

Die Bedeutung genetischer Vielfalt für das Übereinkommen zum Schutz biologischer Vielfalt (CBD) nach 2020

Hoban et al. 2020. Genetic diversity targets and indicators in the CBD post-2020 Global Biodiversity Framework must be improved. *Biological Conservation*. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2020.108654>

Zusammenfassung

Die Post-2020-Strategie für das Übereinkommen zum Schutz biologischer Vielfalt (CBD) muss verbessert werden um einen Verlust der biologischen Vielfalt zu verhindern. Das gilt insbesondere für die Ziele zum Erhalt genetischer Vielfalt und wie diese gemessen werden. Die genetische Vielfalt **aller** Arten soll geschützt, gemessen und mittels geeigneter Maße überwacht werden. Für die Post- 2020- Strategie schlagen wir daher nicht nur eine Veränderung der bisherigen Ziele, sondern auch drei neue genetische Indikatoren vor.



Wie viele andere Arten leben Wasserfrösche (*Pelophylax lessonae*) in einzelnen, miteinander verbundenen Populationen, die bei der Erfassung genetischer Vielfalt berücksichtigt werden müssen.

Hintergrund

Genetische Vielfalt trägt zum Erhalt unserer Biosphäre und der menschlichen Gesellschaft teil. Weltweit nimmt diese Vielfalt aber aufgrund menschlicher Einflüsse ab. Die genetische Vielfalt aber ermöglicht es Arten sich an veränderte Umweltbedingungen anzupassen, ökosystemare Dienstleistungen (z.B. Reinigung von Wasser, Nahrung) zu erhalten, und ist daher essentiell für die Widerstandsfähigkeit von Arten und Ökosystemen im Zuge des Klimawandels. Der bisherige „zero draft“ der post-2020 Strategie greift die CBD Vision von 2011-2020 auf, in welcher aber nur wenige Ziele erreicht wurden. **Der Erhalt genetischer Vielfalt wird in der post-2020 Strategie als eines der fünf wichtigsten Ziele für 2050 definiert.** Allerdings,

1. ist das Ziel der CBD für die genetische Vielfalt im „zero draft“ unklar und weich formuliert (Laikre et al. 2020, *Science*)
2. gibt es kein 2030 Aktionsziel für genetische Vielfalt.
3. berücksichtigen bisherige CBD Indikatoren zur genetischen Vielfalt nur domestizierte Arten und ihre wilden Verwandten, aber keine anderen wildlebenden Arten. Diese sind aber essentiell für die Stabilität der Ökosysteme, insbesondere im Zeichen des Klimawandels.
4. sind die bisherigen Indikatoren nicht in der Lage Veränderungen der genetischen Vielfalt ausreichend zu überwachen.

Neue Indikatoren

Um die weltweiten Naturschutzziele zu erreichen, schlagen wir vor, dass die genetische Vielfalt in allen Arten mittels geeigneter Maße erhalten, gemessen und überwacht werden.

Wir schlagen daher drei neue Indikatoren für die post-2020 Strategie der CBD vor, die zusätzlich zu veränderten Indikatoren des CBD „zero-draft“ berücksichtigt werden sollten. Ein einzelner Indikator alleine kann den Fortschritt zum Erhalt des CBD Ziels nicht ausreichend dokumentieren. Diese Indikatoren sind:

- für alle Arten anwendbar
- direkt einsetzbar
- auf verschiedenen Ebenen benutzbar (lokal, regional, weltweit)
- können über Arten und sogar verschiedene taxonomische Gruppen hinweg zusammengefasst werden.
- brauchen keine genetischen Daten (Indikator 1,2).

Für mehr Details verweisen wir auf unsere Veröffentlichung oder kontaktieren Sie **Sean Hoban** shoban@mortonarb.org oder **Linda Laikre** linda.laikre@popgen.su.se.

Neue Indikatoren

1. Die Anzahl von Populationen (oder Rassen) innerhalb einer Art mit einer effektiven Populationsgröße (N_e) > 500 im Vergleich zu Populationen < 500 .

$N_e < 500$ bedeutet, dass die Population eine geringere Fähigkeit hat sich an veränderte Umweltbedingungen anzupassen. Wenn keine genetischen, demographischen oder Stammbaumdaten bei einer Art vorliegen, **kann N_e als ungefähr 10% der gezählten adulten Individuen einer Art geschätzt werden.**

2. Der Anteil von (Teil) Populationen (oder der geographischen Verbreitung) der innerhalb einer Art erhalten ist.

Der Verlust von genetisch distinkten, wilden Populationen resultiert in einem großen Verlust der genetischen Vielfalt innerhalb einer Art. Dies gilt gleichermaßen für landwirtschaftlich bedeutsame Rassen oder Varietäten einer Art. Dieser Indikator vergleicht die Anzahl genetisch distinkter Populationen im Verhältnis zu einer historischen Referenz. Alternativ ist auch der Anteil (Prozentsatz) vom ursprünglich vorhandenen Verbreitungsgebiet ausreichend.

3. Die Anzahl von Arten und Populationen in welchen genetische Vielfalt mittels DNA-basierter Methoden überwacht wird.

Um genetische Vielfalt zu erhalten müssen wir die genetische Vielfalt innerhalb und zwischen Populationen kennen, sowie diejenigen Variablen, die diese beeinflussen. Wichtig ist auch ob bestimmte Populationen isoliert voneinander sind. Allerdings **kann dieser Indikator nicht alleine herangezogen werden**, da er auch die wachsenden technischen Möglichkeiten zur Erfassung dieser Daten im Rahmen von naturschutzgenetischen Projekten darstellen kann.

Änderungen zu den jetzigen CBD “Zero Draft Goal“ Indikatoren

- die IUCN Rote Liste Kriterien sollten nicht als genetische Indikatoren verwendet werden.
- die Minimalkriterien für *ex situ* Kollektionen sollten repräsentativ, wiederholbar und belastbar sein.
- **Alle Arten**, nicht nur domestizierte Arten und ihre wilden Verwandten müssen berücksichtigt werden.

Die effektive Populationsgröße (N_e) ist eine Schätzung der genetischen Populationsgröße. N_e ist kleiner als die Anzahl gezählter Individuen einer Population, da sich nicht alle Individuen fortpflanzen und unterschiedliche Mengen an Nachkommen haben können. Faktoren wie Inzucht innerhalb einer Population können N_e weiter verkleinern.

2030 Ziel

Erhalt der bestehenden genetischen Vielfalt und Stopp des Verlusts der genetischen Vielfalt innerhalb **aller Arten**. Entwicklung von Strategien um weiteren Verlust in der Zukunft zu stoppen.

2050 Ziel

Sicherstellung und **Wiederherstellung der Anpassungsfähigkeit** und des **langfristiger Erhalts** genetischer Vielfalt innerhalb der Populationen einer Art.

Aktionsziel

Stopp des Verlusts, Erhalt, Sicherung und Wiederherstellung genetischer Vielfalt und des Anpassungspotentials von Arten und Population bei wilden Arten und in Gefangenschaft / Sammlungen. Bis 2030 sollen Populationen eine effektive Populationsgröße >500 aufweisen, genetische Vielfalt und Konnektivität werden mittels DNA-basierter Methoden in Populationen von Schlüsselarten überwacht und der Verlust von distinkten Populationen innerhalb einer Art gestoppt.



Microcycas calocoma (vom Aussterben bedroht). Die meisten *ex situ* Sammlungen dieser Art stammen von einer einzigen Pflanze. Um genetische Vielfalt zu erhalten müssen Sammlungen belastbarer, repräsentativer und wiederholbar sein.