras únicas<sup>12</sup>.

### 1.2.3 Cambios en el estado de las especies silvestres afines a las cultivadas

El manejo *in situ* de las ESAC se analiza en el Capítulo 2, y las cifras relativas a la conservación *ex situ* de las ESAC se suministran en el Capítulo 3. Si bien los métodos de conservación *ex situ* y manejo en finca son los más apropiados para conservar el germoplasma de cultivos domesticados, ESAC y especies silvestres, la conservación *in situ* es, por lo general, la estrategia elegida, respaldada por el método *ex situ*, que puede facilitar su utilización de modo considerable. A pesar de la apreciación cada vez mayor de la importancia de las ESAC, tal como lo demuestran los numerosos informes de países, la diversidad dentro de varias especies y, en algunos casos, la misma continuidad de su existencia, permanecen amenazadas como consecuencia de los cambios en las prácticas de uso de las tierras, el cambio climático y la pérdida o degradación de los hábitats naturales.

En la última década, se han identificado en todo el mundo varios sitios nuevos y prioritarios para la conservación de las ESAC *in situ*. Para tal fin, se ha seguido, en líneas generales, algún tipo de estudio ecogeográfico.<sup>13</sup> En algunos casos, se han propuesto nuevas áreas protegidas a fin de conservar determinados géneros o incluso especies. La diversidad de las ESAC en algunas de las áreas protegidas existentes ha disminuido durante este período, mientras que otras áreas todavía albergan un gran nivel de diversidad.

En todas las regiones, la distribución de reservas que incluyen poblaciones de ESAC dentro de sus límites sigue siendo desigual, y varias de las principales

## CAPÍTULO 1

regiones, como el África Subsahariana, aún siguen insuficientemente representadas. Sin embargo, la conservación *in situ* de las ESAC ha captado la atención de muchos países, por ejemplo, de aquellos que están participando en un proyecto coordinado por Bioersity International, denominado “Conservación *in situ* de las ESAC mediante una mejor ordenación de la información y aplicación de campo” (ver Recuadro 2.1). Las actividades preparatorias, como la investigación y la selección del lugar, se mencionaron en numerosos informes de países. Sin embargo, aún es necesario lograr un reconocimiento formal y/o la adopción de regímenes de gestión apropiados. La CRGAA recientemente encargó un informe sobre el “Establecimiento de una red mundial para la conservación *in situ* de las ESAC: estado y necesidades”.<sup>14</sup> Este informe identifica las prioridades de conservación mundial y sugiere ubicaciones geográficas para las reservas de ESAC de 12 cultivos seleccionados (ver Figura 1.1 y Cuadro 2.1). Estas ubicaciones, junto con otros sitios prioritarios que se identificarán en el futuro tras el estudio de las reservas genéticas de los cultivos, formarán una red mundial de conservación *in situ* de ESAC.

La amenaza que representa el cambio climático para las ESAC se ha mencionado en un estudio reciente<sup>15</sup> que se centró en tres importantes géneros: *Arachis*, *Solanum* y *Vigna*. El estudio pronostica que entre el 16 y el 22 por ciento de las especies presentes en esos géneros se extinguirá antes del año 2055 y llama a la acción inmediata con el propósito de preservar las ESAC *ex situ* e *in situ*. Las muestras de seguridad conservadas *ex situ* adquirirán más importancia, en especial cuando el cambio ambiental sea demasiado rápido como para permitir un proceso efectivo de cambio y adaptación evolutiva, o bien de migración (incluso en el caso de migración asistida). Las muestras almacenadas *ex situ* también tienen la ventaja de ser más accesibles. Sin embargo, existen deficiencias significativas en la cobertura taxonómica y geográfica de las colecciones *ex situ* de las ESAC. Un estudio reciente llevado a cabo por el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) y Bioersity International ha destacado estas mismas deficiencias en una serie de reservas genéticas.

La Figura 1.2 ofrece un resumen de los resultados correspondientes a los 12 cultivos en cuestión.<sup>16</sup>

Además, destaca las áreas del mundo donde se estima que existirán especies de ESAC para dichos cultivos, en función de los especímenes de herbarios, pero que no cuentan con colecciones *ex situ*.

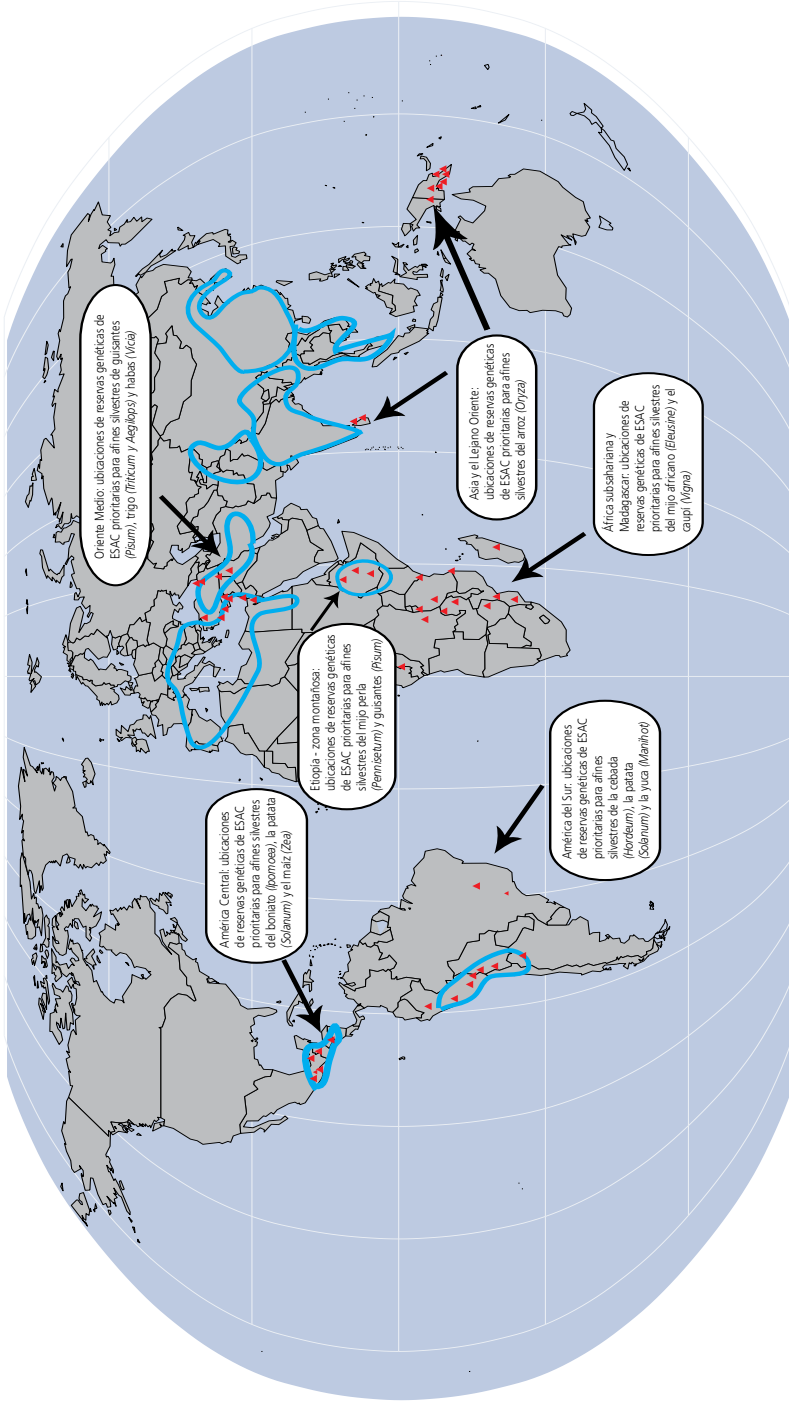
Los avances conseguidos en las técnicas de investigación y su mayor disponibilidad durante la última década han aportado nuevos e importantes conocimientos sobre la magnitud y la distribución de la diversidad genética, tanto en el tiempo como en el espacio, como se expone en las siguientes secciones.

### 1.2.3.1 Tecnologías moleculares

Desde que se publicó el Primer Informe, se ha observado una proliferación de nuevas técnicas moleculares, muchas de las cuales son más simples de usar y menos costosas que las técnicas anteriores. Esto ha llevado a la generación de un gran volumen de datos que crece rápidamente, respecto a la diversidad genética. Gran parte de esta información se encuentra a disposición del público. El enorme aumento en la capacidad para detallar secuencia del ácido desoxirribonucleico (ADN), por ejemplo, ha permitido secuenciar el genoma del arroz, además de posibilitar las comparaciones entre los genomas del arroz *japonica* e *indica*, y entre los genomas del arroz y el trigo.<sup>17</sup> La aplicación de técnicas moleculares está aumentando rápidamente tanto en la mejora de los cultivos (ver Sección 4.4) como en la conservación de los recursos fitogenéticos. Sin embargo, en líneas generales, el proceso ha sido más lento de lo que se preveía hace una década, y pocos informes, en especial aquellos procedentes de los países menos desarrollados, mencionan estas técnicas. En el Recuadro 1.1 se detallan algunos ejemplos seleccionados para ilustrar ciertos usos actuales de estas nuevas técnicas.

Si bien muchas de las técnicas moleculares, desde la identificación de alelos y la selección asistida por marcadores moleculares hasta la transformación genética, se han desarrollado específicamente para optimizar el mejoramiento de los cultivos; muchas de ellas, además, tienen un valor incalculable para la conservación. Estas incluyen, por ejemplo: técnicas para estimar la distribución espacial y temporal de la diversidad genética y las relaciones entre poblaciones y dentro de las poblaciones,<sup>18</sup> para obtener conoci-

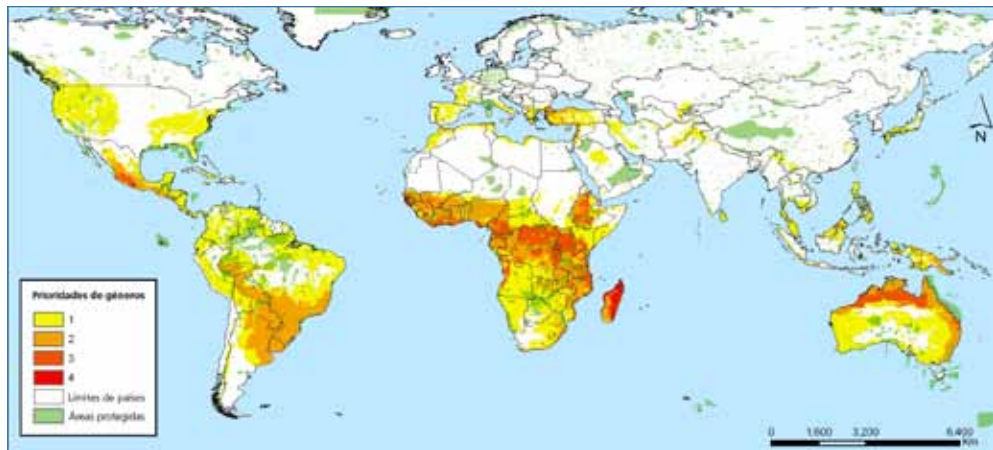
**FIGURA 1.1**  
**Ubicaciones de reservas genéticas prioritarias en todo el mundo para afines silvestres de 12 cultivos alimentarios**



Fuente: Maxted, N., y Kell, S., P. 2009. Los ocho centros de Vavilov de origen/diversidad de plantas cultivadas, probablemente contengan otros sitios prioritarios para otras reservas genéticas de cultivos.

## CAPÍTULO 1

**FIGURA 1.2**  
**Deficiencias en colecciones *ex situ* de determinadas reservas genéticas de cultivos<sup>a</sup>**



<sup>a</sup> Las zonas coloreadas son aquellas que presentan la mayor cantidad de deficiencias en las reservas genéticas de ESAC. Cuanto más oscuro sea el color (naranja y rojo), mayor será la cantidad de deficiencias existentes.

Fuente: Ramirez, J. et al. 2009. Gap Analysis for crop wild relatives, Centro internacional de agricultura tropical (CIAT), disponible en <http://gisweb.ciat.cgiar.org/gapanalysis/>.

### Recuadro 1.1

#### Ejemplos del uso de herramientas moleculares en la conservación y caracterización, según lo informado en determinados informes de países

##### ÁFRICA

- **Benin** Se ha iniciado la caracterización molecular del germoplasma del ñame.
- **Burkina Faso** Caracterización molecular del mijo, sorgo, colocasia, frijol, *Abelmoschus esculentus*, *Macrotyloma geocarpum*, *Pennisetum glaucum*, *Solenostemon rotundifolius*, *Sorghum bicolor*, *Colocasia esculenta*, *Vigna unguiculata* y *Ximenia americana*.
- **Etiopía** Técnicas moleculares utilizadas en estudios de caracterización y diversidad genética para varias especies de cultivo extensivo.
- **Kenia** Aplicación de polimorfismo de la longitud de los fragmentos de restricción (RFLP), huellas de ADN y técnicas de reacción en cadena de la polimerasa (RCP).
- **Malawi** Se ha iniciado la caracterización molecular de las muestras de sorgo.
- **Namibia** Estudios de diversidad genética en sorgo y *Citrullus*.
- **Níger** Se ha iniciado la caracterización molecular del mijo.
- **República Unida de Tanzania** Se han utilizado marcadores moleculares para el 50 por ciento de la colección de cocos, el 46 por ciento de la colección de algodón, *Gossypium* spp., y el 30 por ciento de la colección de anacardo *Anacardium occidentale*.
- **Zimbabwe** La caracterización molecular se ha realizado en variedades nativas recolectadas en las zonas de Nyanga y Tsholotsho, y en las muestras conservadas en el Instituto de Recursos Genéticos y Biotecnología.

### Recuadro 1.1 (continuación): Ejemplos del uso de herramientas moleculares en la conservación y caracterización, según lo informado en determinados informes de países

AMÉRICA	
• <b>Bolivia (Estado Plurinacional de)</b>	La caracterización molecular se ha aplicado en una cantidad limitada de colecciones, principalmente en cultivos de raíces y tubérculos.
• <b>Brasil</b>	Estudios del Sistema de Información Geográfica (SIG) sobre la distribución de las variedades silvestres afines al cacahuate.
• <b>Costa Rica</b>	La caracterización molecular se ha llevado a cabo para los clones de chayote, germoplasma de banana y cacao, y en el establecimiento del primer banco de semillas de café crioconservadas del mundo.
• <b>Ecuador</b>	Se ha realizado la caracterización y evaluación molecular para varias especies de cultivos.
• <b>Jamaica</b>	La selección asistida por marcadores moleculares (MAS) se adoptó en el proceso de mejoramiento de los pimientos (var. Scotch bonnet); se está utilizando un laboratorio de biología molecular de última generación para el mejoramiento de las variedades de cocos.
• <b>México</b>	Se ha realizado una secuenciación y un análisis de transcripción con las muestras de Agave tequilana en el Campus Campeche del Colegio de Posgraduados.
• <b>Perú</b>	La caracterización molecular se ha realizado con muestras de yuca, yacón, maní, ají (chile) y 75 variedades de la papa autóctona.
• <b>Venezuela (República Bolivariana de)</b>	Se ha realizado la caracterización molecular de las muestras del banco de genes de caña de azúcar, cacao, patata y algodón, entre otros taxones.
ASIA Y EL PACÍFICO	
• <b>Bangladesh</b>	Se ha llevado a cabo la caracterización molecular de lentejas y cebada, mediante la colaboración entre el Instituto de Investigaciones Agrícolas de Bangladesh y el Centro Internacional de Investigación Agrícola en las Zonas Áridas (ICARDA).
• <b>China</b>	Sobre la base de la tecnología moderna de marcadores moleculares, se han ensamblado colecciones y minicolecciones de referencia para varios cultivos, y se han utilizado para asociar marcadores moleculares con determinados genes.
• <b>Fiji</b>	Con la colaboración de instituciones regionales e internacionales, se han utilizado enfoques moleculares en la caracterización del germoplasma.
• <b>India</b>	Se han implementado marcadores moleculares de resistencia ante enfermedades y plagas de insectos para el mejoramiento del trigo y el triticale.
• <b>Indonesia</b>	Se utilizó el análisis molecular de diversidad genética para confirmar a Papua como un centro secundario de diversidad del boniato. Los marcadores moleculares se han utilizado durante varios años para la caracterización de muestras de diversos cultivos alimentarios (arroz, soja y boniato) y para los programas de mejoramiento de cultivos.
• <b>Japón</b>	Los marcadores moleculares se han integrado a la actividad de caracterización del banco de genes nacional, y la MAS forma parte de la rutina de mejoramiento de los cultivos, como el arroz, el trigo y la soja.
• <b>Lao (República Democrática Popular)</b>	Se han incorporado marcadores moleculares para los <i>loci</i> de rasgos cuantitativos (LRC) en los programas de mejoramiento del arroz.
• <b>Tailandia</b>	Diversidad genética de <i>Curcuma</i> , especies de manglares ( <i>Rhizophora mucronata</i> ) y <i>Tectona grandis</i> . El país, además, ha utilizado una combinación de datos agroclimáticos y datos de marcadores moleculares en los estudios del SIG para predecir la ubicación de diversas poblaciones, con el propósito de identificar zonas aptas para la conservación <i>in situ</i> y para futuras misiones de recolección.

## CAPÍTULO 1

### Recuadro 1.1 (continuación): Ejemplos del uso de herramientas moleculares en la conservación y caracterización, según lo informado en determinados informes de países

<b>EUROPA</b>	
• <b>Bélgica</b>	En el Centro de Fruticultura, la mayoría de las 1 600 muestras de manzanas se han descrito mediante la utilización de marcadores moleculares.
• <b>Estonia</b>	Se utilizaron marcadores moleculares para confeccionar un mapa con algunas muestras de trigo.
• <b>Finlandia</b>	Se ha utilizado el análisis de marcadores moleculares en las estimaciones de diversidad genética en las ESAC.
• <b>Grecia</b>	Se ha iniciado la caracterización y evaluación moleculares de cultivos de hortalizas y cereales.
• <b>Irlanda</b>	Se llevó a cabo un análisis de la diversidad de las muestras recolectadas de avena ( <i>Avena fatua</i> ), colza silvestre ( <i>Brassica rapa subsp. campestris</i> ) y poblaciones irlandesas de espárragos silvestres ( <i>Asparagus officinalis subsp. prostratus</i> ).
• <b>Italia</b>	El análisis molecular ha desempeñado una función clave en la evaluación de la variación genética expresada en clones de la misma variedad de algunas especies de frutas.
• <b>Portugal</b>	Se ha llevado a cabo, parcialmente, la caracterización de muestras de ciruelas, albaricoques, cerezas y almendras en las colecciones portuguesas.
• <b>Países Bajos</b>	Se han analizado colecciones de lechuga (2 700 muestras), (parcialmente) <i>Brassica</i> (300 m.) y patata (300 m.), y una selección de ocho colecciones de manzanas holandesas (800 m.) procedentes del Centro de Recursos Genéticos, con el propósito de mejorar los conocimientos que se poseen sobre la estructura de las colecciones, mientras que parte de la colección de patatas (800 muestras) se ha analizado por medios moleculares para detectar la presencia de ciertos genes potenciales de resistencia.
<b>CERCANO ORIENTE</b>	
• <b>Chipre</b>	Se han comenzado a utilizar herramientas moleculares para la evaluación de material genético, y la evaluación molecular de las muestras de tomate está en proceso.
• <b>Egipto</b>	Datos genéticos moleculares empleados en la evaluación de recursos filogenéticos de las muestras disponibles en el banco de genes nacional.
• <b>Irán (República Islámica del)</b>	Los marcadores moleculares se han integrado a los programas de caracterización del banco de genes nacional, y se están utilizando la selección asistida por marcadores moleculares (MAS) y tecnologías de transformación genética para el mejoramiento de nuevos cultivares.
• <b>Jordania</b>	Existen laboratorios de biología molecular en el centro de investigación nacional y en varias universidades; además, se están utilizando el SIG y la teledetección en tres instituciones.
• <b>Kazajstán</b>	Se realizó la evaluación de diversidad genética y el estudio genealógico del trigo y la cebada mediante la utilización de marcadores moleculares.
• <b>Líbano</b>	Se ha llevado a cabo la caracterización genética molecular de las variedades de aceitunas y almendras.
• <b>Marruecos</b>	Se han utilizado marcadores moleculares y el SIG en la evaluación del germoplasma de cereales para definir las regiones donde se realizarán recolecciones.
• <b>Omán</b>	Marcadores moleculares utilizados para caracterizar muestras de alfalfa (ADN polimórfico amplificado al azar [RAPD]) y evaluar la progenie en las poblaciones fructíferas de palmas datileras.
• <b>Yemen</b>	El centro de recursos genéticos nacional tiene la capacidad de realizar caracterizaciones moleculares de germoplasma.

mientos acerca de la domesticación y evolución de cultivos,<sup>19</sup> para controlar el flujo de genes entre las poblaciones domesticadas y silvestres,<sup>20</sup> y para aumentar la eficiencia y la eficacia de las operaciones del banco de genes<sup>21</sup> (p. ej. decidir que material incluir dentro de una colección,<sup>22</sup> identificar duplicados,<sup>23</sup> aumentar la eficiencia de la regeneración<sup>24</sup> y establecer colecciones de referencia). En consecuencia, se sabe mucho más acerca de la historia y estructura de la diversidad genética en las reservas genéticas de cultivos clave.

### 1.2.3.2 Sistemas de información geográfica

Existen métodos geográficos nuevos que también están demostrando ser un aporte muy valioso para la ordenación de los recursos fitogenéticos. Los Sistemas de Posicionamiento Global (GPS) son altamente eficaces para señalar la ubicación exacta donde se recolectó una planta determinada en el campo. Este tipo de dato tiene un valor inestimable, en especial si se combina con otros datos geográficos, p. ej. topografía, clima o suelos, y se analiza con sistemas de información geográfica (SIG). Esta información puede facilitar enormemente las decisiones sobre que recolectar y en que lugar, y ayuda a explicar las relaciones entre la producción de cultivos, la diversidad genética y los diversos parámetros agroecológicos. Tales técnicas, además, pueden usarse para elaborar modelos agroecológicos capaces de predecir, por ejemplo, el impacto del cambio climático en diferentes cultivos y ubicaciones. Estos métodos han demostrado, por medio de la Estrategia de Identificación Focalizada de Germoplasma (FIGS), que repercuten de modo significativo en la efectividad y eficacia del proceso de prospección de germoplasma para lograr determinadas características de adaptación orientadas al mejoramiento de los cultivos.<sup>25</sup>

Ningún informe de país indica el grado de disponibilidad y uso de las herramientas de información geográfica dentro del país en cuestión, y la mayoría de los informes que mencionan estudios realizados con SIG no describen los resultados del trabajo. Dichos estudios, más bien, parecen haberse considerado como parte de otros trabajos más amplios, como estudios de la distribución de cultivos, estu-

dios ecogeográficos y publicaciones similares. Por lo general, su pertinencia en el manejo de los RFAA no recibe el reconocimiento que quizá debería.

### 1.2.3.3 Tecnologías de la información y la comunicación

La capacidad de medir y controlar el estado de la diversidad se ha visto beneficiada con los enormes avances en materia de tecnologías de la información y la comunicación durante la última década. Estos avances se ven reflejados en ordenadores informáticos más rápidos y económicos con mayor capacidad de memoria y almacenamiento, que se integran en una amplia gama de instrumentos y dispositivos equipados con programas más avanzado y mejores interfaces para el usuario. La velocidad y eficacia de la comunicación y del proceso de adquisición, manejo y uso compartido de datos han mejorado drásticamente desde 1996, como resultado de la incorporación de ordenadores a los dispositivos de captura de datos, las mejoras en los programas de gestión de datos y en las bases de datos, y la ampliación de las redes de ordenadores locales y del uso de Internet. Estas mejoras, además, han permitido lograr rápidos avances en la capacidad de procesar y analizar en forma avanzada grandes y complejos conjuntos de datos, por ejemplo, con el surgimiento y la aplicación de la bioinformática para datos moleculares.

## 1.3 Vulnerabilidad y erosión genéticas

Tal como se define en el Primer Informe, la vulnerabilidad genética es la "situación que se produce cuando un cultivo ampliamente difundido es susceptible de manera uniforme a un peligro creado por una plaga, un patógeno o el medio ambiente como consecuencia de su constitución genética, abriendo así la posibilidad de pérdidas generalizadas del cultivo". La erosión genética, por otra parte, se definió como "la pérdida de genes individuales y de combinaciones específicas de genes (es decir, complejos de genes), tales como los que se mantienen en las razas autóctonas adaptadas localmente. El término 'erosión genética', en ocasiones, se utiliza en un sentido estricto, es decir, para hacer referencia



## CAPÍTULO 1

a la pérdida de genes o alelos. También se usa en un sentido más amplio, para referirse a la pérdida de variedades". De este modo, mientras que la erosión genética no implica necesariamente la extinción de una especie ni de una subpoblación, sí representa una pérdida de variabilidad y, por lo tanto, una pérdida de flexibilidad.<sup>26</sup> Estas definiciones tienen en cuenta ambos aspectos de la diversidad: riqueza y uniformidad. La primera tiene relación con la cantidad total de alelos presentes y la segunda con la frecuencia relativa de los diferentes alelos. Si bien se han suscitado numerosos debates sobre estos conceptos desde la publicación del Primer Informe, las definiciones no han cambiado.

### 1.3.1 Tendencias en la vulnerabilidad y erosión genéticas

Si bien pocos informes de países ofrecen ejemplos concretos, cerca de 60 informan que la vulnerabilidad genética es significativa y muchos mencionan la necesidad de que se implemente una diversidad genética a mayor escala, con el propósito de contrarrestar la potencial amenaza a la que se expone la producción agrícola. En Benin, por ejemplo, la preocupación radicaba principalmente en que el sistema agrícola actual está dominado por los monocultivos, en particular de ñame y los cultivos comerciales. China informó casos donde las variedades de arroz y maíz se han hecho más uniformes y, por consiguiente, más vulnerables desde el punto de vista genético. Ecuador informa que las plantas endémicas son particularmente vulnerables debido a su distribución restringida. En las Islas Galápagos, al menos 144 especies de plantas vasculares autóctonas se consideran poco comunes; 69 de ellas son endémicas en el archipiélago, incluidas 38 especies que están restringidas a una sola isla. En Líbano, la caída de la producción nacional de almendras se ha atribuido a la vulnerabilidad genética de las pocas variedades cultivadas. El ejemplo más revelador a nivel mundial del impacto de la vulnerabilidad genética que se ha observado desde la publicación del Primer Informe es el brote y la propagación incesante de la cepa Ug99 de la roya del tallo, una enfermedad a la que está expuesta la gran mayoría de las variedades de trigo existentes. Por otra parte, algunos países informaron medidas satisfactorias que se han implementado para contrarrestar la vulnerabilidad genética. Cuba, por ejemplo, informó que la introducción de una

**CUADRO 1.3**  
**Grupos de cultivos y cantidad de países que proporcionan ejemplos de erosión genética en un grupo de cultivos**

Grupo de cultivos	Cantidad de países que informaron erosión genética
Cereales y gramíneas	30
Especies forestales	7
Frutas y frutos secos	17
Leguminosas limenticias	17
Plantas medicinales y aromáticas	7
Raíces y tubérculos	10
Estimulantes y especias	5
Hortalizas	18
Varias	6

amplia gama de variedades y el uso incrementado de sistemas de producción diversificada han reducido la vulnerabilidad genética. Tailandia promueve el uso de mayor diversidad en los programas de fitomejoramiento y en las variedades distribuidas.

En el caso de la erosión genética, si bien los informes de países mencionan una notable cantidad de causas, en general, se trata de las mismas que se identificaron en 1996. Las principales causas incluían: reemplazo de variedades locales, aclareo de tierras, sobreexplotación, presiones demográficas, degradación ambiental, cambios en los sistemas agrícolas, pastoreo excesivo, legislación y políticas inapropiadas, plagas, enfermedades y malas hierbas. Un análisis de los informes, en apariencia, indicaría que la erosión genética podría ser mayor en el caso de los cereales, seguidos de las hortalizas, las frutas, los frutos secos y las leguminosas (ver Cuadro 1.3). No obstante, esto podría ser debido a la mayor atención que generalmente se presta a los cultivos extensivos.

Los siguientes ejemplos de erosión genética citados en cinco de los informes de países ofrecen un panorama de la diversidad de situaciones y pueden ser útiles para ilustrar la situación general. No obstante, cabe señalar que la lista no pretende ser exhaustiva y, dado que la información disponible en los informes no estaba estandarizada

zada, no es posible realizar comparaciones entre países o cultivos, ni usar la información como referencia para un seguimiento futuro. Madagascar informó que la variedad de arroz Rojomena, valorada por su sabor, ahora se considera poco común, mientras que las variedades Botojingo y Java de la zona costera del nordeste han desaparecido. La variedad de yuca Pelamainty de Taolagnaro y ciertas variedades de frijoles han desaparecido de la mayoría de las zonas de producción; además, en el caso del café, 100 clones de un total de 256 y cinco especies (*Coffea campaniensis*, *C. arnoldiana*, *C. rostandii*, *C. tricalysioides* y *C. humbertii*) han desaparecido de las colecciones en los últimos 20 años. También se considera que es probable que las especies de ñame silvestre desaparezcan pronto. Costa Rica informa que el género *Phaseolus*, incluido *P. vulgaris*, se ve amenazado por una grave erosión genética; lo mismo sucede con el cultivo autóctono *Sechium tacaco* y con cuatro especies relacionadas: *S. pittieri*, *S. talamancense*, *S. venosum* y *S. vellosum*. En la India, una gran cantidad de variedades de arroz de Orissa, algunas variedades de arroz con propiedades medicinales de Kerala y ciertas especies de mijo de Tamil Nadu ya no se cultivan en sus hábitats naturales.<sup>27</sup> Yemen informa que las variedades de mijo africano (*Eleusine coracana*) y *Eragrostis tef*, además de la colza oleaginosa (*Brassica napus*), que en el pasado estaban entre las variedades de cultivos tradicionales más importantes del país, ya no se cultivan o solo crecen en zonas muy específicas, y que el cultivo de trigo, incluido *Triticum dicoccum*, ha disminuido drásticamente. En Albania, todos los cultivares de trigo y numerosos cultivares de maíz parecen haberse perdido.

Pese a lo que dicen los informes sobre la pérdida de variedades locales, razas nativas y ESAC, la situación en torno a la verdadera magnitud de la erosión genética es claramente muy compleja. Si bien algunos estudios recientes han confirmado que la diversidad en los campos agrícolas y en las zonas protegidas ha en efecto disminuido, no es posible generalizar y, en algunos casos, no existe evidencia alguna de que esta afirmación sea real. Por ejemplo, un importante proyecto de conservación en finca que analizaba la diversidad genética de los campos agrícolas en nueve países en desarrollo demostró, en líneas generales, que la diversidad genética de los cultivos se seguía manteniendo.<sup>28</sup> Otros estudios, por el contrario, han informado sobre derivas genéticas en las variedades

agrícolas, por ejemplo, en el mijo perla del Níger<sup>29</sup> y en el sorgo de Camerún,<sup>30</sup> y en estudios sobre la adopción por parte de los agricultores de variedades de arroz mejoradas en India<sup>31</sup> y Nepal,<sup>32</sup> se demostró que la adopción puede ocasionar una desaparición considerable de las variedades agrícolas. Por otra parte, también se ha señalado que muchos de los agricultores que siembran variedades modernas (en especial los grandes y medianos propietarios de tierras) suelen mantener sus variedades nativas. En tales circunstancias, la adopción de variedades modernas puede aumentar la diversidad en los campos agrícolas, en lugar de reducirla.<sup>33</sup> En resumen, parecería que las afirmaciones generales que tienen por objeto cuantificar la cantidad total de erosión genética que se ha producido en la última década no están garantizadas.

Al igual con lo que sucede con las variedades agrícolas tradicionales y las ESAC, los estudios realizados sobre tendencias de la diversidad dentro de las variedades distribuidas tampoco ofrecen un panorama uniforme a lo largo del tiempo. Algunos no registran reducciones, ni tampoco un aumento, en la diversidad genética ni en la riqueza alélica de las variedades distribuidas; por ejemplo, en las variedades de trigo blando de primavera del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT),<sup>34</sup> en las variedades de maíz y guisantes de Francia,<sup>35</sup> en las variedades de frutas del Yemen<sup>36</sup> y en la cebada de Austria e India.<sup>37</sup> En casos como estos, es posible que las variedades nuevas sean menos vulnerables que lo que originalmente se pensó. Otros estudios informan sobre una disminución inicial seguida de un aumento en la diversidad genética, p. ej. las variedades de arroz *indica* y *japonica* en China,<sup>38</sup> o bien una disminución constante, tal como sucede con el trigo en China,<sup>39</sup> la avena en Canadá<sup>40</sup> y el maíz en Europa Central.<sup>41</sup> Un meta-análisis basado en este y otros informes publicados sobre tendencias de la diversidad ha demostrado que, en general, parecería no observarse una reducción significativa en la diversidad genética como resultado del mejoramiento de cultivos en el siglo XX ni una disminución gradual en la base genética de las variedades distribuidas.<sup>42</sup> Sin embargo, es necesario considerar cuidadosamente el contexto del meta-análisis para comprender si los resultados podrían ser extrapolados, en particular teniendo en cuenta las condiciones de los países en desarrollo y una amplia variedad de cultivos diferentes.

## CAPÍTULO 1

Si bien se observa cierta escasez de pruebas convincentes que demuestren la erosión genética en las variedades agrícolas por un lado, y en las variedades distribuidas por el otro, existe un consenso mucho mayor de que la erosión genética se produce como resultado del cambio total de los sistemas de producción tradicionales – que dependen de las variedades agrícolas – a los sistemas de producción modernos – que dependen de las variedades distribuidas.

### 1.3.2 Indicadores de erosión y vulnerabilidad genéticas

Durante la última década, el interés en los indicadores directos e indirectos de erosión y vulnerabilidad genéticas ha aumentado, al menos en parte, debido a la falta de pruebas concretas para cada proceso. La CRGAA ha solicitado la formulación de “indicadores de nivel superior” para la erosión y la vulnerabilidad genéticas en relación al seguimiento de la implementación del PAM.

El Programa sobre Indicadores de Biodiversidad 2010, auspiciado por el CDB, reúne a una gran cantidad de organizaciones internacionales con el objetivo de desarrollar indicadores que sean relevantes para el CDB, incluidos aquellos que permitan realizar un seguimiento de las tendencias en materia de diversidad genética. Sin embargo, hasta el momento, no hay indicadores prácticos, informativos y aceptados de manera generalizada sobre la erosión genética. Por lo tanto, su desarrollo debe considerarse prioritario. Para que estos indicadores sean efectivos, deben tener varias cualidades.

- Deben ser sensibles a los cambios en la frecuencia de los alelos importantes y ser capaces de asignarles mayor preponderancia que a los alelos menos importantes: la pérdida de un alelo en un *locus* de microsatélites altamente polimórficos, por ejemplo, es posible que sea un dato de menor importancia si se lo compara con la pérdida de un alelo de resistencia a las enfermedades.
- Deben proporcionar una medida de la magnitud de las pérdidas potenciales, p. ej. estimando la fracción de información genética que se encuentra en riesgo frente a la diversidad total.
- Deben permitir evaluar la probabilidad de pérdidas en un período específico y sin intervención humana.

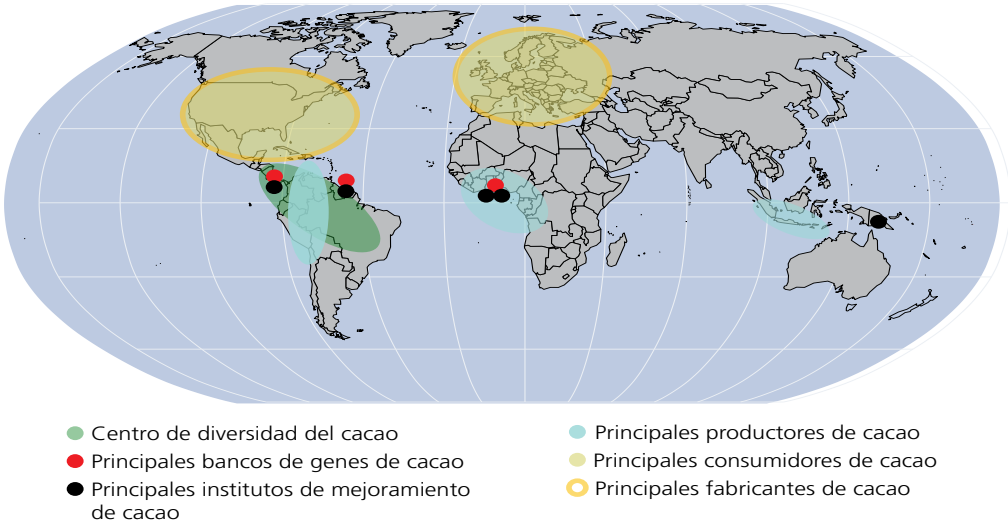
Los indicadores utilizados para estimar la vulnerabilidad genética deben considerar no solo el alcance de la uniformidad genética *per se*, sino que además deben tener en cuenta las posibles interacciones genotipo x ambiente. Un determinado genotipo (población o variedad) puede sucumbir ante una condición adversa en particular, tanto biótica como abiótica, de manera diferente según el ambiente. Algunos de los indicadores útiles de vulnerabilidad genética son los siguientes.

- El grado de diversidad genética que confiere resistencia o tolerancia ante las principales plagas y enfermedades actuales o potenciales, o bien ante el estrés abiótico.
- El grado de diversidad en las interacciones huésped-patógeno y la presencia de respuestas diferenciales a los distintos biotipos de plagas y enfermedades. Este indicador proporcionaría información sobre la variedad de mecanismos de supervivencia disponibles y, por consiguiente, sobre la probabilidad de un cambio en la población de patógenos que podría dar lugar a una virulencia generalizada.
- La presencia de serias limitaciones genéticas durante la domesticación, la migración o el mejoramiento: los indicadores de las limitaciones genéticas podrían proceder de los datos moleculares, la información histórica o los análisis genealógicos.
- El grado de dominio que variedades únicas tienen sobre zonas de gran tamaño podría ser un primer indicador útil para estimar la vulnerabilidad genética, suponiendo que esta es mayor cuando zonas de gran tamaño se cultivan con una sola variedad.
- Las distancias genéticas entre las líneas parentales de una variedad podrían ser un indicador aproximado, en determinadas circunstancias, del grado de heterogeneidad y, por consiguiente, de la vulnerabilidad genética de la variedad en cuestión.

### 1.4 Interdependencia

La interdependencia con respecto a los RFAA puede asumir numerosas formas e involucrar a una amplia variedad de partes interesadas en el espacio y/o tiempo. La mayoría de los cultivos, las ESAC y otras especies de plantas silvestres útiles no se circunscriben a las fronteras nacionales. Su distribución refleja la

**FIGURA 1.3**  
**Interdependencia ilustrada mediante el ejemplo de los recursos genéticos del cacao**



geografía de ecosistemas y la dispersión mundial llevada a cabo por los seres humanos o la naturaleza. En consecuencia, los individuos interesados en usar los RFAA a menudo deben acceder al material y a los conocimientos que esto conlleva, más allá de las fronteras del país en donde se encuentren trabajando. Si bien todos los países son a la vez proveedores y beneficiarios de los RFAA, no todos los países están dotados de ellos de igual manera ni tienen la misma capacidad de uso. Esto ha generado una interdependencia mutua pero desigual, y puede interpretarse como una potencial amenaza a la soberanía nacional o como una oportunidad de colaboración constructiva<sup>43</sup> (ver Figura 1.3 y Cuadro 1.4).

El concepto de interdependencia se aplica no solo a nivel internacional, sino a las respectivas funciones de los agricultores, fitomejoradores y administradores de recursos genéticos. Los agricultores son los administradores de los recursos genéticos que cultivan; los encargados de los bancos de genes tienen por tarea proteger las colecciones de esta diversidad; y los fitomejoradores, en gran medida, dependen de ambos para conseguir la materia prima que necesitan para producir nuevas

variedades, que a su vez serán utilizadas por los agricultores. Todos son interdependientes.

A nivel local, también se observa una considerable interdependencia entre agricultores que con frecuencia comercializan o intercambian semillas y otros materiales de siembra. Los sistemas locales de intercambio de germoplasma, a menudo, están profundamente arraigados en las sociedades rurales y pueden constituir un elemento importante en las relaciones que se enCuadron entre familias y comunidades locales. Por lo general, estos sistemas son “robustos” y están bien preparados para hacer frente a situaciones adversas,<sup>44</sup> ya que el alto nivel de interdependencia contribuye a su capacidad de recuperación.

A nivel regional y mundial, una consecuencia importante de la interdependencia entre naciones es la necesidad del intercambio internacional de germoplasma. Ciertos estudios han sugerido que, en muchos casos, este intercambio se ha tornado más complejo y difícil en los últimos años. Se corre el riesgo de que la reducción en los flujos internacionales de los RFAA suponga una amenaza no solo para su uso, sino también para su conservación y, en última instancia, para la seguridad alimentaria. Estos

## CAPÍTULO 1

**CUADRO 1.4**  
Indicadores de interdependencia mundial de determinados cultivos

Cultivo	Regiones de diversidad genética significativa <sup>1</sup>	Principales colecciones ex situ <sup>2</sup>	Principales países productores <sup>3</sup>	Principales actividades de mejoramiento e investigación	Países que registran el mayor consumo <sup>4</sup>	Productos/ países importadores <sup>5</sup>
Cacao ( <i>Theobroma cacao</i> )	América Central, Cuenca Amazónica	Brasil, Costa Rica, Trinidad y Tobago, Venezuela (República Bolivariana de)	Brasil, Côte d'Ivoire, Ghana, Indonesia, Nigeria	Brasil, Costa Rica, Côte d'Ivoire, Ghana, Papua Nueva Guinea, Trinidad y Tobago	Alemania, Estados Unidos de América, Francia, Federación de Rusia	Granos de cacao Alemania, Bélgica, Estados Unidos de América, Malasia, Países Bajos
Berenjena ( <i>Solanum melongena</i> )	Región Indo-Myanmar	AVRDC, India	China, India, Indonesia, Egipto, Turquía	AVRDC, India	China, India, Indonesia, Malasia, Nepal, países africanos, Pakistán, Sri Lanka	Alemania, Estados Unidos de América, Francia, Iraq, Reino Unido
Cacahuete ( <i>Arachis hypogaea</i> )	América del Sur	CGIAI, USDA, Brasil, China, India, Senegal	China, Estados Unidos de América, India, Indonesia, Nigeria	Australia, Brasil, China, Estados Unidos de América, India	Confitería: China, Estados Unidos de América, India, Indonesia, Nigeria	Cacahuete pelado Canadá, Federación de Rusia, México, Países Bajos, Reino Unido
Maíz ( <i>Zea mays</i> )	América Central y México, América del Norte, América del Sur, Asia	CGIAI, Estados Unidos de América, Federación de Rusia, India, México	Argentina, Brasil, China, Estados Unidos de América, México	CGIAI, África, Brasil, China, Estados Unidos de América, Europa, India	China, India, Indonesia, México, Sudáfrica	China, España, Japón, México, República de Corea
Negrillo ( <i>Guizotia abyssinica</i> )	Cuern de África	Etiopía, India	Etiopía, India, Nepal	Etiopía, India	Estados Unidos de América, Etiopía, India, Nepal, Reino Unido	Estados Unidos de América, Reino Unido
Palma de aceite (esp. <i>Elaeis</i> )	África occidental Cuenca Amazónica	Brasil, Ghana, Malasia	Colombia, Indonesia, Malasia, Nigeria, Tailandia	Malasia, MPOB	China, India, Indonesia, Nigeria, Pakistán	Alemania, China, India, Países Bajos, Pakistán

**CUADRO 1.4 (continuación)**  
Indicadores de interdependencia mundial de determinados cultivos

Cultivo	Regiones de diversidad genética significativa <sup>1</sup>	Principales colecciones <i>ex situ</i> <sup>2</sup>	Principales países productores <sup>3</sup>	Principales actividades de mejoramiento e investigación	Países que registran el mayor consumo <sup>4</sup>	Productos/países importadores
Patata ( <i>Solanum tuberosum</i> )	América del Sur	CGIAI, Colombia, Japón, Países Bajos, República Checa	China, India, Estados Unidos de América, Federación de Rusia, Ucrania	CGIAI, Alemania, Argentina, Australia, Canadá, Chile, China, Colombia, Ecuador, Estados Unidos de América, Francia, India, Países Bajos, Polonia, Reino Unido, República de Corea, Sudáfrica	China, Estados Unidos de América, Federación de Rusia, India, Reino Unido	Alemania, Bélgica, España, Italia, Países Bajos
Quinua ( <i>Chenopodium quinoa</i> )	Cordillera andina	CGIAI, Estados Unidos de América	Bolivia (Estado Plurinacional de), Ecuador, Perú	Bolivia (Estado Plurinacional de), Perú	Bolivia (Estado Plurinacional de), Canadá, Estados Unidos de América, Europa, Perú	No corresponde
Arroz ( <i>Oryza</i> spp.)	África, Asia meridional, oriental y sudoriental	CGIAI, Benin, China, Estados Unidos de América, Filipinas, India, Tailandia	Bangladesh, China, India, Indonesia, Viet Nam	CGIAI, China, Estados Unidos de América, Filipinas, India	Bangladesh, China, India, Indonesia, Viet Nam	Arroz elaborado, Arabia Saudita, Filipinas, Irán (República Islámica de), Iraq, Nigeria
Cártamo ( <i>Carthamus tinctorius</i> )	Egipto, Etiopía, Europa meridional, India, Lejano Oriente, Oriente Medio, Pakistán, Sudán	China, Estados Unidos de América, Etiopía, India, México	Australia, China, Estados Unidos de América, India, Kazajstán	Australia, Canadá, China, España, Estados Unidos de América, India, México	Aceite Alemania, Estados Unidos de América, Japón, Países Bajos, Yemen	Semilla de cártamo Bélgica, China, Filipinas, Países Bajos, Reino Unido
Sésamo ( <i>Sesamum indicum</i> )	Asia Central, Cercano Oriente, China, Cuerno de África, India	China, India, Israel, México, Venezuela (República Bolivariana de)	China, India, Myanmar, Sudán, Uganda	Estados Unidos de América, India, Turquía	Aceite China, India, Myanmar, República de Corea, Sudán	Semilla de sésamo China, Japón, República Árabe Siria, República de Corea, Turquía

# CAPÍTULO 1

**CUADRO 1.4 (continuación)**  
Indicadores de interdependencia mundial de determinados cultivos

Cultivo	Regiones de diversidad genética significativa <sup>1</sup>	Principales colecciones ex situ <sup>2</sup>	Principales países productores <sup>3</sup>	Principales actividades de mejoramiento e investigación	Países que registran el mayor consumo <sup>4</sup>	Productos/ países importadores
Soja ( <i>Glycine max</i> )	Asia oriental	AVRDC (regional), China, Estados Unidos de América, Federación de Rusia, Ucrania	Argentina, Brasil, China, Estados Unidos de América, India		Semillas Brasil, China, Indonesia, Japón, República de Corea	Alemania, China, Japón, México, Países Bajos
Girasol ( <i>Helianthus annuus</i> )	América del Norte	Estados Unidos de América, Federación de Rusia, Francia, Rumania, Serbia	Argentina, China, Estados Unidos de América, Federación de Rusia, Francia, Hungría, India, Turquía, Ucrania	Estados Unidos de América, Federación de Rusia	Aceite China, España, Federación de Rusia, India, Ucrania	Semilla de girasol España, Francia, Italia, Países Bajos, Turquía
Trigo ( <i>Triticum aestivum</i> )	África Oriental, Asia Central, Asia Meridional, Asia Occidental, Asia Oriental, Europa, Mediterráneo Meridional y Oriental	CGIAR, Australia, Estados Unidos de América, Federación de Rusia, Italia	China, Estados Unidos de América, Federación de Rusia, Francia, India	CGIAR, Australia, Brasil, Canadá, China, Estados Unidos de América, Francia, India, Reino Unido	China, Estados Unidos de América, Federación de Rusia, India, Pakistán	Brasil, Egipto, India, Italia, Japón

<sup>1</sup> Fuente: Primer Informe.

<sup>2</sup> Fuente: Primer Informe e informes de países del Segundo Informe.

<sup>3</sup> Fuente: FAOSTAT, 2007.

<sup>4</sup> Fuente: FAOSTAT, 2003, en el caso de los datos de importación de cártamo para 2006; evidencia anecdótica de la quinua y la berenjena.

<sup>5</sup> Fuente: FAOSTAT, 2006.

son algunos de los factores clave que llevaron a la adopción del TIRFAA.

Con el impacto cada vez mayor del cambio climático, indudablemente se registrará un aumento en la demanda de variedades que se adapten a las nuevas condiciones ambientales y al espectro de plagas y enfermedades. La capacidad de acceder a una gran diversidad genética es fundamental para satisfacer esta demanda, lo cual implica que en el futuro habrá una interdependencia incluso mayor que la actual entre países y regiones.

Existe un consenso generalizado de que la incertidumbre acerca de las cuestiones legales constituye un factor importante que dificulta el intercambio de germoplasma a nivel internacional e, incluso, nacional. Si bien el CDB ha estado vigente por muchos años, la ausencia de procedimientos claros y eficaces para acceder a los RFAA todavía obstaculiza la colección y/o el movimiento interfronterizo de recursos genéticos en muchos países (ver Capítulo 7). Asimismo, algunos gobiernos nacionales aún deben adherir al TIRFAA, a pesar de que para garantizar un flujo de RFAA más sencillo es fundamental que la mayor cantidad posible de países ratifiquen el TIRFAA y establezcan los procedimientos necesarios para asegurar su efectiva implementación.

Al igual que los recursos fitogenéticos del mundo, la capacidad de utilizarlos se encuentra distribuida de manera desigual. Muchos países carecen de instituciones, instalaciones o fitomejoradores adecuados para desempeñar eficazmente las tareas modernas, o incluso convencionales, de mejoramiento de los cultivos, en especial de los cultivos secundarios. Por consiguiente, varios países aún presentan una fuerte dependencia de la ayuda exterior para el fitomejoramiento, ya sea en forma directa para conseguir variedades mejoradas, o bien en forma indirecta mediante la colaboración en materia de capacitación e investigación. Recientemente, se han logrado varios avances positivos en esta área, incluida la Iniciativa de colaboración mundial para el fortalecimiento de la capacidad de fitomejoramiento (GIPB)<sup>45</sup> y la creación de centros regionales de excelencia para el desarrollo de la biotecnología, como Biociencias para África del Este y Central (BECA).<sup>46</sup> Estos centros permiten que los científicos de países en desarrollo

apliquen sus conocimientos y habilidades a desafíos de fitomejoramiento de cultivos nacionales específicos. Estas y otras iniciativas similares son un aspecto importante de la interdependencia y constituyen una parte integral de los sistemas de distribución de beneficios. En el Capítulo 4 se proporcionan más detalles sobre el estado del mejoramiento de los cultivos y otros usos de los RFAA.

## 1.5 Cambios desde que se publicó el Primer Informe sobre el Estado mundial

Los cambios principales que se han registrado en relación con el estado de la diversidad desde la publicación del Primer Informe incluyen los siguientes.

- Las colecciones *ex situ* han aumentado considerablemente, gracias a nuevas recolecciones y al intercambio entre bancos de genes. Esto último ha contribuido al problema incesante de la duplicación no planificada.
- La comprensión científica de la gestión de la diversidad genética a nivel de finca han aumentado, y este enfoque de conservación y el uso de los RFAA se ha integrado cada vez más a los programas nacionales.
- El interés y la sensibilización sobre la importancia de conservar las ESAC, tanto *ex situ* como *in situ*, y su utilización en el mejoramiento de los cultivos han aumentado considerablemente.
- Se percibe un interés cada vez mayor en las especies hasta ahora "marginadas" o infrautilizadas, como las hortalizas y las frutas tradicionales.
- Gracias a las modernas técnicas de genética molecular, ha sido posible generar un gran volumen de datos sobre la magnitud y la naturaleza de la erosión y la vulnerabilidad genéticas en cultivos específicos de determinadas zonas. El panorama que se perfila es complejo y no es posible sacar conclusiones claras sobre la magnitud y el alcance de estos efectos.
- La magnitud de la interdependencia entre países con respecto a sus necesidades de tener acceso a materiales en poder de otros es, posiblemente, más importante que nunca. Esto es cierto en especial si



## CAPÍTULO 1

se considera la necesidad de desarrollar variedades que se adapten a las nuevas condiciones ambientales y al espectro de plagas y enfermedades que podrían resultar del cambio climático. El TIRFAA ha proporcionado una base sólida para mejorar y facilitar dicho acceso.

### 1.6 Deficiencias y necesidades

Sobre la base de la información provista en este capítulo, los siguientes puntos describen algunas de las deficiencias y necesidades más importantes que se han identificado en términos de diversidad genética.

- Aún sigue siendo necesario mejorar la cobertura de la diversidad en las colecciones *ex situ*, incluidas las ESAC y las variedades agrícolas, además de optimizar la caracterización, evaluación y documentación de las colecciones.
  - Una mejor comprensión y apoyo del manejo de la diversidad efectuado por los agricultores, a pesar de los avances significativos registrados en este ámbito, son todavía necesarios. Existen oportunidades de mejorar los medios de subsistencia de las comunidades rurales a través de un mejor manejo de la diversidad.
  - Aún sigue siendo necesaria una mayor racionalización del sistema mundial de colecciones *ex situ*, tal como lo exigen el PAM y el TIRFAA, y que además se ve reflejada en iniciativas tales como aquellas impulsadas por el GCDT y el AEGIS.
  - Se debe prestar más atención a la conservación y la utilización de los RFAA de cultivos descuidados e infrautilizados y cultivos no alimentarios. Muchas de estas especies pueden realizar un valioso aporte para mejorar los regímenes alimenticios y los ingresos.
  - Es necesario promover definiciones y métodos estándares para evaluar la erosión y la vulnerabilidad genéticas, además de llegar a un consenso sobre más y mejores indicadores, a fin de poder establecer referencias nacionales, regionales y mundiales para controlar la diversidad y sus cambios, y para establecer sistemas eficaces de alerta rápida.
  - Muchos países aún carecen de estrategias y/o planes de acción nacionales para la gestión de la diversidad, o bien, si los tienen, no los implementan por completo. Las áreas que requieren especial atención incluyen el establecimiento de prioridades, la mejora de la cooperación nacional e internacional, un mayor desarrollo de sistemas de información y la identificación de deficiencias en la conservación de los RFAA, incluidas las ESAC.
- Si bien se observa una sensibilización cada vez mayor sobre la importancia de las ESAC, en algunos países todavía es necesario contar con políticas, legislación y procedimientos adecuados para recolectar ESAC, establecer zonas protegidas para las ESAC y lograr una mejor coordinación de estas iniciativas a nivel nacional.

### Bibliografía

- <sup>1</sup> **Reilly, J. M. y Schimmelpennig, D.** 1999. Agricultural impact assessment, vulnerability and the scope for adaptation. *Climatic change*, 44: 745-788.
- <sup>2</sup> **Lobell, D. L., Burke, M.B., Tebaldi, C., Mastrandrea, M.D., Falcon, W.P. y Naylor, R.L.** 2008. Prioritizing Climate Change Adaptation Needs for Food Security in 2030. *Science*, 319: 607-610.
- <sup>3</sup> **Jarvis, D.I., Brown, A.H.D., Cuong, P.H., Collado-Panduro, L., Latournerie-Moreno, L., Gyawali, S., Tanto, T., Sawadogo, M., Mar, I., Sadiki, M., Hue, N.T.N., Arias-Reyes, L., Balma, D., Bajracharya, J., Castillo, F., Rijal, D., Belqadi, L., Rana, R., Saidi, S., Ouedraogo, J., Zangre, R., Rhrib, K., Chavez, J.L., Schoen, D., Sthapit, B., De Santis, P., Fadda C. y Hodgkin, T.** 2007. A global perspective of the richness and evenness of traditional crop-variety diversity maintained by farming communities. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 105: 5326-5331.
- <sup>4</sup> **Rosegrant, M. W. y Cline, S. A.** 2003. Global food security: challenges and policies. *Science*, 302: 1917-1919.
- <sup>5</sup> **Lang, T.** 2003. Food industrialization and food power: Implications for food governance. *Development*

- Policy Rev.* 21: 555–568. Los diez fabricantes de alimentos más importantes del mundo se encuentran entre las 400 empresas líderes en términos de valor de mercado, con un volumen de negocio conjunto que asciende a más de 200 000 millones de UDS. La cuota de mercado de los 20 fabricantes de alimentos más importantes de los Estados Unidos de América se ha duplicado desde 1967, y la participación en el mercado de las tres tiendas minoristas más importantes de los países de la Unión Europea oscila entre un 40 por ciento (Alemania y el Reino Unido) y más del 80 por ciento (Finlandia e Irlanda).
- <sup>6</sup> **Pingali, P.** 2007. Westernization of Asian diets and the transformation of food systems: Implications for research and policy. *Food policy*, 32: 281–298. Para el año 2002, la participación de los supermercados en el mercado minorista de los alimentos procesados/ envasados era del 33 por ciento en el Sudeste Asiático, y del 63 por ciento en Asia Oriental. La participación de los supermercados en el mercado de los alimentos frescos era de aproximadamente entre el 15 y el 20 por ciento en el Sudeste Asiático, y del 30 por ciento en Asia Oriental fuera de China. La participación de los supermercados en el año 2001 de los mercados urbanos chinos de alimentos era del 48 por ciento, frente al 30 por ciento que se registraba en 1999.
- <sup>7</sup> En el contexto de este capítulo, los cultivos básicos incluyen los cereales grandes (trigo, maíz, arroz, sorgo y cebada), frijoles, caupí, cacahuets, papas, bananas y yuca.
- <sup>8</sup> Sección 3.3.4 del Primer Informe. Cobertura de las colecciones y deficiencias existentes.
- <sup>9</sup> **Hammer, K.** 2003. A paradigm shift in the discipline of plant genetic resources. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 50(1): 3–10.
- <sup>10</sup> Disponible en <http://www.croptrust.org/main/strategy.php>.
- <sup>11</sup> **van Treuren, R., Engels, J.M.M., Hoekstra, R. y Van Hintum, Th.J.L.** 2009. Optimization of the composition of crop collections for ex situ conservation. *Plant Genetic Resources*, 7: 185–193.
- <sup>12</sup> **Programa Cooperativo Europeo sobre Recursos Genéticos de las Plantas (ECPGR).** 2008. *A Strategic Framework for the Implementation of a European Genebank Integrated System (AEGIS)*. Programa Cooperativo Europeo sobre Recursos Genéticos de las Plantas (ECPGR). *Biodiversity International*, Roma. (Documento de debate).
- <sup>13</sup> **Meilleur, B. A. y Hodgkin, T.** 2004. *In situ* conservation of crop wild relatives: status and trends. *Biodiversity and Conservation*, 13: 663–684.
- <sup>14</sup> **Maxted, N. y Kell, S. P.** 2009. *Establishment of a global network for the in situ conservation of crop wild relatives: status and needs*. Comisión de Recursos Genéticos para la Alimentación y la Agricultura de la FAO, Roma. 266 pág.
- <sup>15</sup> **Jarvis, A., Lane, A. y Hijmans, R. J.** 2008. The effect of climate change on crop wild relatives. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 126: 13–23.
- <sup>16</sup> Disponible en <http://gisweb.ciat.cgiar.org/GapAnalysis/>.
- <sup>17</sup> **Goff, S.A., Ricke D., Lan, T.H., Presting, G., Wang, R., Dunn, M., Glazebrook, J., Sessions, A., Oeller, P., Varma, H., Hadley, D., Hutchison, D., Martin, C., Katagiri, F., Lange, B.M., Moughamer, T., Xia, Y., Budworth, P., Zhong, J., Miguel, T., Paszkowski, U., Zhang, S., Colbert, M., Sun, W. L., Chen, L., Cooper, B., Park, S., Wood, T. C., Mao, L., Quail, P., Wing, R., Dean, R., Yu, Y., Zharkikh, A., Shen, R., Sahasrabudhe, S., Thomas, A., Cannings, R., Gutin, A., Pruss, D., Reid, J., Tavtigian, S., Mitchell, J., Eldredge, G., Scholl, T., Miller, R.M., Bhatnagar, S., Adey, N., Rubano, T., Tusneem, N., Robinson, R., Feldhaus, J., Macalma, T., Oliphant, A. y Briggs, S.** 2002. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. *japonica*). *Science*, 296: 92–100; **y Yu, J., Hu, S., Wang, J., Wong, G.K., Li, S., Liu, B., Deng, Y., Dai, L., Zhou, Y., Zhang, X., Cao, M., Liu, J., Sun, J., Tang, J., Chen, Y., Huang, X., Lin, W., Ye, C., Tong, W., Cong, L., Geng, J., Han, Y., Li, L., Li, W., Hu, G., Huang, X., Li, W., Li, J., Liu, Z., Li, L., Liu, J., Qi, Q., Liu, J., Li, L., Li, T., Wang, X., Lu, H., Wu, T., Zhu, M., Ni, P., Han, H., Dong, W., Ren, X.,**

## CAPÍTULO 1

- Feng, X., Cui, P., Li, X., Wang, H., Xu, X., Zhai W., Xu, Z., Zhang J., He, S., Zhang, J., Xu, J., Zhang, K., Zheng, X., Dong, J., Zeng, W., Tao, L., Ye, J., Tan, J., Ren, X., Chen, X., He, J., Liu, D., Tian, W., Tian, C., Xia, H., Bao, Q., Li, G., Gao, H., Cao, T., Wang, J., Zhao, W., Li, P., Chen, W., Wang, X., Zhang, Y., Hu, J., Wang, J., Liu, S., Yang, J., Zhang, G., Xiong, Y., Li, Z., Mao, L., Zhou, C., Zhu, Z., Chen, R., Hao, B., Zheng, W., Chen, S., Guo, W., Li, G., Liu, S., Tao, M., Wang, J., Zhu, L., Yuan, L. y Yang, H. 2002. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. *indica*). *Science*, 296: 79-92.
- <sup>18</sup> *The role of biotechnology for the characterization and conservation of crop, forest, animal and fishery genetic resources in developing countries*. Disponible en <http://www.fao.org/biotech/C13doc.htm>.
- <sup>19</sup> **Diamond, J.** 2002. Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. *Nature*, 418: 700-707.
- <sup>20</sup> **Moraes, A. P., Lemos, R.R., Brasileiro-Vidal, A.C., Soares Filho, W.S. y Guerra, M.** 2007. Chromosomal markers distinguish hybrids and non-hybrid accessions of mandarin. *Cytogenet Genome Res.*, 119: 275-281; y **Spooner, D., van Treuren, R. y de Vicente, M. C.** 2005. *Molecular markers for genebank management*. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI), Boletín Técnico 10, Roma. 126 pág.
- <sup>21</sup> **De Vicente, M. C.** 2004. The evolving role of genebanks in the fast-developing field of molecular genetics. *Issues in Genetic Resources*, N.º 11. IPGRI, Roma.
- <sup>22</sup> **Tivang, J. G., Nienhuis, J. y Smith, O. S.** 2004. Estimation of sampling variance of molecular marker data using the bootstrap procedure. *Theor. Appl. Genet.*, 89(2-3): 259-264.
- <sup>23</sup> Op. cit. Nota al pie 11.
- <sup>24</sup> **de Vicente, M.C., Guzmán, F.A., Engels, J.M.M. y Ramanatha Rao, V.** 2005. *Genetic characterization and its use in decision-making for the conservation of crop germplasm*. Trabajo presentado en la Reunión sobre la función de la biotecnología, 5-7 de marzo de 2005, Villa Gualino, Turín, Italia.
- <sup>25</sup> **Bhullar, N. K., Street, K., Mackay, M., Yahiaoui, N. y Keller, B.** 2009. Unlocking wheat genetic resources for the molecular identification of previously undescribed functional alleles at the Pm3 resistance locus. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America*, 106: 9519-9524.
- <sup>26</sup> La erosión genética también puede producirse a otro nivel, es decir, al nivel de las colecciones de germoplasma en los bancos de genes. Esto se debe al manejo inapropiado, en especial si se siguen procedimientos de regeneración inadecuados. Aquí, el tema central son los campos y los mercados agrícolas (es decir, la pérdida de genes/alelos y variedades nativas), mientras que las colecciones ex situ se tratan en otra parte de este capítulo.
- <sup>27</sup> **Chaudhuri, S. K.** 2005. Genetic erosion of agrobiodiversity in India and intellectual property rights: interplay and some key Issues. *Patentmatics*, 5(6): 1-10.
- <sup>28</sup> Op. cit. Nota al pie 3.
- <sup>29</sup> **Bezançon, G., Pham, J.L., Deu, M., Vigouroux, Y., Sagnard, F., Mariac, C., Kapran, I., Mamadou, A., Gerard, B., Ndjeunga, J. y Chatereau, J..** 2009. Changes in the diversity and geographic distribution of cultivated millet (*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.) and sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) varieties in Niger between 1976 and 2003. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 56(2): 223-236.
- <sup>30</sup> **Alvarez, N., Garine, E., Khasah, C., Dounias, E., Hossaert-McKey, M. y McKey, D.** 2005. Farmers' practices, metapopulation dynamics, and conservation of agricultural biodiversity on-farm: a case study of sorghum among the Duupa in sub-Saharan Cameroon. *Biological Conservation*, 121: 533-543.

- <sup>31</sup> **Virk, D. S. y Witcombe, J. R.** 2006. Trade-offs between on-farm varietal diversity and highly client-oriented breeding – a case study of upland rice in India. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54(4): 823-825.
- <sup>32</sup> **Joshi, K. D. y Witcombe, J. R.** 2003. The impact of participatory plant breeding (PPB) on landrace diversity: A case study for high-altitude rice in Nepal. *Euphytica*, 134(1): 117-125(9).
- <sup>33</sup> **Cavatassi, R., Lipper, L. y Hopkins, J.** 2006. *The role of crop genetic diversity in coping with agricultural production shocks: insights from Eastern Ethiopia*. División de Economía del Desarrollo Agrícola, documento de trabajo N.º 06-17, FAO, Roma.
- <sup>34</sup> **Smale, M., Reynolds, M.P., Warburton, M., Skovmand, B., Trethowan, R., Singh, R.P., Ortiz-Monasterio, I., Crossa, J., Khairallah, M. y Almanza, M.** 2001. *Dimensions of diversity: In CIMMYT bread. Wheats from 1965 to 2000*.
- <sup>35</sup> **Le Clerc, V., Cadot, V., Canadas, M., Lallemand, J., Guerin, D. y Boullineau, F.** 2006. Indicators to assess temporal genetic diversity in the French Catalogue: no losses for maize and peas. *Theor. Appl. Genet.*, 113(7): 1197-1209.
- <sup>36</sup> Informe de país: Yemen.
- <sup>37</sup> Op. cit. Nota al pie 3.
- <sup>38</sup> **Yongwen, Q. I., Zhang, D., Zhang, H., Wang, M., Sun, J., Wei, X., Qiu, Z., Tang, S., Cao, Y., Wang, X. y Li, Z.** 2006. Genetic diversity of rice cultivars (*Oryza sativa* L.) in China and the temporal trends in recent fifty years. *Chinese Science Bulletin*, 51(6): 681-688.
- <sup>39</sup> **Hao, C., Wang, L., Zhang, X., You, G., Dong, Y., Jia, J., Liu, X., Shang, X., Liu, S. y Cao, Y.** 2006. Genetic diversity in Chinese modern wheat varieties revealed by microsatellite markers. *Sci. China, serie C* 49(3): 218-226.
- <sup>40</sup> **Fu, Y. B. Peterson, G.W., Scoles, G., Rosnagel, B., Schoen, D.J. y Richards, K.W.** 2003. Allelic diversity changes in 96 Canadian oat cultivars released from 1886 to 2001. *Crop Science*, 43: 1989-1995.
- <sup>41</sup> **Reif, J. C. Hamrit, S., Heckenberger, M., Schipprack, W., Maurer, H.P., Bohn, M. & Melchinger, A.E.** 2005. Trends in genetic diversity among European maize cultivars and their parental components during the past 50 years. *Theor. Appl. Genet.*, 111(5): 838-845.
- <sup>42</sup> **van de Wouw, M. van Hintum, T., Kik, C., van Treuren, R. & Visser, B.** 2010. Genetic diversity trends in 20th century crop cultivars - a meta analysis crop breeding in the 20th century - a meta analysis. *Theor. Appl. Genet.*, (en línea).
- <sup>43</sup> **Engels, J. M. M.** 2006. Technological and Policy Developments in Relation to Conservation and Use of Genetic Resources. *Plant Genetic Resources*, 19(3): 460-469.
- <sup>44</sup> **Engels, J. M. M. Byakweli Vianney, J.M., Dempewolf, H. y de Boef, W.S.** 2008. Robust seed systems: integrating a genetic resource conservation and sustainable livelihood perspective in strategies supporting informal seed supply. *En: Thijssen, M. H., Bishaw Z., Beshir, A. y de Boef, W.S. (redactores). Farmers, seeds and varieties: supporting informal seed supply in Ethiopia*. Wageningen, Wageningen International, pág. 73-86.
- <sup>45</sup> Disponible en <http://km.fao.org/gipb/>.
- <sup>46</sup> Disponible en <http://www.africabiosciences.org/>.