



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA
DE MÉXICO

FACULTAD DE CIENCIAS

Comparación de las comunidades de artrópodos
asociadas a algodón silvestre (*Gossypium hirsutum*) con y
sin presencia de la proteína recombinante Cry1Ab/Ac en
el Istmo de Tehuantepec, Oaxaca, México

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

BIÓLOGO

P R E S E N T A:

FRANCISCO JAVIER PÉREZ LÓPEZ



DIRECTOR DE TESIS:
Dr. VÍCTOR LÓPEZ GÓMEZ
Cd. Universitaria, D.F. 2015



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

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

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

HOJA DE DATOS DEL JURADO

1. Datos del alumno
Pérez
López
Francisco Javier
55 6884 7011
Universidad Nacional Autónoma
de México
Facultad de Ciencias
Biología 308169472
2. Datos del tutor
Dr. Víctor
López
Gómez
3. Datos del sinodal 1
Dr. Zenón
Cano
Santana
4. Datos del sinodal 2
Dra. Ana Laura
Wegier
Briuolo
5. Datos del sinodal 3
Dra. Rosa Gabriela
Castaño
Meneses
6. Datos del sinodal 4
Dr. Alejandro
Ponce
Mendoza
7. Datos del trabajo escrito
Comparación de las comunidades
de artrópodos asociadas a
algodón silvestre (*Gossypium
hirsutum*) con y sin presencia de
la proteína recombinante
Cry1Ab/Ac en el Istmo de
Tehuantepec, Oaxaca, México.
68 p.
2015

AGRADECIMIENTOS

Agradezco el apoyo financiero y las facilidades otorgadas para hacer este trabajo por parte de la CONABIO y de la Dirección General del Sector Primario y Recursos Naturales Renovables (DGSPRNR), perteneciente a la SEMARNAT a través del “Programa para la conservación de las poblaciones silvestres del género *Gossypium* en México” del proyecto marco “Generación de elementos faltantes para la determinación de los centros de origen y diversidad genética”.

Al Dr. Víctor López Gómez y al Dr. Zenón Cano. Gracias por ser mis maestros de ecología y por mostrarme sus teorías sobre la vida. Gracias por todo el humor, por todo el conocimiento, carisma y sabiduría que compartieron conmigo a lo largo de estos años.

A mis sinodales Dr. Alex Ponce, Dra. Ana Wegier y Dra. Ana Gabriela castaño, les agradezco la paciencia y el tiempo que invirtieron en mi proyecto. Me queda claro que sus recomendaciones enriquecieron de sobremanera mi trabajo.

A mi madre, gracias má por estar todo el tiempo a mi lado, aún ahora percibo como me abrazas cuando me siento triste o feliz, me enseñaste a nunca rendirme y que no importa las circunstancias, debo luchar por lo que me hace feliz. Tú que con una sonrisa salías a trabajar todos los días, te agradezco por enseñarme hasta el último momento a creer en mí mismo y amar las pequeñas cosas de la vida. Me enseñaste que en el momento de discernir entre algo que tiene forma y algo que no la tiene, por supuesto, debo elegir siempre lo segundo.

A mi familia, Mary, Lau, Moi y mi papá Francisco. Gracias por todo su amor, por apoyarme en todos mis proyectos, no hubiera logrado nada de esto sin ustedes. Muchas gracias a Don Felix, una excelente persona que pese a las adversidades sigue de pie, luchón y lleno de amor como mi madre.

A mis amigos de la Facultad: Susi, Alitzel (Meche), Sergio, Jair, Itzel, Jorge, gracias por todos los días de felicidad simplona. Gracias sus sonrisas, sus palabras de aliento y consuelo que cuando más lo necesité me regalaron, todas ellas me permitieron seguir a delante. A mis amigos de toda la vida Lalo, Manuel, Sil y Rulo, por todo lo que hemos vivido juntos que estoy seguro, no ha terminado.

A mis amigos del museo UNIVERSUM, Carito, Danny, David (Ñerol), Jeru. Con ustedes viví una etapa muy bonita de mi vida, llena de experiencias y momentos que recordaré durante mucho tiempo. Con ustedes todos los días estaban nominados a ser los más reídos del mes. Gracias por escucharme hablar de mi tesis y animarme a llegar a la meta.

A ti Sally, te agradezco por estar a mi lado durante las etapas más difíciles de mi vida, por compartir tiempo juntos que estoy seguro nos convirtió en mejores personas.

A mis compañeros del inifap, les agradezco todas sus enseñanzas, sus consejos y las risas. Gracias muchachos por integrarme a un ambiente de trabajo nuevo para mí.

A mis sobrinos Moi, Issac, Flor y Jessi, que me enseñan que la vida es simple y que jugar es la mejor manera de vivirla.

Y a ti chula, la que ha creado en mí tantas y tan variadas risas que me da pereza contarlas. Te conocí y entonces, volví a ver reír al humor y nacer al amor. Gracias por darme empujoncitos en las últimas etapas de mi tesis, a darme cuenta de mis errores y pese a que no siempre los tomé en cuenta (caso congreso de ecología) valoro mucho tu opinión, como ecóloga, como colega y como una excelente persona que llegó a reverdecer muchos rincones de mi mente. Así todo junto.

ÍNDICE

RESUMEN	1
1. INTRODUCCIÓN.....	2
1.1 Factores que modifican la estructura de la comunidad de artrópodos	2
1.2 Factores que modifican la estructura de la comunidad de artrópodos asociados a una planta.....	4
1.3 Ingeniería genética y organismos genéticamente modificados (GM)	6
1.4 Algodón (<i>Gossypium hirsutum</i>) genéticamente modificado en el mundo	7
1.5 Algodón (<i>Gossypium hirsutum</i>) genéticamente modificado en México.....	11
1.6 Efecto de las plantas transgénicas sobre la comunidad de artrópodos	15
1.7 Legislación ante los organismos genéticamente modificados	18
1.8 Justificación	19
2. OBJETIVOS E HIPÓTESIS.....	21
3. MATERIALES Y MÉTODOS	22
3.1 Elección de sitios de estudio y detección de proteínas recombinantes	22
3.2 Sitios de estudio	22
3.3 Técnica de muestreo	23
3.4 Análisis estadísticos	25
4. RESULTADOS	29
4.1 Estructura de la comunidad de artrópodos entre algodón con y sin presencia de la proteína Cry1Ab/Ac y la comunidad de artrópodos del vecindario.	29
4.1.1 <i>Diversidad</i>	29
4.1.2 <i>Composición de especies</i>	31
4.2 Estructura de la comunidad de artrópodos entre sitios y temporada de colecta.....	36
4.2.1 <i>Riqueza</i>	36
4.2.2 <i>Riqueza de grupos funcionales</i>	38
4.2.3 <i>Abundancia</i>	41
4.2.4 <i>Abundancia de grupos funcionales</i>	44
5. DISCUSIÓN	48
5.1 Comunidad de artrópodos asociada a plantas de algodón con y sin la presencia de la proteína Cry1Ab/Ac.....	48

5.2	Efecto del sitio y la temporada sobre la comunidad de artrópodos	51
5.3	Comunidad de artrópodos de plantas de algodón con y sin presencia de la proteína Cry1Ab/Ac y su vecindario circundante	54
5.4	Consideraciones generales	55
6.	CONCLUSIONES.....	59
	BIBLIOGRAFÍA	60

Forma de citar: Pérez-López, F. J. 2015. Comparación de las comunidades de artrópodos asociadas a algodón silvestre (*Gossypium hirsutum*) con y sin presencia de la proteína recombinante Cry1Ab/Ac en el Istmo de Tehuantepec, Oaxaca, México. Tesis profesional. Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México. 68 pp.

RESUMEN

A 19 años de la introducción a México de algodón (*Gossypium hirsutum* L.) genéticamente modificado (GM) se han detectado proteínas recombinantes en el 50% de las poblaciones silvestres del país. Es necesario determinar el posible efecto de las proteínas recombinantes sobre la artropodofauna en los ambientes no agrícolas. Los objetivos del trabajo fueron comparar la diversidad y composición de las comunidades de artrópodos en *G. hirsutum* con y sin la proteína Cry1Ab/Ac, así como evaluar la riqueza y abundancia de artrópodos en dos sitios (Chivela y Morro Ayuta) con y sin proteínas recombinantes, además de comparar los mismos rasgos en los grupos funcionales (fitófagos, predadores, polinívoros y nectarívoros). Se realizaron muestreos con redes entomológicas de golpeo durante un año en parcelas de 14 m² con *G. hirsutum* silvestre con y sin presencia de la proteína recombinante, así como en parcelas circundantes del mismo tamaño en las que las plantas de algodón estaban ausentes (vecindarios). La diversidad y composición de artrópodos fue distinta cuando la proteína Cry1Ab/Ac estuvo presente. La comunidad de artrópodos de algodón sin la proteína recombinante presentó mayor similitud en composición y abundancia, con los vecindarios de ambos sitios a diferencia del algodón con la proteína Cry1Ab/Ac. Se encontró menor riqueza, abundancia y diversidad de artrópodos en el sitio Chivela. Por otro lado, en Morro Ayuta se registró la mayor riqueza y abundancia de herbívoros y predadores durante verano y otoño. Nuestros resultados sugieren que la introgresión en algodón silvestre modifica la estructura de la comunidad de los artrópodos. Esto podría deberse a efectos sobre grupos de artrópodos de manera diferencial, cambios en los recursos ofrecidos por las plantas y afectaciones a las cadenas alimenticias. En este sentido, la presencia de proteínas recombinantes con función insecticida en poblaciones silvestres de algodón se une a los factores que afectan a las comunidades de artrópodos asociadas al algodón silvestre.

1. INTRODUCCIÓN

1.1 Factores que modifican la estructura de la comunidad de artrópodos

Los artrópodos son organismos clave en los ecosistemas debido a las diversas funciones que desempeñan, entre las cuales destacan la polinización y su intervención en la dispersión de semillas; la descomposición de materia orgánica y su contribución en el ciclo de los nutrientes del ecosistema; y su función como herbívoros y predadores, por lo que confieren estabilidad a las cadenas tróficas y contribuyen al control de plagas (Price *et al.*, 2011). Asimismo son indicadores de la calidad de cuerpos de agua y proveen servicios culturales y de recreación para la humanidad (Samways, 2007; Prather *et al.*, 2013). Los insectos y otros invertebrados colaboran en el mantenimiento de los ecosistemas y participan en los procesos de intercambio de materia, energía e información de los mismos (Begon *et al.*, 2009).

Tal es la importancia ecológica de los insectos que se han realizado estimaciones sobre el costo de llevar a cabo estos servicios ecosistémicos sin la presencia de los mismos. El resultado es la inversión de al menos 57 mil millones de dólares al año para satisfacer la demanda actual de estos servicios sólo en los Estados Unidos (\$0.38 mil millones de dólares destinados a la descomposición de materia orgánica, \$3.08 mil millones de dólares para la polinización de las plantas, \$4.49 mil millones de dólares para el control de las plagas y \$49.96 mil millones de dólares para servicios culturales y de recreación) (Losey y Vaughan, 2006).

Debido a estas importantes funciones ecológicas que desempeñan los artrópodos en los ecosistemas, la evaluación de los factores que modifican la estructura de sus comunidades ha cobrado gran importancia en los estudios ecológicos actuales, principalmente en términos de biodiversidad y conservación (Nair, 2007). La estructura de la comunidad de artrópodos puede ser modificada por factores asociados con (1) el tamaño y estabilidad del hábitat, (2) los disturbios y la fragmentación de su ambiente, (3)

los recursos disponibles, y (4) las interacciones bióticas que mantienen (Begon *et al.*, 2009; Schowalter, 2011).

El tamaño del hábitat y los recursos presentes determinan el número de especies capaces de establecerse y colonizar dicho hábitat. Es decir, se predice un incremento en el número de especies conforme aumenta el área del sistema y la abundancia de los recursos disponibles (Schowalter, 2011). Para el caso de los artrópodos, las plantas huésped con un mayor volumen son capaces de soportar una comunidad de artrópodos más diversa, abundante y compleja debido a que posee un mayor número de microambientes que podrán ser ocupados por especies con aprovechamiento de recursos distintos (Soul y Simberloff, 1986).

Por otro lado, la diversidad de cada nivel trófico es afectada por la cantidad de recursos disponibles (Schowalter, 2011). Al aumentar la cantidad de recursos la competencia se hace más débil entre las especies con requerimientos similares, además se facilita la colonización de nuevas especies que explotan de manera diferencial los recursos disponibles. Por tanto, la disponibilidad de recursos está relacionada positivamente con el aumento en la riqueza de especies que alberga el sistema (Begon *et al.*, 2009).

Por otro lado, la composición de especies que forman a la comunidad de artrópodos puede tener efectos directos e indirectos sobre la estructura de la misma (Schoonhoven *et al.*, 2005; Schowalter, 2011). Debido a que cada interacción puede modificar otras dentro de la comunidad, por lo que no son procesos aislados, sino representan un conjunto relaciones multitróficas (interacciones inmersas en varios niveles tróficos) capaces de modificar la estructura de la comunidad (Schoonhoven *et al.*, 2005).

Los predadores son considerados como especies clave en los sistemas biológicos ya que pueden preferir a las presas abundantes debido a que implican un menor gasto de energía para ir en su búsqueda (Scheirs *et al.*, 2002). De esta manera, los predadores contribuyen a reducir la competencia entre las presas, lo cual mantiene un mayor número

de especies, pues algunas de ellas no coexistirían en ausencia del depredador (Begon *et al.*, 2009). Asimismo, los herbívoros son considerados como especies clave debido a la elección selectiva de su planta huésped (que generalmente son las plantas dominantes), lo que se traduce en la reducción en la competencia y facilita la permanencia de otras especies vegetales no anfitrionas y menos abundantes en la comunidad (Nair, 2007).

En los análisis ecológicos de las comunidades, los principales parámetros para describir, cuantificar y comparar la estructura de la comunidad de artrópodos son los índices de diversidad de especies, la red trófica de interacciones bióticas y la organización de los grupos funcionales (Schoonhoven *et al.*, 2005).

1.2 Factores que modifican la estructura de la comunidad de artrópodos asociados a una planta

El ensamblaje de la comunidad es el conjunto de poblaciones de especies diferentes que coexisten en espacio y en tiempo, que pueden o no interactuar entre sí (Schoonhoven *et al.*, 2005). Los artrópodos tienen una relación muy estrecha con su planta hospedera debido a que obtienen diversos beneficios de ésta, como alimento, sitios para encuentros con la pareja, interacciones mutualistas y refugios contra predadores o condiciones adversas (Schoonhoven *et al.*, 2005).

Por lo tanto el tamaño de la planta, la estabilidad del hábitat, la cantidad y disponibilidad de recursos (la fenología, la morfología, la arquitectural y los metabolitos secundarios), los disturbios, la fragmentación de su ambiente y las interacciones bióticas que mantienen, determinan el ensamblaje de la comunidad de los artrópodos asociada a la planta hospedera (Schowalter, 2011).

La fenología en la floración y fructificación de la planta huésped puede contribuir a determinar la estructura, composición y diversidad de la comunidad de artrópodos que en ella coexisten, ya que este aumento de recursos disponibles puede permitir el aumento de la herbivoría así como la colonización de nuevos organismos que presenten

aprovechamientos diferenciales en los recursos que se encuentran disponibles (Schowalter, 2011).

La *arquitectura vegetal* es un término que se aplica a la talla y la forma del crecimiento de la planta, e incluye atributos como el espacio entre el dosel, la forma de los tallos, brotes y hojas; los ángulos de ramificación, la pubescencia y la textura de la superficie vegetal (Schowalter, 2011). Las plantas con mayor heterogeneidad morfológica y distribución de sus partes vegetales, brindan una mayor variedad de microhábitats que permiten el establecimiento de más especies de artrópodos con requerimientos contrastantes (Schoonhoven *et al.*, 2005).

Por otro lado, los productos químicos sintetizados por las plantas pueden intoxicar, matar o retardar el desarrollo de los insectos herbívoros, sin embargo el efecto dependerá de la combinación específica metabolito-herbívoro (Schoonhoven *et al.*, 2005). La herbivoría induce cambios en la emisión de volátiles de las plantas que pueden atraer a los predadores naturales de los herbívoros facilitando su detección y aumentando su vulnerabilidad (Turlings, 1995). No obstante, los compuestos volátiles emitidos por las plantas a su vez pueden atraer a más herbívoros, debido a que las plantas con algún tipo de daño foliar tienen una tasa de emisión de volátiles mayor que aquellas plantas sin herbívoros. Por ejemplo, la polilla *Trichoplusia ni* (Hubner) es atraída por los compuestos volátiles emitidos por la planta de la col como resultado de la infestación de orugas conoespecíficas, pero una vez que la polilla llega a la planta ésta oviposita no sólo en el organismo infestado, sino en las plantas de col circundantes.

Por ello, cambios en la bioquímica de la planta pueden tener efectos amplios sobre la composición de la artropodofauna, al atraer a una mayor diversidad de artrópodos (Thaler, 2002). Otro estudio comprobó que la diferencia en la composición de aceites que presentan las hojas de dos especies de eucaliptos (*Eucalyptus amigdalina* y *E. risdonii*) y sus híbridos, tiene repercusiones negativas en la riqueza de la comunidad de artrópodos asociada (Dungey *et al.*, 2000).

1.3 Ingeniería genética y organismos genéticamente modificados (GM)

La ingeniería genética es el conjunto de técnicas utilizadas con el fin de modificar alguna o algunas características del código genético (Zaid *et al.*, 1999). Estos cambios pueden consistir en retirar, modificar, o agregar genes al DNA de un organismo. Al realizar dichos cambios la ingeniería genética consigue alterar el tipo o cantidad de proteínas producidas por un organismo, de tal modo que es posible que éste elabore sustancias nuevas o bien desempeñe funciones distintas (Stewart, 2012). Cuando los organismos han adquirido una combinación o modificación genética novedosa por técnicas de la ingeniería genética, entonces se le considera un organismo genéticamente modificado (OGM) (Zaid *et al.*, 1999).

Una clasificación de los OGM se realiza con base en el sector beneficiado con la tecnología y se les conoce por pertenecer a distintas generaciones (Burton *et al.*, 2001). La primera generación de OGM (que data de 1994) agrupó a aquellos cuyas modificaciones genéticas fueron destinadas a proporcionar a las plantas características agronómicas deseadas (tolerancia a enfermedades y herbicidas, resistencia a insectos y virus, retraso en la maduración de órganos vegetales, entre otras) con el objetivo de beneficiar al productor a través de un bajo costo de producción empleando una menor cantidad de agroquímicos, simplificando así sus labores (Burton *et al.*, 2001). La segunda generación de OGM la constituyeron aquéllos que fueron mejorados genéticamente en virtud de producir un cambio nutricional en los organismos (alto valor nutrimental) con el fin de beneficiar a los consumidores (Burton *et al.*, 2001). Los OGM de tercera generación por su parte, son aquellos empleados en la investigación y que se encuentran en las primeras etapas de desarrollo, encaminados a ser aprovechados por la industria para producir plásticos, farmacéuticos o textiles (Burton *et al.*, 2001).

Los cultivos con OGM han acumulado una superficie cultivada de 1,784.9 millones de ha desde 1996 a 2014 en todo el mundo, cuyos principales productos son la soya (82%), el algodón (68%), el maíz (30%) y la canola (25%) (James 2013). Sólo en el año 2014 aproximadamente 27 países han sembrado más de 181.5 millones hectáreas con cultivos

genéticamente modificados (GM); los países que encabezan la lista son: Estados Unidos (73.1 millones de ha, 41%), Brasil (42.2 millones de ha, 24%), Argentina (24.3 millones de ha, 14%), India (11.6 millones de ha, 6%) y Canadá (11.6 millones de ha, 6%). México ocupa la posición 16^{ta} entre los países con mayor superficie con cultivos GM (0.2 millones de ha, <1% mundial) (James, 2013). Los principales cultivos GM en México de acuerdo a la extensión de los campos sembrados son el algodón y la soya (James, 2013).

1.4 Algodón (*Gossypium hirsutum*) genéticamente modificado en el mundo

El algodón es la primera fuente de fibra natural comercial y la segunda de aceite vegetal en el mundo; ocupa el sexto lugar mundial en superficie cultivada, mientras que el algodón GM se encuentra en el tercer lugar de los cultivos biotecnológicos más sembrados en el mundo (14 %), sólo después del maíz (30 %) y la soya (50%); asimismo, el algodón GM es el cultivo en el que se asignan más insumos agrícolas y el único que no se produce con fines alimentarios (Stewart *et al.*, 2010). La comercialización extensiva del algodón GM tuvo su origen en Estados Unidos y Australia (Purcell *et al.*, 2010). El 43% (15 millones de ha) del algodón mundial ha sido modificado a través de ingeniería genética, cuyos principales productores son India y Estados Unidos; sin embargo otros países que han incorporado la siembra de algodón GM en su territorio son China, Paquistán, Brasil, Argentina, Colombia, Australia, Costa Rica y México. La producción con fines de comercialización de algodón GM comenzó en 1996, liberando estos cultivos en ambientes abiertos (Sanchis y Bourguet, 2008). En el mundo se han realizado 49 eventos de liberación de algodón GM en 22 países, cuyo principal objetivo fue la resistencia a plagas de insectos y hongos, la tolerancia a herbicidas, la adaptación a condiciones climáticas locales, la modificación del contenido de aceites, almidones y ácidos grasos, así como la optimización del tamaño y longitud de las fibras del algodón (CERA, 2011). Los principales eventos de liberación de algodón GM se muestran en el Cuadro 1.1.

Cuadro 1.1. Eventos de liberación de algodón genéticamente modificado en el mundo. Modificado de Benítez (2014).

Evento	Compañía	Genes insertos	Característica conferida	Liberación en México
MON531/75 7/10/76	Monsanto Company	Gen <i>Cry1Ac</i> . Gen <i>nptII</i> que le confiere resistencia a kanamicina y gen <i>aad</i> como agente de selección	Resistencia a <i>H. virescens</i> , <i>Pectinophora gossypiella</i> y <i>Helicoverpa zea</i>	1997
MON15985	Monsanto Company	Genes <i>Cry1Ac</i> y <i>Cry2Ab2</i> . Genes <i>add</i> , <i>nptII</i> y <i>uidA</i> como marcadores de selección	Resistencia a <i>H. virescens</i> , <i>Pe. gossypiella</i> , <i>H. zea</i> y <i>Spodoptera exigua</i>	2003
281-24-236	DOW AgroSciences LLC	Gen <i>Cry1F</i> . Gen <i>PAT</i> como marcador de selección	Resistencia a <i>H. virescens</i> , <i>S. exigua</i> y <i>Ps. Includes</i>	2004
DAS-21023-5 × DAS- 24236-5	DOW AgroSciences LLC	Genes <i>CryaF</i> y <i>Cry1Ac</i> . Gen <i>PAT</i> como marcador de selección	Resistencia a <i>H. virescens</i> , <i>S. exigua</i> , <i>Ps. includens</i> , <i>H. zea</i> y <i>Pe. Gossypiella</i>	2004
COT102	Syngenta Seeds, Inc	Gen <i>vip3A(a)</i> . Gen <i>APH4</i> como marcador de selección	Resistencia a <i>H. zea</i> , <i>H. virescens</i> , <i>Pe. gossypiella</i> , <i>S. exigua</i> , <i>S. frugiperda</i> , <i>Ps. includens</i> , <i>T. ni</i> y <i>Bucculatrix thurberiella</i>	2010
MON-00531- 9-6 × MON- 01445-2	Monsanto Company	<i>CP4-EPSPS</i> y <i>Cry1Ac</i>	Resistencia a <i>H. virescens</i> , <i>Pe. gossypiella</i> , <i>H. zea</i> y <i>S. exigua</i> . Además de tolerancia al glifosfato	2002
DAS-21023-5 × DAS- 24236-5 × MON- 011445-2	DOW AgroSciences LLC	Genes <i>Cry1F</i> , <i>Cry1Ac</i> y <i>CP4-EPSPS</i> . Genes <i>PAT</i> , <i>add</i> y <i>nptII</i> como marcadores de acción	Resistencia a <i>H. virescens</i> , <i>Pe. gossypiella</i> , <i>H. zea</i> . Además de tolerancia al glifosfato	2005

Cuadro 1.1. (Continúa).

Evento	Compañía	Genes insertos	Característica conferida	Liberación en México
DAS-21023-5 a DAS-24236-5 × MON88913	DOW AgroSciences LLC y Pioneer Hi-Bred Internationak Inc	Genes <i>Cry1F</i> , <i>Cry1Ac</i> y <i>CP4-EPSPS</i> . Gen <i>PAT</i> como marcador de selección	Resistencia a <i>H. virescens</i> , <i>Pe. gossypiella</i> , <i>H. zea</i> . Tolerancia a glifosfato	2006
MON15985 × MON88913	Monsanto Company	<i>CPA-EPSPS</i> , <i>Cry1Ac</i> y <i>Cry2Ab</i> . Genes <i>add</i> , <i>nptII</i> y <i>uidA</i> como marcadores de selección	Resistencia a <i>H. virescens</i> , <i>Pe. gossypiella</i> , <i>H. zea</i> y <i>S. exigua</i> . Tolerancia al glifosfato	2006
MON 15985 × MON01445-2	Monsanto Company	<i>CP4-EPSPS</i> , <i>Cry1Ac</i> y <i>Cy2Ab</i> . Genes <i>add</i> , <i>nptII</i> y <i>uidA</i> como marcadores de selección	Resistencia a <i>H. virescens</i> , <i>Pe. gossypiella</i> , <i>H. zea</i> y <i>S. exigua</i> . Tolerancia a glifosfato	2006
LLCotton25 × MON15985	Bayer CropScience (Aventis CropSciencie (AgrEvo))	Genes <i>Cry1Ac</i> y <i>Cry2Ab</i> . Gen <i>bar</i> y <i>PAT</i> como marcadores de selección	Resistencia a <i>H. virescens</i> , <i>Pe. gossypiella</i> , <i>H. zea</i> . Resistencia al glufosinato	2008
BXN	Calgene Inc	Gen <i>bxn</i> para codificar nitrilasa proveniente de <i>Klebsiella pneumoniae</i> . Gen <i>nptII</i> y terminador nopalina sintasa (<i>nos</i>)	Tolerante a herbicidas bromoxinil, que atacan a las dicotiledóneas	1996
LLCotton25	Bayer CropSciencie (Aventis CropSciencie(Agr Evo))	Gen <i>bar</i> (<i>phosphinothricin N-acetyltransferase</i>), proveniente de <i>S. hygrosopicus</i>	Resistencia a herbicida compuestos con el amonio glufosinato	2006
MON88913	Monsanto Company	Dos genes <i>CP4 EPSPS</i> provenientes de la bacteria <i>Agrobacterium tumefaciens</i>	Tolerancia a glifosfato	2006
GHN614	Bayer CroSciencie USA LP	Gen <i>EPSPS</i> (5- <i>enolpyruvyl shikimate-3-fosfato sintasa</i>)	Tolerancia a glifosfato	2008

Cuadro 1.1. (Continúa).

Evento	Compañía	Genes insertos	Característica conferida	Liberación en México
19-15-A	DuPont Canada Agricultural Products	Gen <i>als</i> , <i>acetolactato sintasa</i>	Resistencia y tolerancia a los herbicidas sulfonilureas	No
31807/ 31808	Calgene Inc	Gen <i>Cry1Ac</i> de la cepa <i>B. thuringensis</i> subsp. <i>kurstaki</i> (<i>Btk</i>); gen <i>bxn</i> y <i>nptII</i>	Resistencia a insectos y tolerancia a herbicidas bromixinil	No
COT67B	Syngenta Seeds, Inc	Gen <i>Cry1Ab</i> de <i>B. thuringensis</i> y el gen <i>aph 4</i> como marcador de selección	Resistencia a insectos	No
Event-1	JK Agri Genetics Ltd (India)	Gen <i>Cry1Ac</i> proveniente de <i>B. thuringensis</i> subsp. <i>kurstaki</i> ; gen <i>nptII</i> como agente de selección y gen terminador <i>nos</i>	Resistencia a <i>H. armígera</i> , <i>Pe. gossypiella</i> y <i>E. vittella</i> .	No

En el caso particular de la proteína recombinante *Cry1Ab/Ac* de *Bacillus thuringiensis* en *G. hirsutum*, el objetivo de la inserción y expresión de dicha proteína recombinante fue el control biológico de las larvas de *Spodoptera exigua* (Lepidoptera: Noctuidae) y *Helicoverpa armigera* (Wu *et al.*, 2009). Estos organismos considerados como plagas fueron antiguamente controlados con la aspersion de esta misma proteína, lo cual conlleva la implementación de mayor cantidad de pesticidas debido a la presencia de una elevada tasa de evaporación, provocando así la pérdida del tratamiento en las plantas; al mismo tiempo su uso implica altos costos ecológicos acompañados de una gran deterioro ambiental (Parimi *et al.*, 2010).

De las cuatro variedades domesticadas de algodón en el mundo, *G. hirsutum* ocupa el 95% de la producción actual y la mayoría de sus poblaciones silvestres se distribuyen y habitan en México (Wegier, 2013).

1.5 Algodón (*Gossypium hirsutum*) genéticamente modificado en México

La siembra de cultivos GM en México comenzó en 1988 en el estado de Sinaloa, con la siembra de tomate *Bt*, posteriormente, en 1996 con la publicación de la NOM-056-FITO-1995 comenzaron las siembras experimentales de algodón GM (Serratos, 2009), y entre 2009 al 2013 se otorgaron 146 permisos para siembra experimental de 121.6 ha de maíz transgénico en los estados de Sinaloa, Sonora, Chihuahua, Coahuila, Nuevo León, Tamaulipas, Durango y Nayarit.

La siembra de algodón GM, comenzó en el norte del país, siendo los estados pioneros Sonora, Coahuila, Sinaloa y Chihuahua (SENASICA, 2013). Desde la introducción de cultivos de algodón GM en 1996 y hasta el 2011, la superficie sembrada creció de manera exponencial, tal como se aprecia en la figura 1; desde su implementación se han registrado 17 eventos de liberación de algodón GM en México (CERA, 2011).

De acuerdo con Wegier *et al.* (2011) se han caracterizado ocho metapoblaciones distintas de algodón silvestre en México: (1) metapoblación Baja California Sur (sur de Baja California Sur, BC); (2) metapoblación Pacífico Norte (centro y sur de Sinaloa y norte de Nayarit, PN); (3) metapoblación Golfo Norte (norte de Veracruz, al este de San Luis Potosí y sur de Tamaulipas, GN); (4) metapoblación Bahía de Banderas (suroeste de Nayarit y noroeste de Jalisco, Bb); (5) metapoblación Golfo Sur (centro y sureste de Veracruz, GS); (6) metapoblación Pacífico Sur (sureste de Guerrero, línea costera de Oaxaca, centro oeste, centro y sur de Chiapas, PS); (7) metapoblación Pacífico Centro (línea costera del centro y sur de Jalisco, Colima, Michoacán, Noroeste y centro de Guerrero, PC) y (8) metapoblación Península de Yucatán (Quintana Roo, Yucatán, Campeche, noreste y este de Tabasco, PY) (Wegier *et al.*, 2011) (Figura 2).

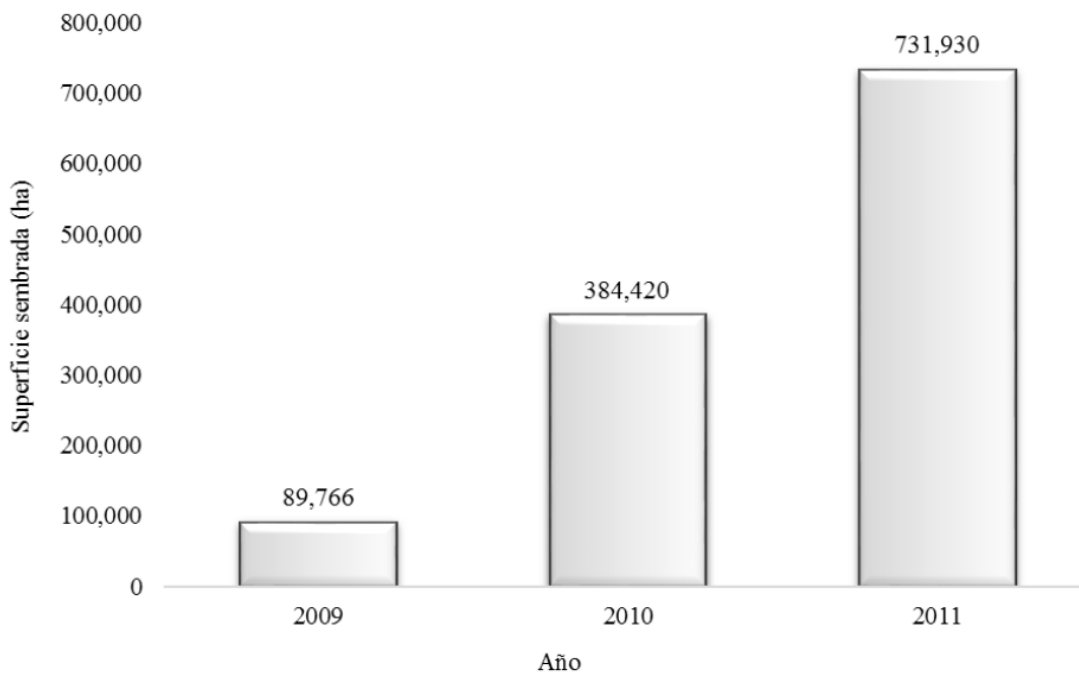


Figura 1. Incremento en la superficie de campos sembrados con algodón GM en México de 2009 a 2011 (SENASICA, 2013).

Desde la introducción de algodón GM en 1996 que expresa proteínas insecticidas *Cry* derivadas de *B. thuringiensis*, éste se ha convertido en un componente importante en el manejo integral de plagas en las principales regiones productoras de algodón en el mundo (Hagenbucher *et al.*, 2013). A partir del mismo año se han liberado al medio ambiente plantas de algodón GM en 14 países (incluido México, principalmente en la zona norte del país). El algodón GM liberado en México cumple con tres objetivos principales: a) la resistencia al ataque de lepidópteros (*Cry1Ab/Ac*, *Cry2Ac*, *Cry1F* y *vip3A*); b) la tolerancia a herbicidas (CP4-EPSPS) y c) la resistencia a antibióticos (PAT / Bar, *nptII* y *aph4*) (Traxler y Godoy-Ávila, 2004; CERA, 2011).

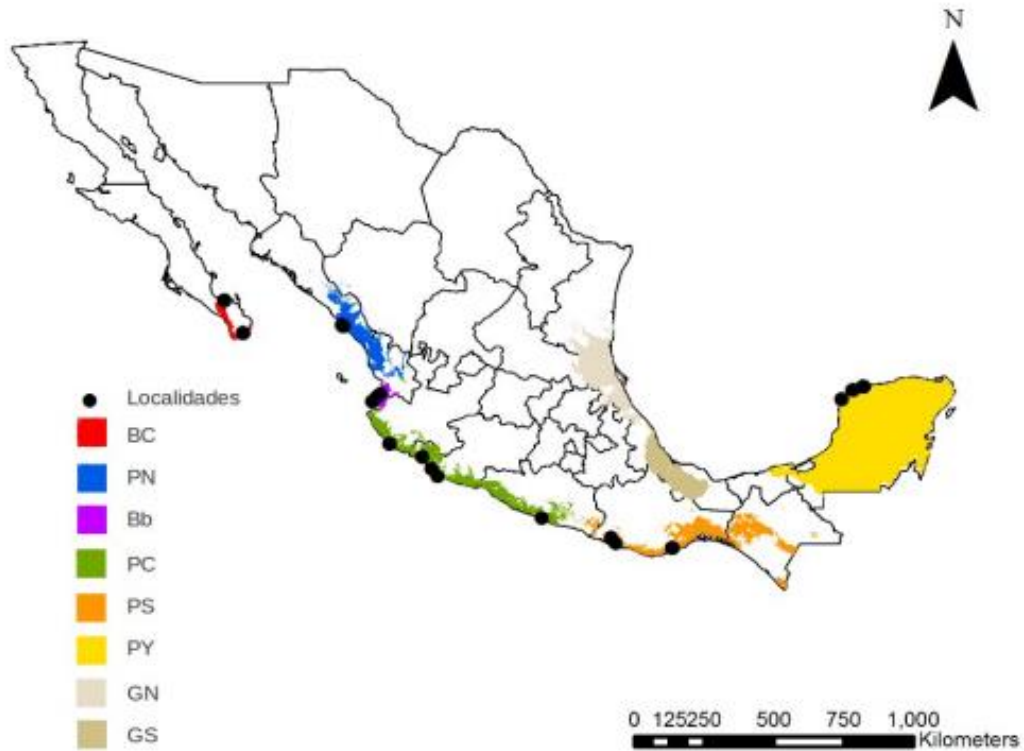


Figura 2. Metapoblaciones de algodón silvestre en México (Modificado de Uscanga, 2013). Baja California Sur (BC); Pacífico Norte (PN); Golfo Norte (GN); Bahía de Banderas (Bb); Golfo Sur (GS); Pacífico Sur (PS); Pacífico Centro (PC) y Península de Yucatán (PY).

México, además de ser centro de origen y diversidad genética del algodón (Brubaker y Wendel, 1994), es donde se encuentra la mayor cantidad de poblaciones silvestres y es también donde se cultivan plantas GM de la especie. Desde la aprobación de las concesiones para la siembra de algodón GM en México (1996), éstas se restringieron en el norte del país, donde la superficie de siembra de algodón GM ascendía a 172,000 ha hasta el 2009 (SAGARPA, 2010). Sin embargo, a 19 años de la introducción de variedades de algodón GM, se ha detectado la introgresión de transgenes en la mitad de las poblaciones de algodón silvestre (MPN, MPS, MGN y MGS) en México (Wegier, 2013). La detección de transgenes se realizó por medio de pruebas de ELISA, método que permite determinar la presencia de proteínas específicas. La metapoblación del pacífico sur en la localidad de Santiago Chivela es uno de los sitios donde se reporta la introgresión

de la proteína recombinante Cry 1Ab/1Ac, mientras que en la localidad continua de Morro Ayuta (a 150 km de distancia) no se registró la presencia de la proteína recombinante Cry 1Ab/1Ac (Figura 3) (Wegier *et al.*, 2011).

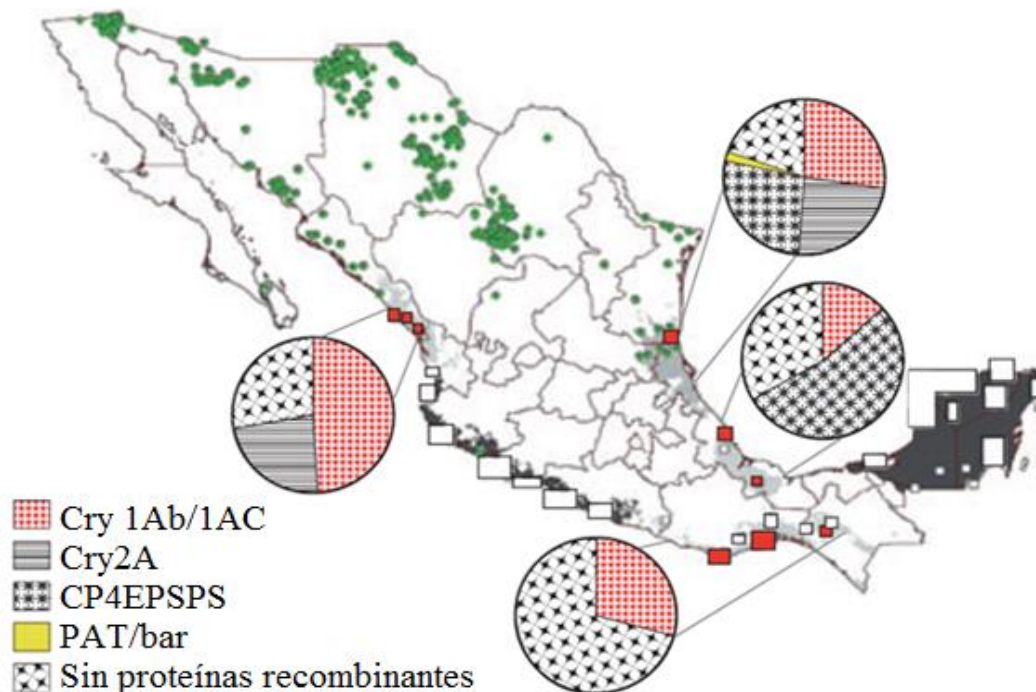


Figura 3. Concesiones de siembra de algodón GM y poblaciones de algodón silvestre con y sin proteínas recombinantes en México. Los círculos verdes representan los cultivos de algodón GM; en gris oscuro se representan las poblaciones silvestres sin presencia de proteínas recombinantes (*i.e.*, No GM); en gris claro están las poblaciones silvestres con presencia de proteínas recombinantes (*i.e.*, GM). Las poblaciones silvestres de algodón con presencia de transgenes son los cuadros rojos, mientras que poblaciones sin presencia de transgenes por cuadros blancos. Los gráficos circulares muestran la aportación de cada proteína recombinante para la población con presencia de transgénicos. Tomado de Wegier *et al.* (2011).

Son diversas las razones por las que se presenta introgresión en plantas silvestres de algodón en centros de origen y diversidad. Entre ellas se puede mencionar, el flujo génico de las plantas a larga distancia, este intercambio génico es favorecido no sólo por factores biológicos y ambientales, como la dispersión de semillas por aves, viento, agua dulce o salada, sino también por la intervención humana y la dinámica agrícola (Dyer *et al.*, 2009). Debido a la falta de protocolos que determinen la viabilidad de la semilla una

vez que ha sido separada de la fibra de algodón GM, algunas semillas pueden ser dispersadas accidentalmente, ya que éstas son aprovechadas como alimento para animales de granja, por lo que son transportadas del norte al centro y sur de país (Wegier, 2013).

Se ha propuesto como mecanismo de flujo de transgenes una migración primaria de semillas y a un evento secundario de polinización cruzada (Wegier, 2013). De tal forma que sólo en los casos en donde la distancia es muy corta se espera la polinización cruzada entre cultivos transgénicos y variedades silvestres, sin embargo se requieren más investigaciones para confirmar estas aseveraciones.

1.6 Efecto de las plantas transgénicas sobre la comunidad de artrópodos

Uno de los principales problemas que se presenta con la introducción de OGM al ambiente, son los posibles efectos que las proteínas recombinantes tienen sobre los organismos que no son objeto directo de la tecnología (organismo no blanco), pero que se encuentran presentes en la comunidad y tienen probabilidad de interactuar con las proteínas recombinantes.

Como se ha mencionado, las características de cada planta pueden afectar sus interacciones con otros organismos, la dinámica poblacional y la composición de especies dentro de las comunidades. Sin embargo, se debe de considerar que estas características individuales se determinan por interacciones a nivel celular y genético (Schowalter, 2011). Uno de los principales retos de la investigación de los sistemas ecológicos en el campo de la genómica (y principalmente respecto al uso de OGM), es comprender el efecto de la expresión de los genes de un fenotipo a los siguientes niveles de organización; es decir, el papel de los genes en las interacciones bióticas y los procesos comunitarios en los que están involucrados (Schoonhoven *et al.*, 2005).

Actualmente el desarrollo de resistencia a las proteínas *Bt* por parte de las plagas es el principal problema relacionado con los OGM (Tabashnik *et al.*, 2013). Sin embargo

otras problemáticas relacionadas son la pérdida de diversidad de especies y la disminución de la abundancia relativa de cada una de ellas (Lang y Bühler, 2012). En los últimos años se han llevado a cabo investigaciones cuyos objetivos fueron probar los efectos de la introducción de OGM al ambiente en distintos niveles de organización ecológica. A continuación se mencionan algunos de estos estudios.

Uno de los principales factores de riesgo cuando una planta transgénica es liberada en el ambiente es la dispersión del polen. Este polen puede tener uno o varios vectores de dispersión de acuerdo al tipo de planta que se trate. Cuando el polen transgénico se deposita en las plantas silvestres circundantes al cultivo transgénico de referencia, algunos organismos como las larvas de mariposas han sido afectados por el consumo de éste. Losey *et al.* (1999) demostraron mediante trabajos experimentales en laboratorio que las larvas de *Danaus plexippus* que consumieron polen de maíz *Bt* tuvieron una tasa de crecimiento menor y una mortalidad mayor con respecto a las larvas que fueron alimentadas con polen de maíz convencional. Este estudio demuestra la baja especificidad de la tecnología ya que la mariposa monarca *D. plexippus* no es el objeto de la tecnología recombinante. En consecuencia, pueden ocurrir efectos adversos sobre la diversidad de la comunidad de artrópodos, difícil de observar, predecir y medir.

Un ejemplo más de que la genética de las plantas hospederas puede modificar la estructura de la comunidad de artrópodos asociadas, es el estudio realizado por Wimp *et al.* (2005), en el que compararon las diferencias genotípicas en álamos (*Populus spp.*) y su efecto en la abundancia, diversidad y composición de la comunidad de artrópodos a lo largo de dos años. No encontraron diferencias significativas en la riqueza y abundancia de los artrópodos; sin embargo, la composición de la comunidad fue significativamente diferente en todos los álamos con genoma distinto. Estos resultados sugieren que la comunidad de artrópodos responde a las diferencias genéticas entre los árboles huésped.

En este sentido, manipular la estructura del genoma de la planta puede tener efectos sobre la comunidad de artrópodos (Wimp *et al.*, 2005). En un estudio realizado a nivel de comunidad, Whitehouse *et al.* (2005) compararon la estructura de la comunidad

de artrópodos del follaje de algodón transgénico y silvestre, y encontraron que la riqueza y la abundancia tuvieron valores ligeros pero significativamente mayores en cultivos silvestres a través del tiempo; asimismo, cambió ligeramente la composición.

No obstante, otros estudios muestran resultados contradictorios, ya que al comparar las comunidades de artrópodos asociadas a plantas de algodón y arroz silvestre y GM, no se encontraron diferencias significativas en la abundancia, riqueza, y diversidad de artrópodos (Sisterson *et al.*, 2004; Head *et al.*, 2005; Li *et al.*, 2007). Al analizar el efecto de los OGM sobre los grupos funcionales de la comunidad de artrópodos, Pilcher *et al.* (2005) no encuentran diferencias significativas en la abundancia de predadores, sin embargo la comunidad de parasitoides presenta significativamente mayor abundancia en plantas de maíz domesticado con respecto a maíz *Bt*.

En la actualidad, existen limitaciones en los estudios sobre las consecuencias ecológicas de las plantas GM a nivel poblacional y de comunidad, ya que la mayoría de estas investigaciones se han realizado en cultivos agrícolas bajo condiciones controladas (Gray y Raybould, 1994; Losey *et al.*, 1999; Watkinson *et al.*, 2000; Brooks *et al.*, 2003; Hawes *et al.*, 2003).

Tales condiciones dificultan la extrapolación de los patrones y procesos encontrados para los sistemas naturales (Miller, 2001), debido a que se encuentran bajo la interacción e influencia de una gran variedad de factores bióticos y abióticos, en consecuencia presentan una mayor complejidad, hecho que debe ser tomado en cuenta al analizar trabajos ejecutados en condiciones controladas (Whitham *et al.*, 1999).

En este sentido, son pocos los estudios que prueban el efecto de las plantas hospederas GM sobre los artrópodos no blanco, y aún más escasos los que determinan su efecto en las comunidades ecológicas en las que están inmersas en ambientes naturales. Una de esas pocas investigaciones es la realizada por Men *et al.* (2003), la cual tuvo como objetivo determinar el efecto de plantas domesticadas de algodón *Bt* que expresan la proteína Cry1Ac sobre las comunidades de artrópodos asociadas. Sus resultados indican

un aumento en la diversidad de las comunidades de artrópodos en este tipo de plantas, sin embargo se redujo la diversidad de artrópodos identificados como enemigos naturales del algodón. Los autores atribuyen estos efectos a la mortalidad de las especies blanco de la tecnología, provocando una mayor uniformidad en las comunidades de predadores naturales, reduciendo así su diversidad.

Sobre esta misma línea de investigación, Benítez (2014) evalúa la existencia de un daño por las proteínas Cry expresadas en plantas silvestres de *G. hirsutum* de la metapoblación Pacífico Sur sobre la comunidad de lepidópteros. Se encuentra que la diversidad y la equidad se vieron negativamente afectadas cuando la proteína Cry se encontraba presente. Mientras que la riqueza, la abundancia y la composición de especies no mostraron diferencias. Los efectos reportados son atribuidos a la dominancia de pocas especies en las plantas con presencia de la proteína Cry provocando que los índices de diversidad y equidad de la comunidad de lepidópteros circundante fueran afectados negativamente. De esta manera en las plantas sin presencia de Cry, la comunidad de lepidópteros circundante fue más homogénea y por lo tanto son comunidades más estables (Begon *et al.*, 2009). Además se toma en cuenta otros factores que podrían estar influyendo en los resultados obtenidos en esta investigación, como el cambio de uso de suelo, las diferencias en el número de habitantes entre sitios de estudios y la proporción de vegetación secundaria circundante.

1.7 Legislación ante los organismos genéticamente modificados

Debido a las aplicaciones de la ingeniería genética, durante la Cumbre de Río de 1992 se estableció en el artículo 15 del Protocolo de Cartagena, que todas las actividades que se realicen posteriores a dicha reunión deberán cumplir con el principio precautorio. Este principio señala que al no conocer con precisión todas las consecuencias de la implementación de nueva tecnología, cualquier práctica relacionada con ésta debe ejecutarse con la máxima precaución (SCDB, 2000).

Sin embargo, la necesidad de desarrollar nuevas herramientas y estrategias para hacer frente a las nuevas tecnologías, donde el principio precautorio ya no es suficiente al momento de aplicar dichas tecnologías, llevó a acuñar en el protocolo de Cartagena y recientemente en el protocolo de Nagoya, el término de bioseguridad, el cual engloba a “todas aquellas acciones y medidas de evaluación, monitoreo, control y prevención que se deben asumir en la realización de actividades con OGM, con el objeto de prevenir, evitar o reducir los posibles riesgos que dichas actividades pudieran ocasionar a la salud humana o al medio ambiente y la diversidad biológica” (Protocolo de Nagoya, 2011). Siguiendo esta línea en México se creó la Ley de Bioseguridad de los Organismos Genéticamente Modificados (LBGOGM, 2005) cuyo objetivo es regular las actividades relacionadas con éstos, de tal forma que los riesgos para la salud humana y ambiental se puedan minimizar (SAGARPA, 2010).

1.8 Justificación

Debido a que los artrópodos tienen ciclos de vida cortos, son organismos muy sensibles a las perturbaciones de su medio ambiente y además tienen una rápida tasa de adaptación y evolución (Price *et al.*, 2011) pueden ser considerados indicadores óptimos para evaluar y comparar la salud de las comunidades y ecosistemas a los que pertenecen (Losey y Vaughan, 2006).

En los análisis de riesgo generalmente se han considerado los efectos ambientales en el área de liberación de GM, sin embargo en los países que son centro de origen y diversidad de los cultivos como es el caso de México, se pronostican efectos adversos en el área de distribución de los parientes silvestres, muchos de ellos sobre organismos no blanco de la tecnología. Desde el 2011 fueron publicados los datos de introgresión en las metapoblaciones silvestres de algodón, sin embargo aún está en el aire los mecanismos de monitoreo y mitigación de los posibles efectos adversos de dicha introgresión génica.

Este estudio que pretende, analizar la metodología y las posibles consecuencias ecológicas de la introgresión de transgenes en parientes silvestres de algodón considerando a toda la comunidad de artrópodos asociada. En este sentido, realizar estudios a corto plazo para vislumbrar los efectos adversos de la introgresión de transgenes en plantas silvestres (es decir, plantas no domesticadas que no han sufrido procesos de mejoramiento o selección artificial de una o varias características morfológicas o fisiológicas de interés comercial), contribuirán a comprender las posibles consecuencias ecológicas de la introgresión genética en las comunidades y ecosistemas.

2. OBJETIVOS E HIPÓTESIS

El objetivo general de este trabajo es comparar la estructura de la comunidad de artrópodos asociada a plantas de algodón silvestre (*G. hirsutum*) con y sin presencia de la proteína recombinante Cry1Ab/Ac en la región del Istmo de Tehuantepec, Oaxaca.

Los objetivos particulares que se derivan del anterior son:

- a) Comparar la diversidad (H') de las comunidades de artrópodos entre tipos de hábitats (algodones con y sin la proteína Cry, y vecindarios del Morro Ayuta y Chivela), sitios y temporadas de colecta (primavera, verano, otoño e invierno).
- b) Comparar la composición de las comunidades de artrópodos entre tipos de hábitats (algodones con y sin la proteína Cry, y vecindarios del Morro Ayuta y Chivela).
- c) Comparar la riqueza y abundancia de las comunidades de artrópodos entre temporadas de colecta (primavera, verano, otoño e invierno), de dos localidades de la región del Istmo de Tehuantepec, Oaxaca.
- d) Comparar la riqueza y la abundancia de los diferentes grupos funcionales de artrópodos entre temporadas de colecta (primavera, verano, otoño e invierno) de dos localidades en la región del Istmo de Tehuantepec, Oaxaca.

De acuerdo con lo anterior se formula como hipótesis que si las plantas de *G. hirsutum* con introgresión de transgenes expresan la proteína recombinante insecticida Cry1Ab/Ac; entonces la estructura de la comunidad de artrópodos asociada será diferente a la que se encuentra presente en plantas de la misma especie que no expresan dicha proteína. Debido a que la proteína recombinante puede presentar baja especificidad y puede afectar a organismos no blanco de la tecnología (Losey *et al.*, 1999, Stephens *et al.*, 2012); facilitando así la ocupación de los nichos por nuevas especies las cuales podrían cambiar la estructura de la comunidad de artrópodos al propiciar la aparición de plagas emergentes (Price *et al.*, 2011).

3. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 Elección de sitios de estudio y detección de proteínas recombinantes

Se seleccionó la metapoblación Pacífico Sur de algodón para realizar el estudio comparativo de las comunidades de artrópodos asociados a algodón silvestre con y sin presencia de la proteína Cry1Ab, con base en los resultados obtenidos por Wegier *et al.* (2011). Los sitios de estudio (Morro Ayuta y Santiago Chivela) fueron seleccionados a través de un muestreo en la región del Istmo de Tehuantepec (Oaxaca) en 2012 en el que se detectaron las poblaciones con presencia y ausencia de la proteína recombinantes.

El material vegetal colectado fue sometido a pruebas de ELISA (*Enzyme-Linked Immunosorbent Assay*, por sus siglas en inglés) una técnica común empleada para la inmunodetección de proteínas específicas (Cry1Ab/Ac, Cry2A y Cry1F, entre otras), en la cual se utilizan enzimas unidas a un antígeno o anticuerpo que al interactuar con un sustrato específico, produce en color observable a simple vista y cuantificable mediante el uso de un espectrofotómetro. Los resultados de las pruebas de ELISA permitieron determinar la presencia de proteínas recombinantes en casi la totalidad de las plantas de algodón silvestre de la localidad de Santiago Chivela, Oaxaca. Por otro lado, no registró la presencia de proteínas recombinantes en las plantas de algodón silvestre de la localidad de Morro Ayuta, Oaxaca.

3.2 Sitios de estudio

Morro Ayuta (15° 54' 43" norte, 95° 52' 25" oeste, 40 m s.n.m.) se localiza dentro del municipio de San Pedro Huamelula (INEGI, 2008; figura 4) dentro de la metapoblación algodонера del Pacífico Sur, donde se ha descartado la presencia de proteínas recombinantes (Wegier *et al.*, 2011). Por otro lado, Santiago Chivela (16° 42' 46" norte, 94° 59' 43" oeste, 2010 m s.n.m.) se ubica al sur del Istmo de Tehuantepec en el municipio de Asunción Ixtaltepec en el Distrito de Juchitán, Oaxaca, México (INEGI, 2008; figura 4).

En esta localidad de la metapoblación Pacífico Sur del algodón, se presentan plantas de algodón silvestre con introgresión de la proteína Cry1Ab/Ac detectadas desde 2005; se desconoce cómo es que estas plantas llegaron a establecerse en este sitio (Wegier *et al.*, 2011).

El tipo de vegetación que predomina ambos sitios es selva baja caducifolia, con una temporada se secas (noviembre-mayo) y una temporada de lluvias (junio-octubre) bien definidas. Algunas de las especies representativas son *Brussera* spp., *Lysiloma divaricata* y *Ceiba parvifolia* (Rzedowski, 2006). El tipo de clima según Koppen es *Aw*, es decir presenta clima cálido con lluvias en verano. La temperatura media anual oscila entre los 20° y los 29°C; mientras que la precipitación media anual va de los 300 y 1800 mm. Los suelos mayormente representados son arenosos y arcillosos (Rzedowski, 2006).

Los sitios de estudio forman parte de la misma provincia biogeográfica (CONABIO, 2009) y ecorregión por lo que se sugiere que se encuentran bajo las mismas condiciones geográficas, climáticas y ecológicas (INEGI, 2008). A pesar de ello presentan diferencias locales en cuanto a la temperatura (3.4°C), precipitación (156 mm) y altitud (170 m s.n.m.).

3.3 Técnica de muestreo

Para comparar la comunidad de artrópodos asociados a plantas de algodón silvestre con y sin la presencia de la proteína recombinante Cry1Ab/Ac, se realizaron cuatro muestreos en cada sitio, dos durante la época de lluvias (julio y octubre de 2012) y dos en la época de sequía (febrero y mayo de 2013).

Cuadro 3.1. Comparación de las características ambientales entre sitios

Características	Morro Ayuta	Chivela
Ubicación geográfica	15°54'52"N y 95°51'58"W	16°43'38" N y 95°00'09" W
Temperatura media anual (°C)	28.2	24.8
Precipitación media anual (mm)	1,038	1,194
Tipo de Clima	Cálido subhúmedo con lluvias en verano	
	$Aw_0''(w)ig$	$Aw_1(w)(i')g$
Tipo de Suelo	Andosol	
Vegetación	Selva Baja Caducifolia	
Ecorregión	Selvas cálido secas	
Altitud (m s.n.m.)	40	210
No. de habitantes	321	697

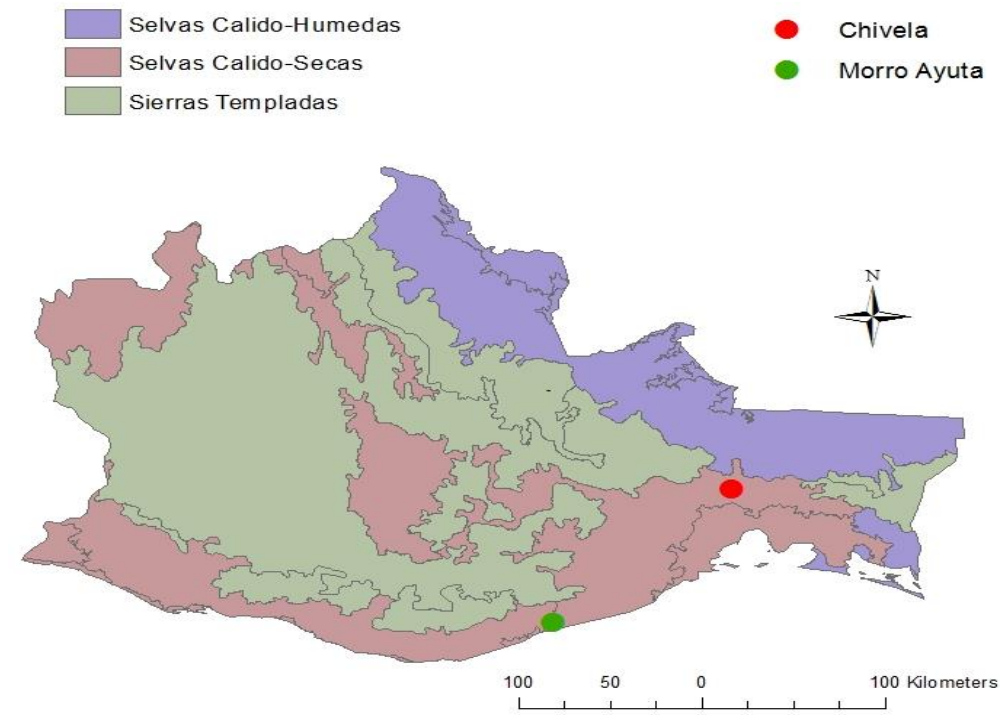


Figura 4. Ecorregiones del estado de Oaxaca y ubicación geográfica de los sitios de estudio. El sitio Morro Ayuta (punto verde) y sitio Chivela (punto rojo) se encuentran en la ecorregión de las selvas cálido-secas (Instituto Nacional de Estadística y Geografía 2008).

Para obtener a los artrópodos epífitos asociados a las plantas de algodón, en cada sitio de muestreo se delimitaron dos parcelas de 14 m², en las cuales se encontraban plantas de algodón silvestre y una parcela del mismo tamaño con vegetación herbácea pero sin la presencia de plantas de algodón. Con la finalidad de comparar la comunidad de artrópodos del vecindario en plantas diferentes a las de algodón, estas parcelas se localizaron a una distancia máxima de 20 m de las parcelas con plantas de algodón. El muestreo de artrópodos se realizó utilizando redes entomológicas de golpeo con las cuales se agitaba la vegetación de cada parcela por 30 min, dos veces al día (a las 11:00 y 16:00 h) durante dos días consecutivos.

El material biológico colectado fue preservado en frascos con alcohol al 70% para su posterior separación, identificación y análisis en el laboratorio con un microscopio de estereoscópico (Borror *et al.*, 2005). Los organismos colectados fueron separados en morfoespecies dado que es una práctica común en estudios de diversidad que no compromete la exactitud científica (Oliver y Beattie, 1996) y cuando no se dispone un especialista de todos los grupos colectados (Gaston, 1996). Por otro lado, se determinó el grupo funcional (depredador, herbívoro, nectarívoro o polinívoro) de cada morfoespecie con base en la revisión bibliográfica. Los artrópodos fueron identificados al nivel taxonómico más fino posible, con base en claves de identificación taxonómica (ej., Borror *et al.*, 2005). Por último se realizó una colección de referencia entomológica de los artrópodos preservados en alcohol al 70%.

3.4 Análisis estadísticos

Con la finalidad de comparar la diversidad de la comunidad de artrópodos entre tipos de hábitats (algodones con Cry, sin Cry, y vecindarios del Morro Ayuta y Chivela) en diferentes temporadas de colecta (primavera, verano, otoño e invierno) y entre sitios de estudio (Morro Ayuta y Chivela), se calculó el índice de Shannon-Wiener para cada caso con sus intervalos de confianza (H' , usando el logaritmo natural) (Shannon, 1948), a través del método *bootstrap* mediante el programa SPADE (*Species Prediction And Diversity*

Estimation) (Chao y Shen, 2010). Si los intervalos de confianza de la H' estimada se superponen indican que no hay diferencias significativas en la diversidad entre tipos de hábitats, sitios o temporadas de colecta (Chao y Shen, 2010).

Por otro lado, se construyó una curva de Renyi (Tóthmérész, 1995) con el fin de comparar la diversidad de las comunidades de artrópodos entre tipos de hábitat (algodón con Cry, sin Cry, y vecindarios de Morro Ayuta y Chivela). La curva de Renyi es un método que permite comparar de manera gráfica la diversidad entre comunidades a través de un conjunto de índices de diversidad (i.e., riqueza específica, índice de Shannon Wiener y el índice de Simpson, principalmente) (Southwood y Henderson, 2000). La curva de diversidad de Renyi se construyó con la función “renyi” del paquete *vegan* (Oksanen *et al.*, 2015) en el programa *R* (R Core Team, 2015).

Para comparar la composición de la comunidad de artrópodos entre tipos de hábitats (plantas de algodón con y sin la proteína Cry, y vecindarios de Morro Ayuta y Chivela), se realizó un análisis de coordenadas principales (PCO, por sus siglas en inglés). Éste análisis permite ordenar las comunidades con base en la abundancia de especies y se basa en la similitud de matrices de Bray-Curtis (Legendre y Anderson, 1999).

Para determinar si al menos uno de los grupos formados por el PCO es significativamente diferente se realizó la prueba de Adonis, la cual es una prueba análoga a una MANOVA no paramétrica (Análisis Multivariado de Varianza), que emplea distancias entre matrices (Legendre y Anderson, 1999). Posteriormente se realizaron PCOs y pruebas de Adonis por pares entre tipos de hábitat para determinar si existían diferencias significativas en la composición y abundancia de los artrópodos. Estos procedimientos se realizaron a través del paquete *vegan* (Oksanen *et al.*, 2013) del programa estadístico *R* (R Core Team, 2015).

Además, se calculó el índice de Jaccard, el cual es una medida del recambio de especies que permite analizar qué tan distintos son dos sitios entre sí en la composición de especies (Gurevitch *et al.*, 2006). Este índice va de 0 a 1, donde 0 representa que no

comparten ninguna especie mientras que 1 significa que comparten el 100% de las especies.

Para analizar si la diferencia en la composición de especies está relacionada con la presencia de la proteína Cry1Ab/Ac, se compararon las distribuciones de frecuencias a través de pruebas de χ^2 con tablas de contingencia de las familias de artrópodos más abundantes (i.e., > 3% de aportación) entre tipos de hábitats (algodones con y sin la proteína Cry, y vecindarios del Morro Ayuta y Chivela). De obtener resultados significativos se empleó la prueba *post hoc* de residuos estandarizados, la cual permite determinar si las frecuencias observadas son significativamente mayores o menores a los datos esperados por azar (Siegel y Castellan, 1995).

Para determinar las diferencias en la riqueza y abundancia de la comunidad de artrópodos entre los sitios (Morro Ayuta y Chivela) y en diferentes temporadas de colecta (primavera, verano, otoño e invierno), se emplearon modelos lineales generalizados (GLMs, por sus siglas en inglés) con función *Poisson*, debido a que es la prueba más robusta cuando la variable de respuesta es discreta (O'Hara y Kotze, 2010). Para realizar estos análisis se tomó en cuenta a la comunidad de artrópodos completa de cada sitio. Los modelos empleados tuvieron la siguiente estructura: *Abundancia y Riqueza de los artrópodos* como variables dependientes; mientras que las variables independientes fueron a) *sitio* (Morro Ayuta y Chivela) y b) *temporada de colecta* (primavera, verano, otoño e invierno).

Del mismo modo, se realizaron GLMs para determinar si había diferencias en la riqueza y abundancia de los grupos funcionales (herbívoros, predadores, polinívoros y nectarívoros) de artrópodos colectados entre sitios (Morro Ayuta y Chivela) y temporadas (primavera, verano, otoño e invierno). De obtener diferencias significativas en los GLMs se realizó la prueba *post hoc* de Tukey (Zar, 2010). Dicho análisis se llevó a cabo a través del paquete *vegan* (Oksanen *et al.*, 2013) del programa estadístico *R* (R Core Team, 2015). Se empleó el criterio de información de Akaike (AIC, por sus siglas en inglés) para contrastar

entre modelos similares, ya que mientras más pequeño es el valor, más robusto es el modelo.

4. RESULTADOS

4.1 Estructura de la comunidad de artrópodos entre algodón con y sin presencia de la proteína Cry1Ab/Ac y la comunidad de artrópodos del vecindario.

4.1.1 Diversidad. Se encontró que la H' de artrópodos colectada sobre algodón fue menor cuando la proteína Cry1Ab/Ac estuvo presente (Cuadro 4.1). Por otro lado la H' fue igual entre algodón con la proteína recombinante y su vecindario (Chivela), mientras que la H' fue mayor en algodón sin la proteína recombinante con respecto a su vecindario (Morro Ayuta) (Cuadro 4.1). Por otro lado no se presentaron diferencias significativas en la H' de artrópodos entre sitios de colecta (Cuadro 4.1). Con respecto a la temporada, durante el verano y otoño se registró una mayor H' de artrópodos con respecto a primavera e invierno (Cuadro 4.1).

Cuadro 4.1. Diversidad de artrópodos colectada tipo de hábitat, sitio y temporada de colecta.

Factor		H' observada	H' Estimada	Intervalo de confianza (95%)
Tipo de hábitat	Vecindario Chivela	4.46 ^b	4.77	4.6 - 4.9
	Vecindario Morro Ayuta	4.65 ^b	4.98	4.8 - 5.1
	Algodón con Cry	3.95 ^b	4.58	4.3 - 4.8
	Algodón sin Cry	4.84 ^a	5.12	4.9 - 5.2
Sitio	Morro Ayuta	5.12 ^a	3.54	3.4 - 3.6
	Chivela	4.73 ^a	3.39	3.2 - 3.5
Temporada	Primavera	4.08 ^b	4.46	4.2 - 4.6
	Verano	4.77 ^a	5.06	4.9 - 5.2
	Otoño	4.81 ^a	5.09	4.9 - 5.2
	Invierno	4.29 ^b	4.69	4.4 - 4.8

Las curvas de Renyi mostraron que la diversidad de artrópodos se reduce cuando la proteína Cry1Ab/Ac está presente (Figura 5), ya que se encontró la mayor diversidad en algodón silvestre sin la proteína Cry1Ab/Ac (Cuadro 4.1 y Figura 5). Las curvas se separan por sitios de colecta lo cual señala que hay una mayor diversidad de organismos en Morro

Ayuta en comparación con Chivela y esta diferencia se marca en los índices de diversidad que le dan prioridad a la equidad de la abundancia de las diferentes especies (i.e., en los valores más altos del eje de las abscisas) (Figura 5).

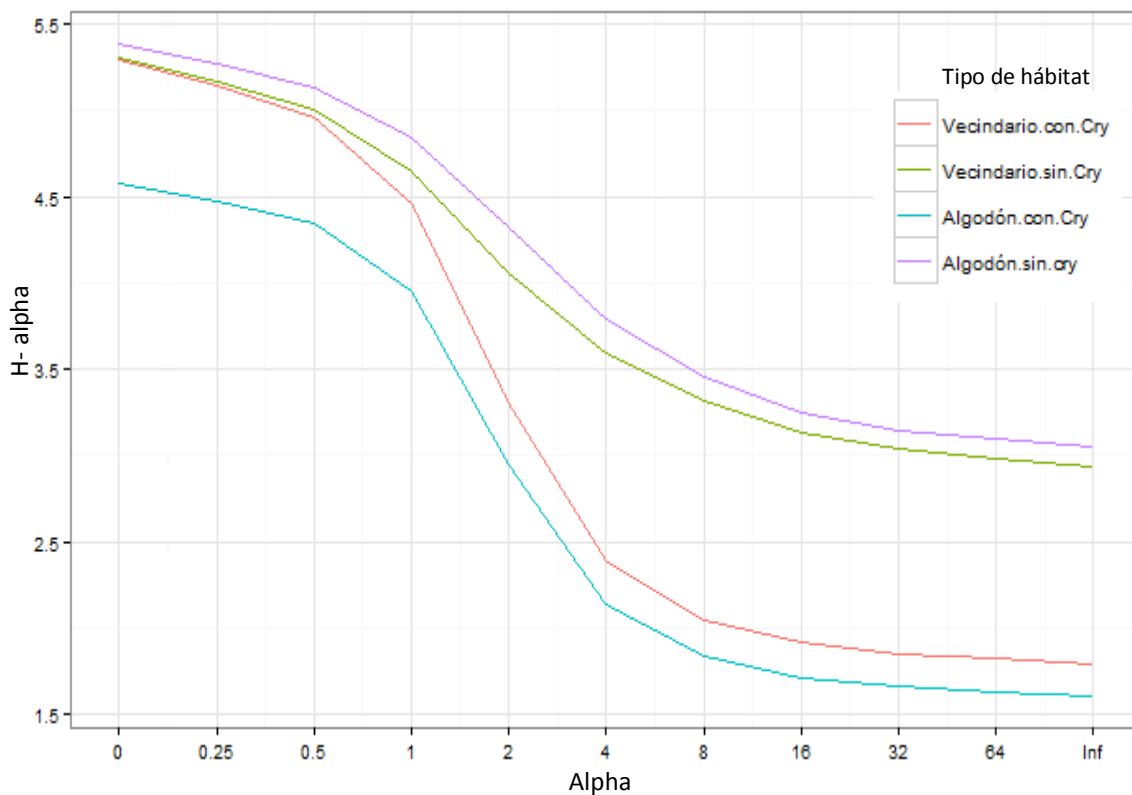


Figura 5. Curva de diversidad de Renyi. Se representan las comunidades de artrópodos entre tipos de hábitats. Algodón con y sin la proteína Cry, y vecindarios sin Cry (Morro Ayuta) y con Cry (Chivela). $\alpha=1$ representa el índice de Shannon; $\alpha=2$ el exponente del inverso del índice de Simpson (InvSimp); y $\alpha=0$, el inverso de la riqueza. La inclinación de la curva representa a una medida de equidad (Thótmérés, 1995).

4.1.2 Composición de especies. Con base en la prueba de Adonis, se encontró que la composición y las abundancias de la comunidad de artrópodos fue diferente entre tipos de hábitats ($F = 1.14$, g.l. = 3, 17, $P = 0.02$; Figura 6). Con respecto a las comunidades de artrópodos asociadas a plantas de algodón con y sin presencia de la proteína Cry1Ab/Ac, la composición de especies fue distinta entre estos hábitats ($F = 1.23$, g.l. = 1, 11, $P = 0.008$; Figura 7).

De igual forma la composición de artrópodos de algodón con la presencia de Cry1Ab/Ac y su vecindario circundante presentaron diferencias significativas ($F = 1.29$, g.l. = 1, 8, $P = 0.01$; Figura 8). Mientras que no se encontraron diferencias entre las comunidades asociadas a algodón sin Cry1Ab/Ac y su vecindario circundante (Morro Ayuta) ($F = 0.97$, g.l. = 1, 8, $P = 0.53$; Figura 9); así como entre los vecindarios de ambos sitios ($F = 1.20$, g.l. = 1, 7, $P = 0.11$; Figura 10).

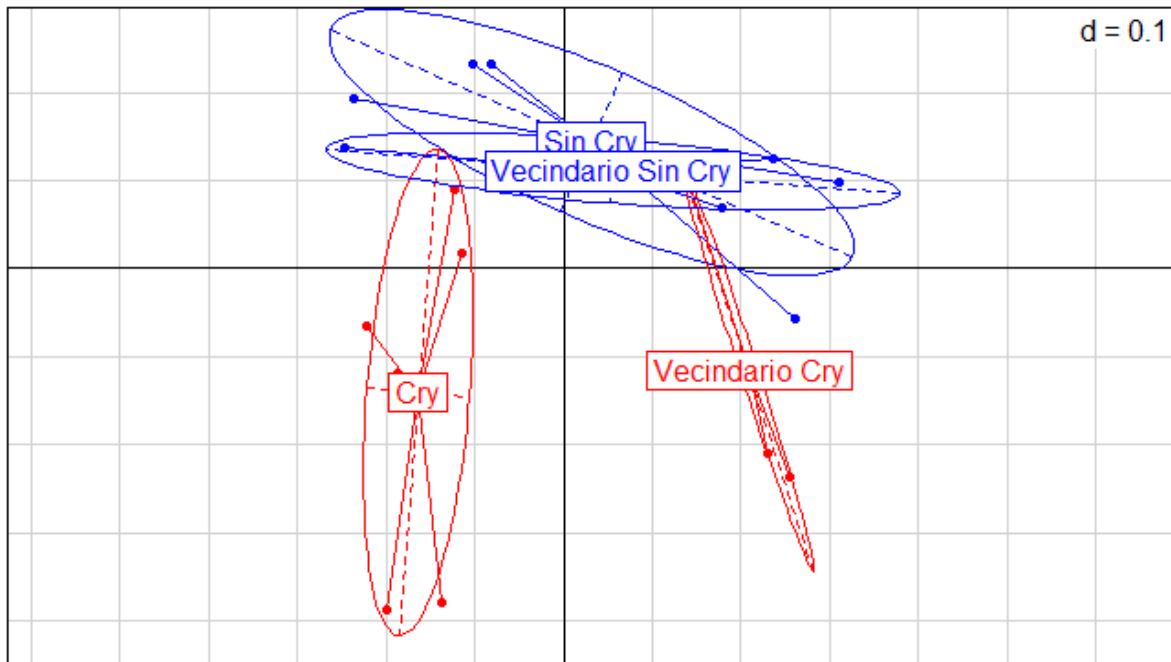


Figura 6. PCO de las morfoespecies de artrópodos registrados entre tipos de hábitats. Algodón con y sin la proteína Cry, y vecindarios sin Cry (Morro Ayuta) y con Cry (Chivela) Con base en la prueba de Adonis al menos uno de los grupos es diferente ($F = 1.14$, g.l. = 3, 17, $P = 0.02$).

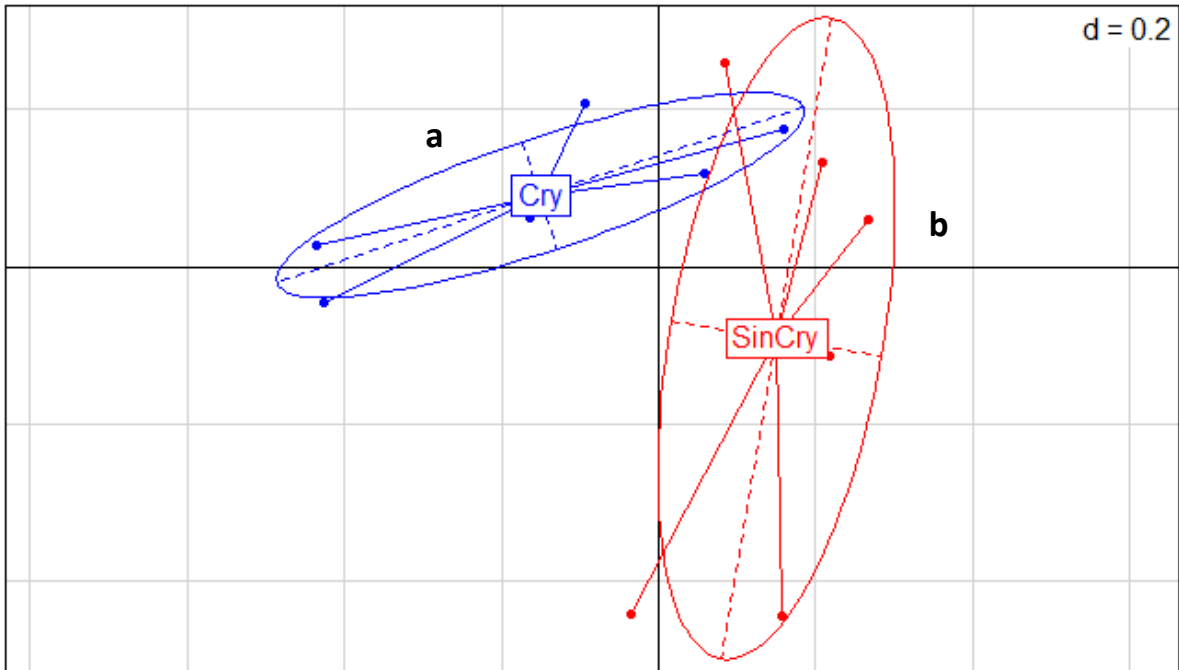


Figura 7. PCO de las comunidades de artrópodos registradas sobre algodón silvestre con y sin la proteína Cry1Ab/Ac. Letras diferentes denotan diferencias significativas con base en la prueba de Adonis ($F = 1.23$, g.l. = 1, 11, $P = 0.008$).

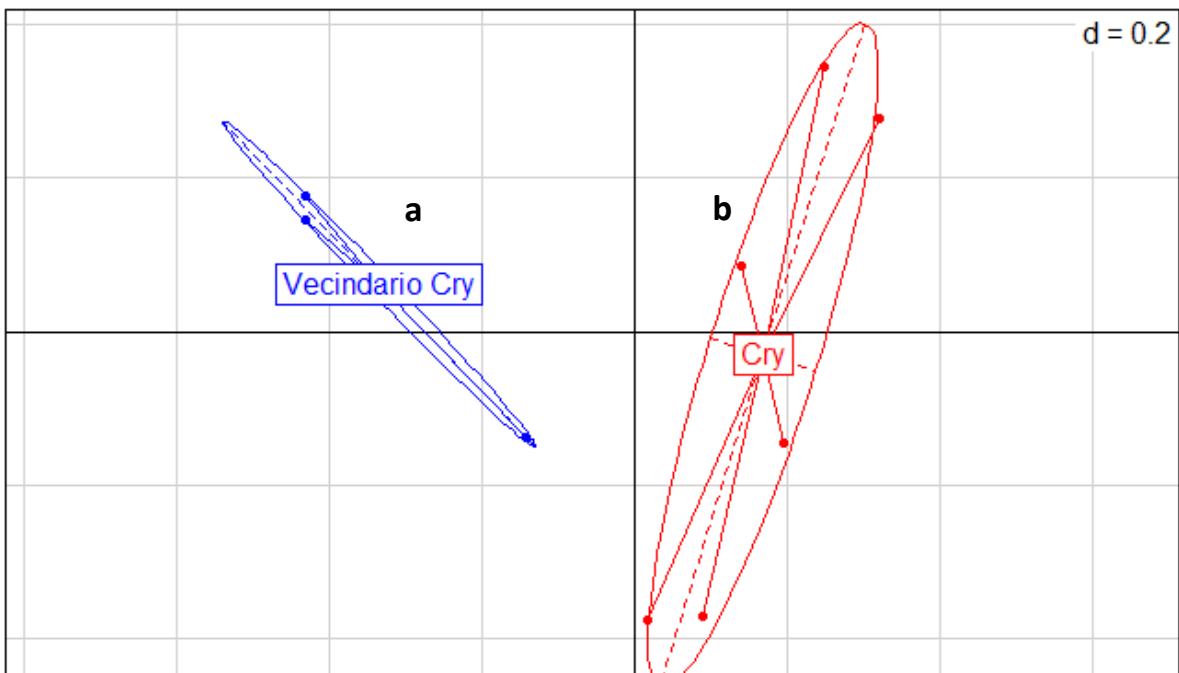


Figura 8. PCO de las comunidades de artrópodos registradas sobre algodón silvestre con la proteína Cry1Ab/Ac y su vecindario (Chivela). Letras diferentes denotan diferencias significativas con base en la prueba de Adonis ($F = 1.29$, g.l. = 1, 8, $P = 0.01$).

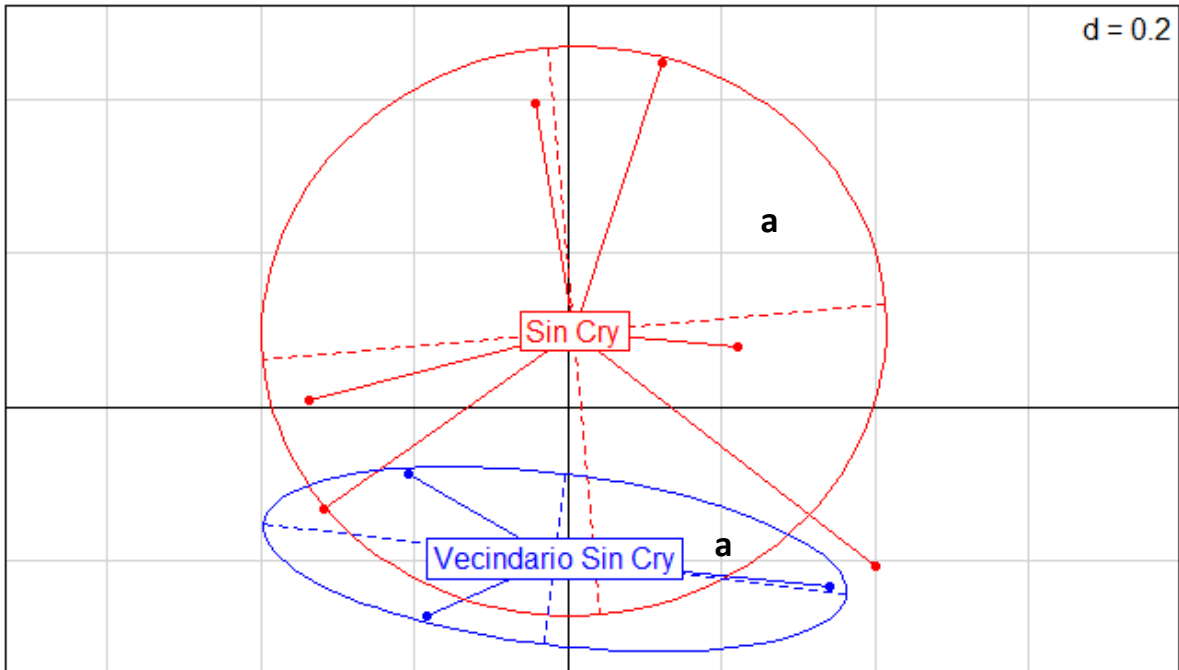


Figura 9. PCO de las comunidades de artrópodos registradas sobre algodón silvestre sin la proteína Cry1Ab/Ac y su vecindario (Moro Ayuta). Letras diferentes denotan diferencias significativas de acuerdo a la prueba de Adonis ($F = 0.97$, g.l. = 1, 8, $P = 0.53$).

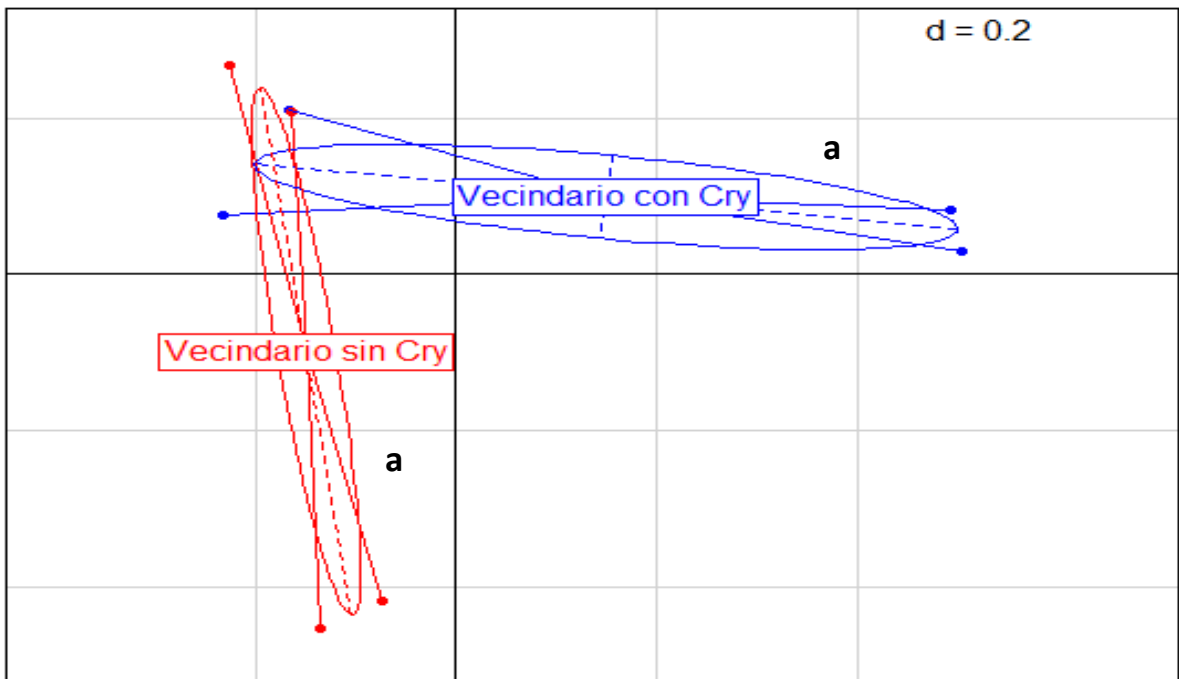


Figura 10. PCO de las comunidades de artrópodos registradas sobre vecindarios con Cry (Chivela) y sin Cry (Moro Ayuta). Letras diferentes denotan diferencias significativas de acuerdo a la prueba de Adonis ($F = 1.20$, g.l. = 1, 7, $P = 0.11$).

El índice de Jaccard mostró que las plantas de algodón con y sin presencia de la proteína recombinante comparten solamente 20% de las especies (Cuadro 4.2). Los valores más altos del índice de Jaccard se presentaron entre algodón sin la proteína Cry y su vecindario (Morro Ayuta); y entre algodón sin la proteína Cry y el vecindario con Cry (Chivela) (Cuadro 4.2). Cabe resaltar que en entre los vecindarios de artrópodos de ambos sitios (Morro Ayuta y Chivela) compartieron 29% de las especies (Cuadro 4.2).

Cuadro 4.2. Índices de Jaccard entre tipos de hábitats.

Tipo de hábitat	Cry	Sin Cry	Vecindario Cry
Sin Cry	0.20	-	-
Vecindario Cry (Chivela)	0.20	0.33	-
Vecindario sin Cry (Morro Ayuta)	0.16	0.34	0.29

De acuerdo con las pruebas de ji cuadrada la abundancia de las familias de artrópodos entre plantas de algodón con la presencia de la proteína recombinante y su vecindario circundante dependieron del tipo de hábitat ($\chi^2 = 69.22$, g.l. = 11, $P < 0.001$; Figura 11). Se encontró mayor número de hormigas, coccinélidos y curculiónidos que las esperadas por azar; y menor abundancia de las familias Chrysomelidae, Cicadellidae, Staphilinidae, Salticidae, Simulidae, Lygaeidae y larvas del orden lepidóptera en plantas de algodón con la proteína Cry1Ab/Ac (Figura 11). Por otro lado en la comunidad del vecindario la abundancia de hormigas fue menor a las esperadas por azar, mientras que en la frecuencia de arañas de la familia Salticidae fue mayor (Figura 11).

Las abundancias de las familias colectadas sobre plantas de algodón sin la proteína Cry1Ab/Ac y su vecindario circundante, difirió significativamente entre sí ($\chi^2 = 56.82$, g.l. = 11, $P < 0.001$). En las plantas de algodón sin la proteína Cry se registró mayor abundancia de hormigas que las esperadas por azar y un número menor de cicadélidos y arañas de la familia Oxyopidae. Se encontró el patrón inverso para los artrópodos del vecindario en las familias antes mencionadas (Figura 12).

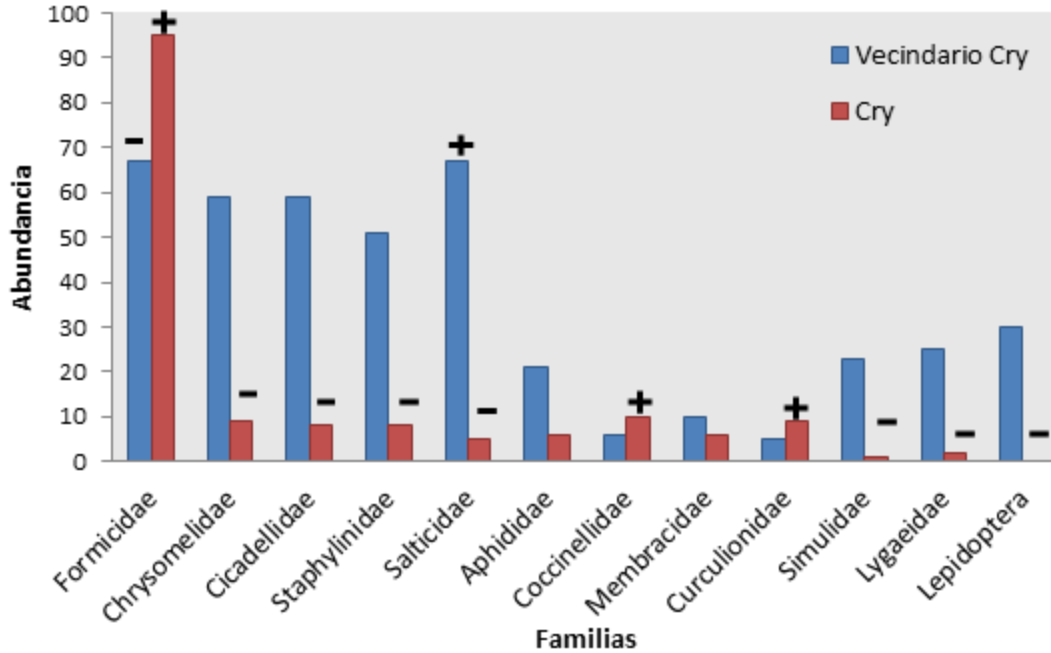


Figura 11. Familias de artrópodos (y el orden Lepidoptera) más abundantes en plantas de algodón con la proteína Cry1Ab/Ac y el vecindario circundante. El signo “+” y “-” representan una mayor o menor frecuencia a la esperada por azar.

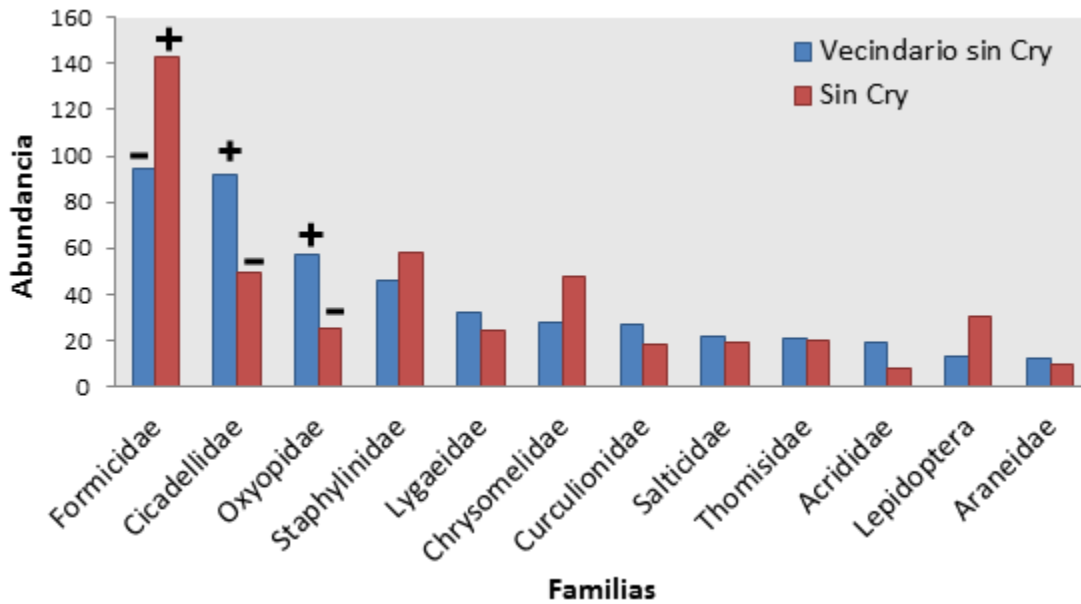


Figura 12. Familias de artrópodos (y el orden Lepidoptera) más abundantes en plantas de algodón sin la proteína Cry1Ab/Ac y el vecindario circundante. El signo “+” y “-” representan una mayor o menor frecuencia a la esperada por azar.

4.2 Estructura de la comunidad de artrópodos entre sitios y temporada de colecta

4.2.1 Riqueza. Se encontraron 499 morfoespecies de artrópodos en este estudio, de las cuales 266 ejemplares se presentaron en Chivela y 346 en Morro Ayuta (Cuadro 4.3). Ambas localidades compartieron 113 morfoespecies, 153 fueron exclusivas a Chivela y 233 a Morro Ayuta. Con respecto a la temporada de colecta, durante el verano y el otoño se encontró notablemente mayor número de morfoespecies con respecto a primavera e invierno (Cuadro 4.3).

Cuadro 4.3. Riqueza de artrópodos colectada por sitios y temporadas de colecta.

	Factor	Riqueza de morfoespecies
Sitio	Morro Ayuta	346
	Chivela	266
Temporada	Primavera	142
	Verano	205
	Otoño	218
	Invierno	147

Se encontraron diferencias significativas en la riqueza de artrópodos entre sitios, temporadas de colecta, y la interacción sitio × temporada (Cuadro 4.4). Se encontró menor riqueza en Chivela con respecto a Morro Ayuta (Cuadro 4.5). Por otro lado en la temporada de verano y otoño se presentó mayor riqueza en comparación a primavera e invierno (Cuadro 4.5). En Morro Ayuta durante verano y otoño se registró la mayor riqueza de artrópodos (Figura 13); en comparación con los registros de Morro Ayuta en primavera e invierno, así como los valores de todas las temporadas de Chivela (Figura 13).

Cuadro 4.4. Resultados de los GLMs para comparar la riqueza de artrópodos entre sitios y temporadas de colecta.

Devianza Nula	Devianza residual	g.l.	Factor	$P (Chi^2)$	AIC
267	158.51	1, 14	Sitio	9.26×10^{-8}	264.55
		3, 11	Temporada	2.68×10^{-12}	
		3, 8	Sitio \times Temporada	3.92×10^{-5}	

Cuadro 4.5. Riqueza (\pm e.e.) de la comunidad de artrópodos entre sitios y temporadas de colecta. Con base en la prueba de Tukey, las letras diferentes denotan diferencias significativas ($P < 0.05$).

	Factor	Riqueza de artrópodos \pm e.e.
Sitio	Morro Ayuta	63.4 ± 11.7^a
	Chivela	43.9 ± 8.9^b
Temporada	Primavera	38.7 ± 7.6^b
	Verano	63.5 ± 23.4^a
	Otoño	70.7 ± 15.9^a
	Invierno	41.5 ± 5.3^b

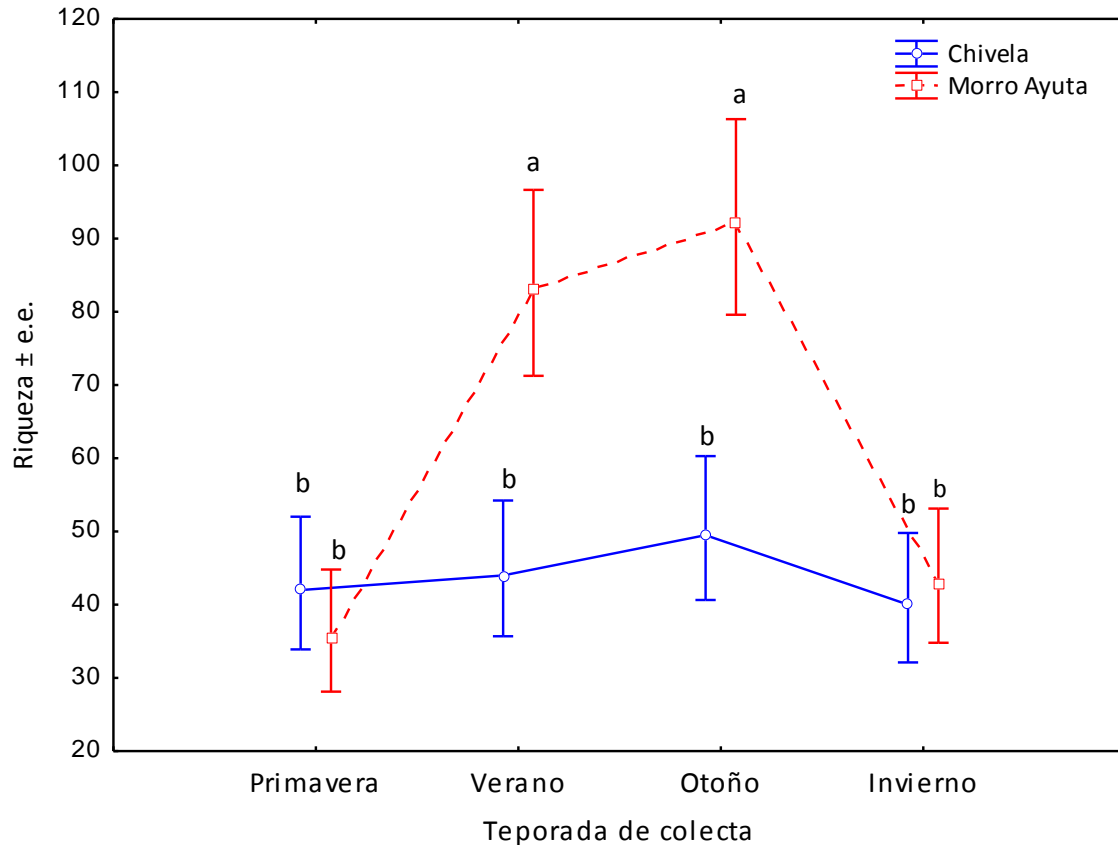


Figura 13. Riqueza (\pm e.e.) de artrópodos registrada en dos sitios y cuatro temporadas de colecta. Con base en la prueba de Tukey, las letras diferentes denotan diferencias significativas con $P < 0.05$.

4.2.2 Riqueza de grupos funcionales. La riqueza de los grupos funcionales de artrópodos fue distinta entre sitios y temporadas de colecta (Cuadro 4.6). En el caso de la riqueza de herbívoros y predadores, los factores que influyeron significativamente fueron el sitio, la temporada y la interacción sitio \times temporada. (Cuadro 4.6). Por otro lado, no hubo un efecto de los sitios de colecta, las temporadas y la interacción sitio \times temporada sobre la riqueza de nectarívoros y polinívoros (Cuadro 4.6).

Se encontró una mayor riqueza de herbívoros y predadores en Morro Ayuta (Cuadro 4.7). En cuanto a la temporada de colecta se registró mayor riqueza de herbívoros y predadores durante verano y otoño con respecto a primavera e invierno (Cuadro 4.7).

La mayor riqueza de herbívoros se encontró en Morro Ayuta durante verano y otoño, y en la temporada de otoño en Chivela (Figura 14); al compararlos con la riqueza de primavera e invierno de ambos sitios. Por otro lado la riqueza de predadores durante verano y otoño fue mayor en Morro Ayuta (Figura 15); con respecto a todos los registros de Chivela en sus diferentes temporadas y el de primavera de Morro Ayuta (Figura 15).

Cuadro 4.6. Resultados de los GLM para comparar la riqueza de los grupos funcionales de artrópodos entre sitios y temporadas de colecta.

Variable	Devianza Nula	Devianza residual	g.l.	Factor	$P (j^2)$	AIC
Herbívoros	323.77	163.77	1,14	Sitio	1.2×10^{-6}	256.69
			3,11	Temporada	2.2×10^{-16}	
			3,8	Sitio \times Temporada	6.9×10^{-3}	
Predadores	167.21	85.45	1,14	Sitio	9.7×10^{-10}	173.57
			3,11	Temporada	6.9×10^{-7}	
			3,8	Sitio \times Temporada	4.7×10^{-3}	
Nectarívoros	57.8	30.92	1,14	Sitio	0.53	108.52
			3,11	Temporada	0.42	
			3,8	Sitio \times Temporada	0.44	
Polinívoros	18.79	16.13	1,14	Sitio	0.49	68.45
			3,11	Temporada	0.94	
			3,8	Sitio \times Temporada	0.61	

Cuadro 4.7. Riqueza (\pm e.e.) de los grupos funcionales de artrópodos asociados entre sitios y temporadas de colecta. Con base en la prueba de Tukey, las letras diferentes denotan diferencias significativas ($P < 0.05$).

Factor		Grupo funcional			
		Herbívoros	Predadores	Nectarívoros	Polinívoros
Sitio	Morro Ayuta	37.4 \pm 8.8 ^a	29.3 \pm 5.6 ^a	10.9 \pm 2.3 ^a	1.9 \pm 0.5 ^a
	Chivela	24.0 \pm 9.2 ^b	15.0 \pm 3.8 ^b	9.9 \pm 1.8 ^a	2.4 \pm 0.5 ^a
Temporada	Primavera	19 \pm 4.5 ^b	12.2 \pm 2.1 ^b	11 \pm 2.4 ^a	2.2 \pm 0.8 ^a
	Verano	41.5 \pm 16.8 ^a	25 \pm 10.7 ^a	9.5 \pm 4.3 ^a	2.2 \pm 0.8 ^a
	Otoño	49.2 \pm 13.8 ^a	29.5 \pm 9.5 ^a	12.2 \pm 2.2 ^a	1.7 \pm 0.4 ^a
	Invierno	13 \pm 4.6 ^b	21.7 \pm 4 ^b	8.7 \pm 2.5 ^a	2.2 \pm 0.7 ^a

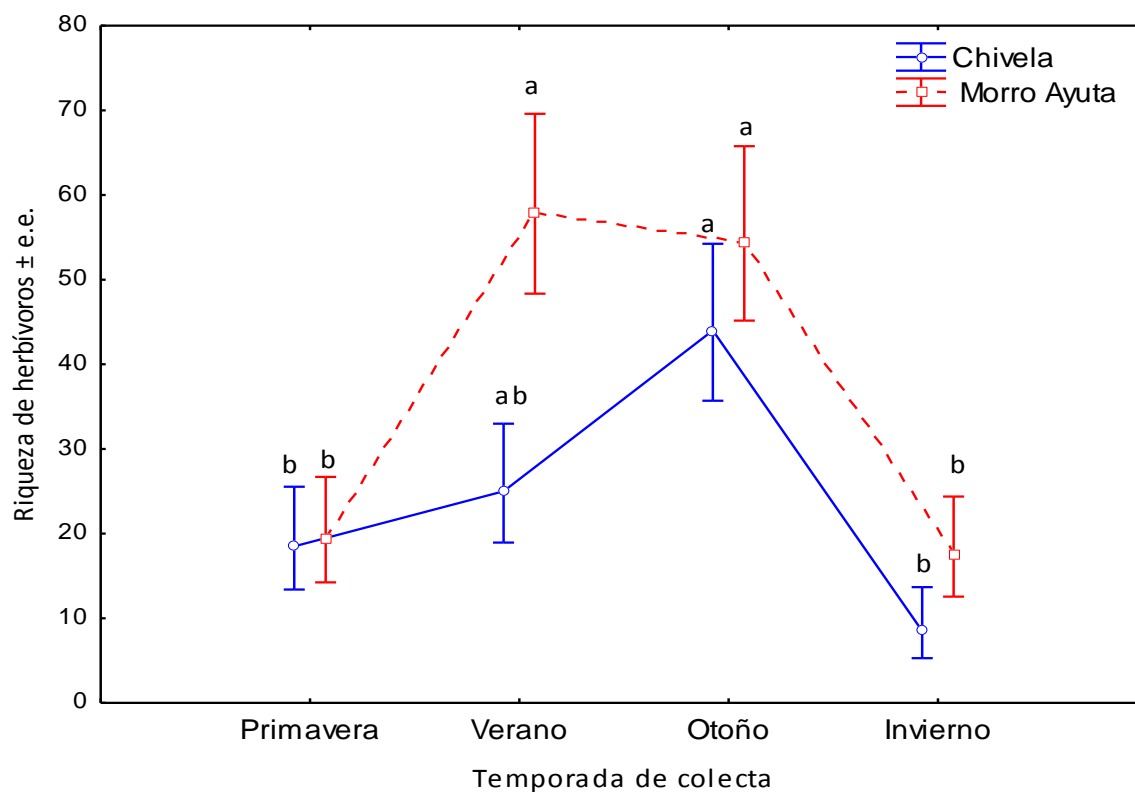


Figura 14. Riqueza de herbívoros (\pm e.e.) registrada en dos sitios y cuatro temporadas de colecta. Con base en la prueba de Tukey, las letras diferentes denotan diferencias significativas con $P < 0.05$.

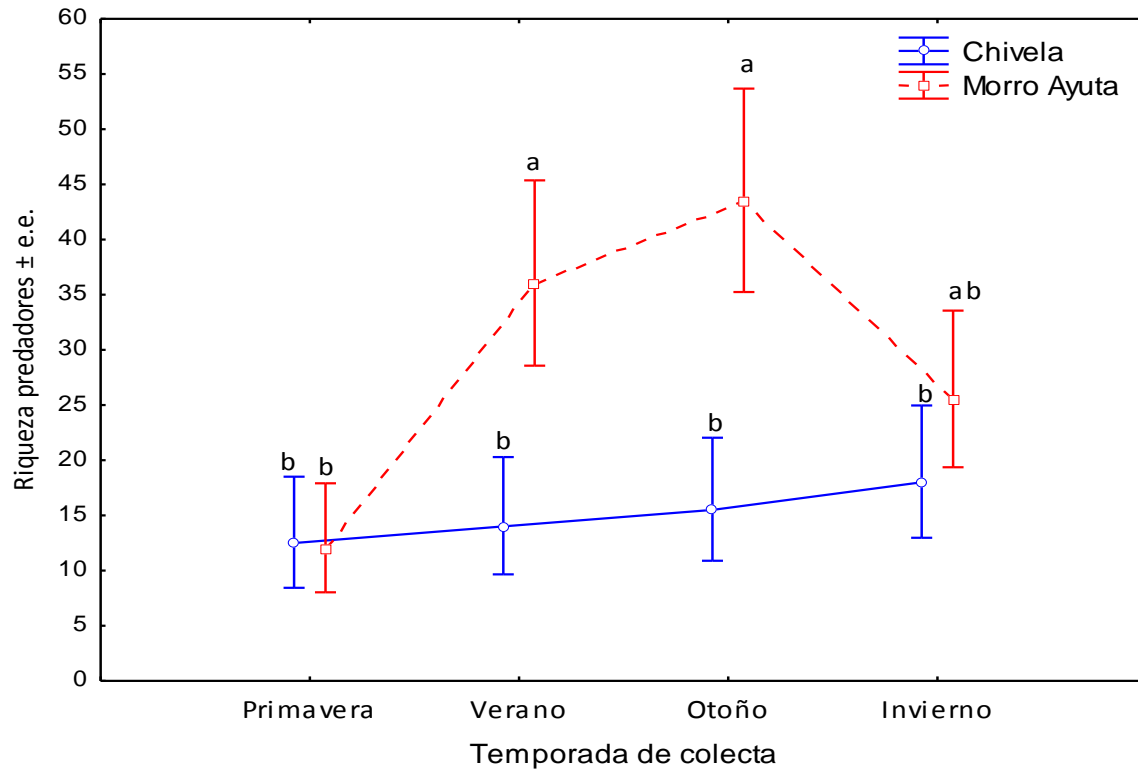


Figura 15. Riqueza de predadores (\pm e.e.) registrada en dos sitios y cuatro temporadas de colecta. Con base en la prueba de Tukey, las letras diferentes denotan diferencias significativas con $P < 0.05$.

4.2.3 Abundancia. La abundancia total de artrópodos en este estudio fue de 1939 ejemplares de los cuales 1140 organismos se colectaron en Morro Ayuta, mientras que en Chivela se registraron 799 (Cuadro 4.8). Por otro lado durante el invierno se colectó menor número de artrópodos que en cualquier otra temporada de colecta (Cuadro 4.8).

Cuadro 4.8. Abundancia de artrópodos colectada por sitios y temporadas de colecta.

Factor	Abundancia de artrópodos	
Sitio	Morro Ayuta	1140
	Chivela	799
Temporada	Primavera	540
	Verano	420
	Otoño	616
	Invierno	363

Los ejemplares colectados pertenecieron a 10 órdenes taxonómicos que se mencionan a continuación en orden de importancia por su aportación en abundancia: Hymenoptera (36%), Coleoptera (22%), Hemiptera (19%), Araneae (15%), Orthoptera (3%), Lepidoptera (3%), Diptera (1%), Mantodea (< 1%), Trichoptera (< 1%) y Thysanoptera (< 1%). La nomenclatura está basada en Borror *et al.* (2005). Los organismos colectados del orden Lepidoptera fueron larvas.

Las familias de artrópodos que presentaron una mayor abundancia en Morro Ayuta fueron: Formicidae (23%), Cicadellidae (14%), Staphylinidae (10%), Oxyopidae (8%), Chrysomelidae (8%), Lygaeidae (6%) y Curculionidae (6%) (Figura 16). Por otro lado, las familias con mayor abundancia en Chivela fueron Formicidae (36%), Chrysomelidae (9%), Miridae (9%), Cicadellidae (8%), Staphylinidae (6%) y Salticidae (5%) (Figura 16).

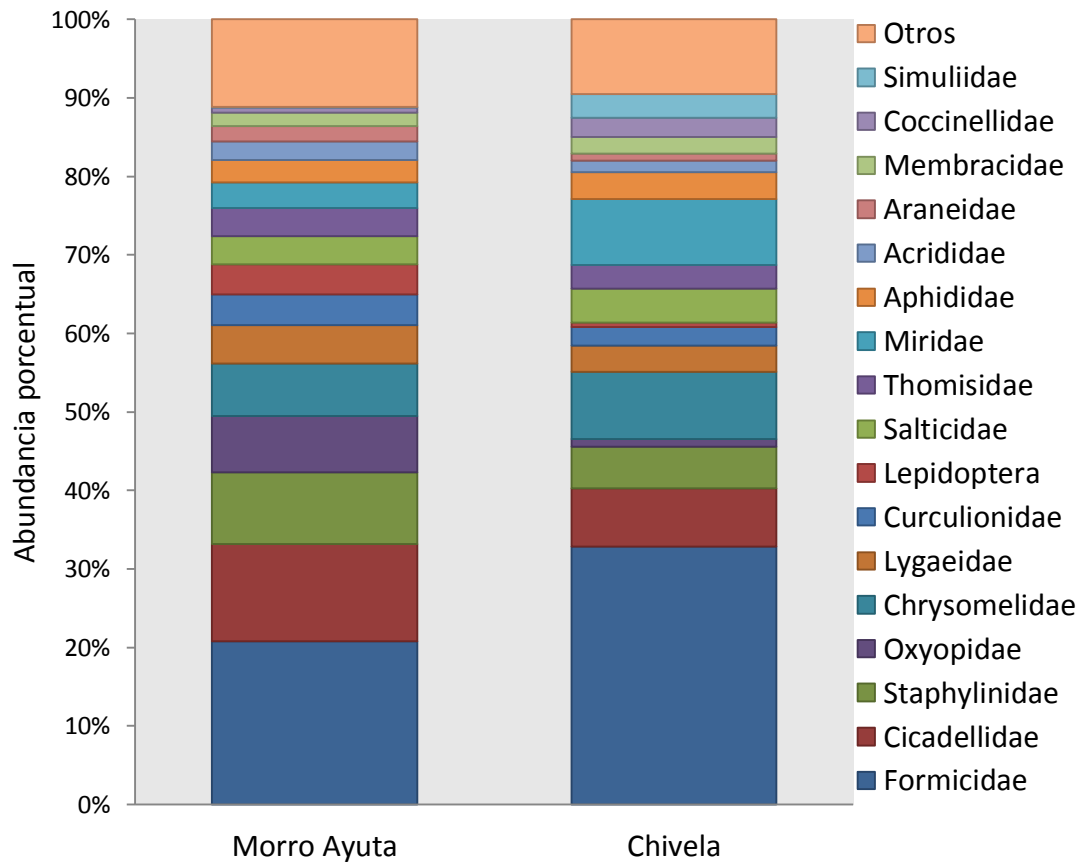


Figura 16. Aportación porcentual de las familias de artrópodos (y el orden Lepidoptera) más abundantes entre sitios los de Morro Ayuta (1140 individuos) y Chivela (799 individuos), Oaxaca. Datos de julio y octubre de 2012, y febrero y mayo de 2013.

Se encontraron efectos significativos del sitio, la temporada y la interacción sitio × temporada sobre la abundancia de artrópodos (Cuadro 4.9). Se registró mayor abundancia en Morro Ayuta que en Chivela (Cuadro 4.10). Por otro lado en las temporadas de verano y otoño se colectó la mayor abundancia de artrópodos con respecto a primavera e invierno (Cuadro 4.10). Se presentó mayor la abundancia en Morro Ayuta durante verano y otoño en comparación con Chivela, mientras que la abundancia de artrópodos en primavera e invierno no difirió entre sitios (Figura 17).

Cuadro 4.9. Resultados de los GLMs para comparar la abundancia de artrópodos entre sitios y temporadas de colecta.

Devianza Nula	Devianza residual	g.l.	Factor	$P (Ji^2)$	AIC
669.18	460.06	1,14	Sitio	3.86×10^{-14}	578.33
		3,11	Temporada	2.2×10^{-16}	
		3,8	Sitio × Temporada	8.0×10^{-15}	

Cuadro 4.10. Abundancia (\pm e.e.) de los artrópodos asociados entre sitios y temporadas de colecta. Con base en la prueba de Tukey las letras diferentes denotan diferencias significativas ($P < 0.05$). $n = 1939$ ejemplares.

Variables	Abundancia de artrópodos \pm e.e	
Sitio	Chivela	100.9 ± 24.0^b
	Morro Ayuta	142.5 ± 24.5^a
Temporada	Primavera	105.0 ± 15.1^b
	Verano	137.0 ± 53.0^a
	Otoño	154.0 ± 41.6^a
	Invierno	90.7 ± 21.6^b

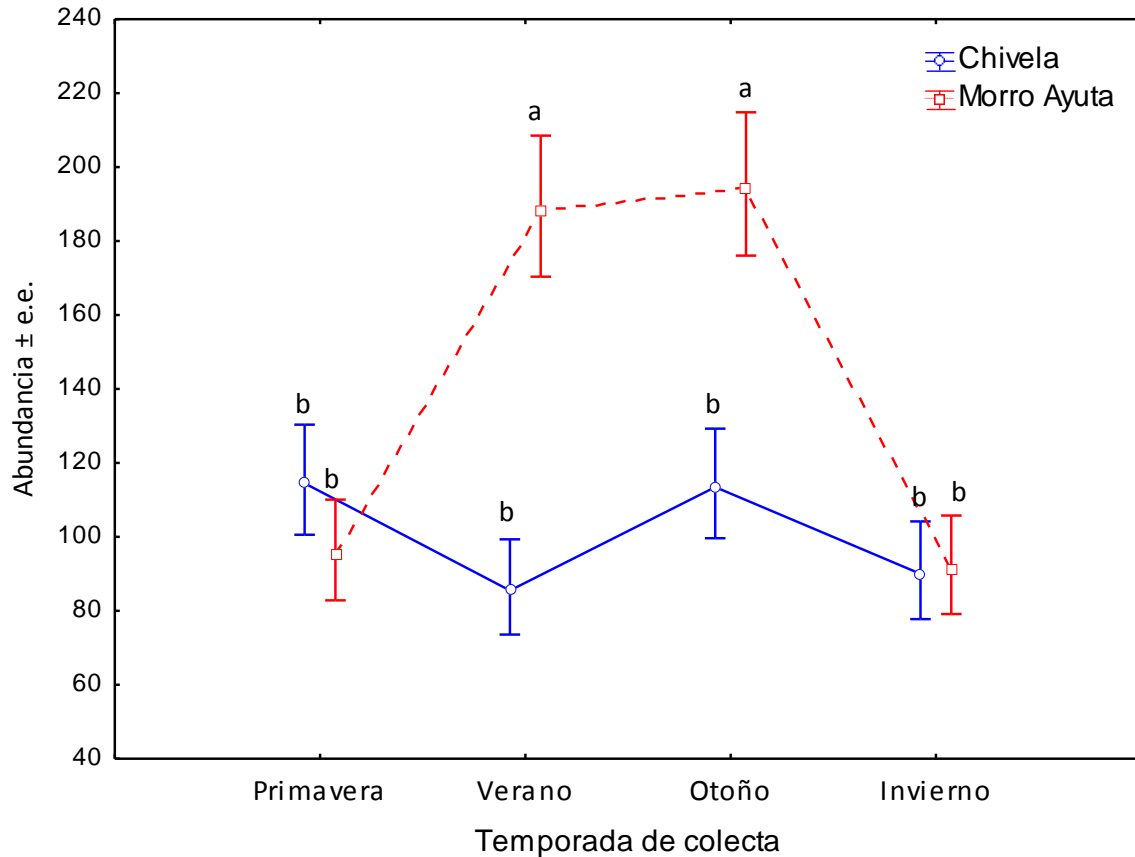


Figura 17. Abundancia de artrópodos (\pm e.e.) registrada en dos sitios y cuatro temporadas de colecta. Con base en la prueba de Tukey, las letras diferentes denotan diferencias significativas con $P < 0.05$.

4.2.4 Abundancia de grupos funcionales. La abundancia de herbívoros y predadores fueron afectados significativamente por los sitios, las temporadas de colecta y la interacción de ambos factores (Cuadro 4.11). Por otro lado la abundancia de nectarívoros estuvo determinada por la temporada de colecta y la interacción sitio \times temporada; mientras que la abundancia de polinívoros no fue significativamente afectada por ninguno de los factores mencionados ni su interacción (Cuadro 4.11).

La abundancia de herbívoros y predadores fue menor en Chivela con respecto a Morro Ayuta, mientras que para los nectarívoros se presentó el patrón inverso (Cuadro 4.12). Durante verano y otoño se registró mayor abundancia de herbívoros con respecto a primavera, y el registro de invierno fue significativamente menor al de primavera (Cuadro

4.12). Mientras que el mayor número de predadores se registró en otoño, en contraste con verano e invierno, y las abundancias en primavera fueron menores a estos dos últimos (Cuadro 4.12); por el contrario, la abundancia de los nectarívoros fue mayor en primavera que en invierno, y los valores de verano y otoño fueron más bajos que en invierno (Cuadro 4.12).

La mayor abundancia de herbívoros se colectó durante el verano y otoño en Morro Ayuta y el otoño de Chivela, al compararlos con las medias de primavera e invierno, y el verano de Chivela (Figura 18).

En el caso de los predadores se registró mayor abundancia en Morro Ayuta durante verano y otoño, al contrastarlos con las medias de primavera e invierno y todas las temporadas en Chivela (Figura 19). La abundancia de los nectarívoros fue mayor durante primavera e invierno en Chivela con respecto a Morro Ayuta (Figura 20); por otro lado en verano y otoño se observó el patrón inverso para estos sitios (Figura 20).

Cuadro 4.11. Resultados de los GLMs para comparar la abundancia de los grupos funcionales de artrópodos entre sitios y temporadas de colecta.

Variable	Devianza Nula	Devianza residual	g.l.	Factor	$P (Ji^2)$	AIC
Herbívoros	589.27	305.21	1,14	Sitio	2.5×10^{-12}	405.75
			3,11	Temporada	2.2×10^{-16}	
			3,8	Sitio \times Temporada	7.9×10^{-7}	
Predadores	312.16	197.11	1,14	Sitio	1.84×10^{-13}	290.6
			3,11	Temporada	2.62×10^{-10}	
			3,8	Sitio \times Temporada	4.0×10^{-3}	
Nectarívoros	301.06	105.15	1,14	Sitio	0.26	196.58
			3,11	Temporada	2.8×10^{-14}	
			3,8	Sitio \times Temporada	2.2×10^{-16}	
Polinívoros	29.66	24.73	1,14	Sitio	0.21	78.76
			3,11	Temporada	0.74	
			3,8	Sitio \times Temporada	0.54	

Cuadro 4.12. Abundancia (\pm e.e.) de los grupos funcionales de artrópodos entre sitios y temporadas de colecta. Con base en la prueba de Tukey, las letras diferentes denotan diferencias significativas ($P < 0.05$).

Factor	Grupo funcional				
	Herbívoros	Predadores	Nectarívoros	Polinívoros	
Sitio	Chivela	40.4 \pm 7.4 ^b	23.6 \pm 7.8 ^b	32.8 \pm 11.6 ^a	3.1 \pm 0.9 ^a
	Morro Ayuta	65.8 \pm 14.3 ^a	45.0 \pm 9.0 ^a	29.6 \pm 4.5 ^b	2.1 \pm 0.6 ^a
Temporada	Primavera	33.5 \pm 8.2 ^c	19.7 \pm 7.2 ^c	49 \pm 10.2 ^a	2.7 \pm 1.1 ^a
	Verano	70.5 \pm 8.7 ^a	41.5 \pm 17.8 ^b	19.7 \pm 9.5 ^c	3.2 \pm 1.7 ^a
	Otoño	85 \pm 27.5 ^a	44.7 \pm 16.7 ^a	22.2 \pm 7.2 ^c	2 \pm 0.7 ^a
	Invierno	23.2 \pm 8.3 ^b	31.2 \pm 6.1 ^b	33.7 \pm 17.1 ^b	2.5 \pm 0.8 ^a

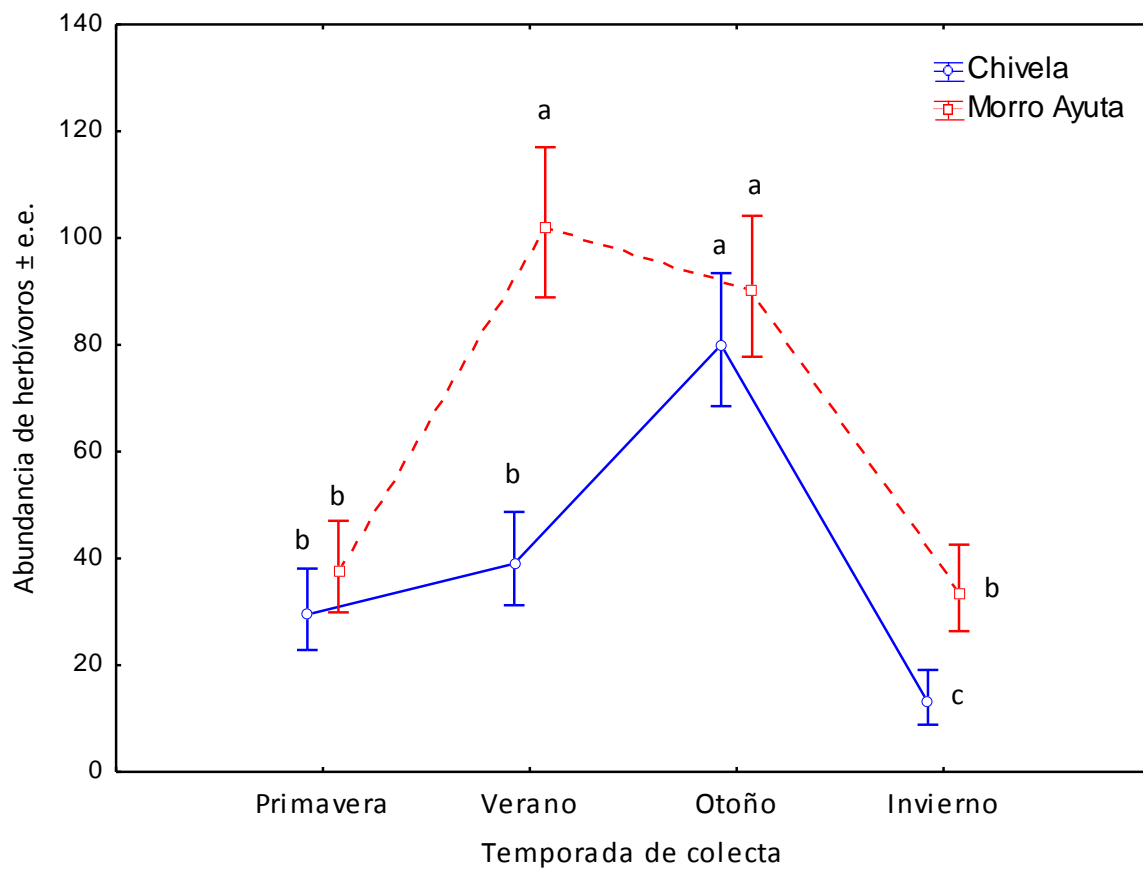


Figura 18. Abundancia de herbívoros (\pm e.e.) registrada en dos sitios y cuatro temporadas de colecta. Con base en la prueba de Tukey, las letras diferentes denotan diferencias significativas con $P < 0.05$.

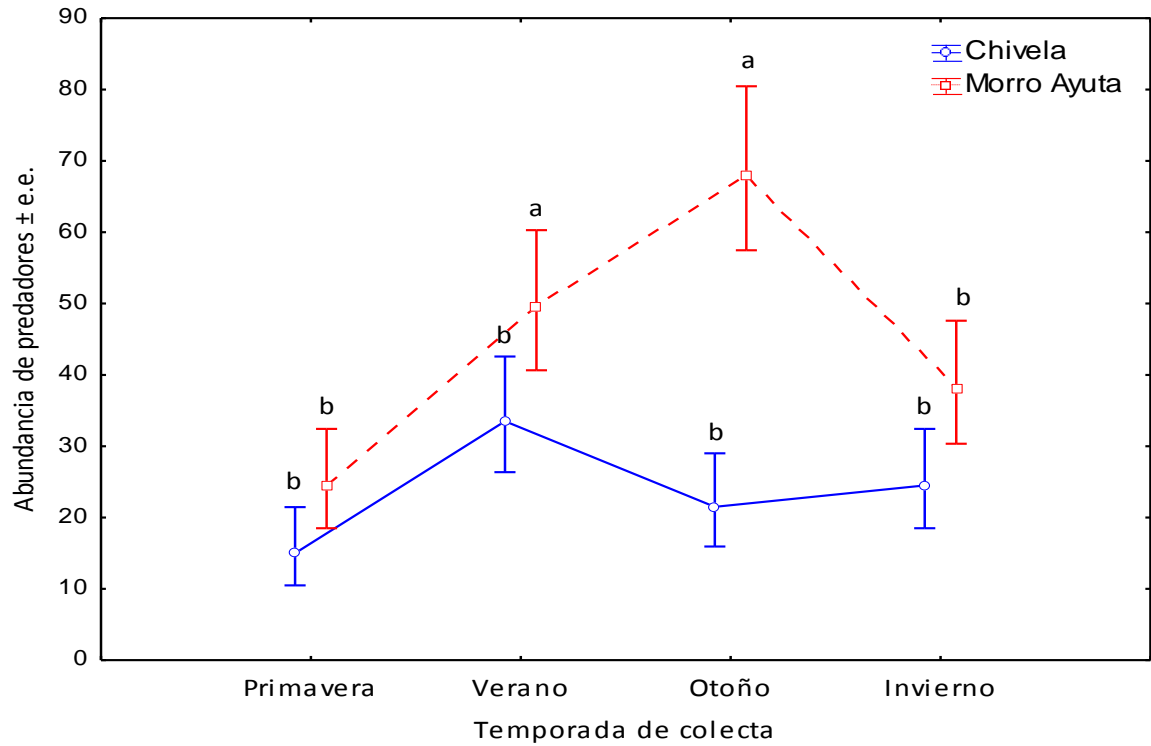


Figura 19 . Abundancia de predadores (\pm e.e.) registrada en dos sitios y cuatro temporadas de colecta. Con base en la prueba de Tukey, las letras diferentes denotan diferencias significativas con $P < 0.05$.

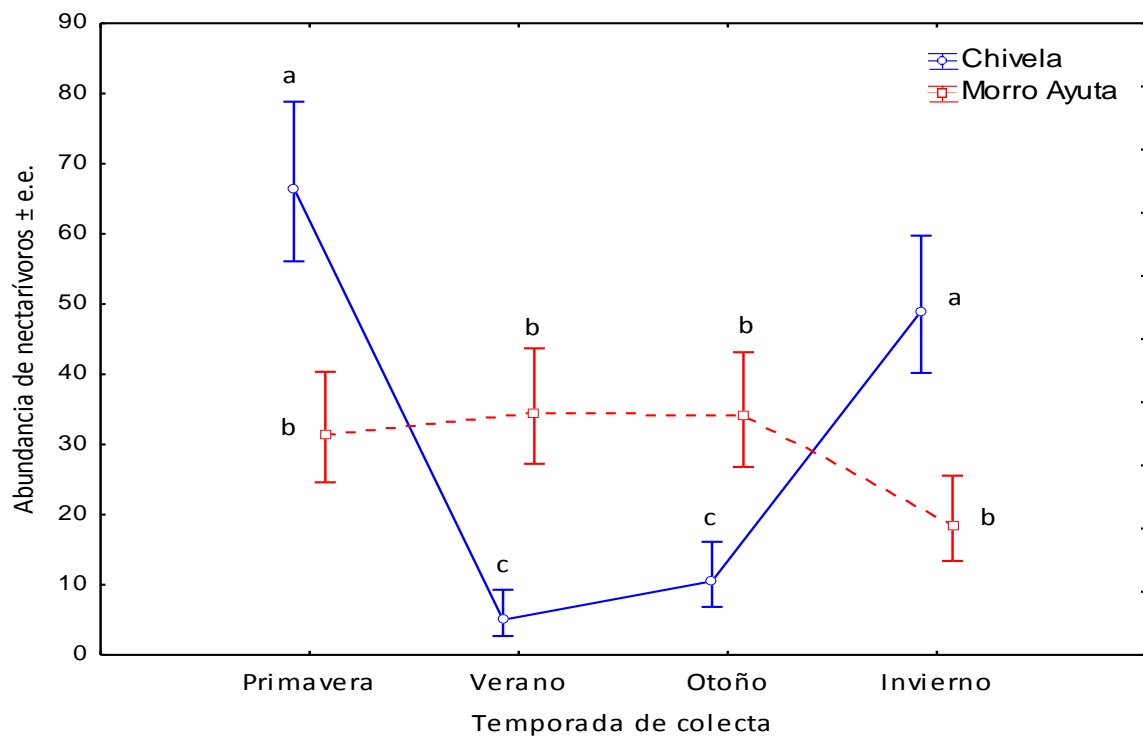


Figura 20. Abundancia de nectarívoros (\pm e.e.) registrada en dos sitios y cuatro

temporadas de colecta. Con base en la prueba de Tukey, las letras diferentes denotan diferencias significativas con $P < 0.05$.

5. DISCUSIÓN

5.1 Comunidad de artrópodos asociada a plantas de algodón con y sin la presencia de la proteína Cry1Ab/Ac

Se encontró que la diversidad de artrópodos se reduce cuando la proteína Cry1Ab/Ac está presente en las plantas de algodón (Figura 5 y Cuadro 4.1) y el ensamblaje de la comunidad es diferente (Figura 7). Esto podría deberse a que el uso de transgenes en las plantas modifican su estructura genética y puede ocasionar efectos adversos sobre especies no blanco, debido a la baja especificidad que presenta esta tecnología (Dively *et al.*, 2004), y por lo tanto pueden afectar las interacciones tróficas entre consumidores primarios, secundarios, predadores tope y las redes de polinización (Losey y Vaughan, 2006). Este patrón concuerda con lo reportado por Whitehouse *et al.* (2005) donde se comparó la estructura de la comunidad de artrópodos del follaje de algodón transgénico y domesticado. Se encontró que la riqueza, la abundancia y la composición de especies fue significativamente mayor en cultivos de algodón no GM.

La disminución de la diversidad de la comunidad de artrópodos al interactuar con hospederos GM ha sido reportada por Wimp *et al.* (2005), Whitham *et al.* (2006), Hilbeck *et al.* (2011) y Sanvido *et al.* (2012). Por su parte algunas investigaciones enfocadas en determinar los efectos de la introducción de las proteínas Cry sobre las comunidades bióticas, han reportado efectos adversos sobre las poblaciones de himenópteros, dípteros, lepidópteros, hemípteros y coleópteros (Sundaramurthy, 2010; Axelsson *et al.*, 2011; Li *et al.*, 2011). Del mismo modo, lo antes mencionado puede estar repercutiendo en el ensamblaje de las comunidades de artrópodos, como lo registramos cuando se presentó la proteína Cry1Ab/Ac en algodón silvestre (Figura 7).

Lo anterior parece confirmar que los artrópodos son sensibles a cambios en la química de las plantas (e.g., metabolitos primarios y secundarios), la morfología vegetal

(e.g., presencia de tricomas y estructuras secretoras) y la fenología de la planta hospedera (Moran y Whitham 1990; Mopper *et al.*, 1991; Rosenthal y Berenbaum, 1991; Dungey *et al.*, 2000; Osier y Lindroth 2001; Fritz *et al.*, 2003). Es importante señalar que estos rasgos están controlados en parte por procesos genéticos (además de los factores ambientales), por ello la composición génica de la planta hospedera está estrechamente relacionada con la comunidad de artrópodos. Por lo tanto, plantas de la misma especie con genotipos distintos pueden resguardar composiciones de especies de artrópodos diferentes (Wimp *et al.*, 2005). En consecuencia las diferencias genéticas de las plantas pueden influir en los artrópodos residentes, que dependen de su hospedero como fuente de alimentación, ovoposición, refugio o encuentro con la pareja (Price *et al.*, 2011). Además éstas interactúan con los niveles tróficos superiores como la depredación y parasitismo. Por consiguiente, la diversidad genética de la planta huésped no está limitada a un solo nivel trófico (Hunter y Price, 1992).

En nuestro estudio se compartió el 20% de las especies entre plantas de algodón con y sin presencia de la proteína Cry1Ab/Ac (Cuadro 4.2). Este valor es consistente con lo reportado por Benítez (2014), donde las comunidades de lepidópteros circundantes a plantas de algodón con la presencia de transgenes y sin la introgresión genética, compartieron el 21% de las especies totales. Por otro lado, el valor obtenido en nuestra investigación se considera bajo en comparación con el porcentaje de similitud de especies de artrópodos que pueden compartir plantas de la misma especie (de 50 a 70%) (López-Gómez y Cano-Santana 2011; Zhang *et al.*, 2013). En este sentido, la composición de la comunidad de artrópodos puede ser distinta debido a que probablemente las plantas con la introgresión ofrecen menor cantidad y variedad de recursos y condiciones; o bien la composición química de los órganos superiores es diferente, como se ha reportado por Ma *et al.* (2014); en donde las hojas de algodón *Bt* presentaron mayor cantidad de taninos con respecto a algodón convencional. Por lo tanto los resultados obtenidos en este estudio sugieren que la comunidad de artrópodos responde a las diferencias genéticas entre las plantas huésped.

Sin embargo, existen investigaciones que no reportan efectos de las modificaciones genéticas de las plantas sobre la estructura de las comunidades de artrópodos asociadas. Uno de ellos es el estudio realizado por Pilcher *et al.* (2005), cuyo objetivo fue determinar el efecto del maíz *Bt* sobre la abundancia de cinco insectos predadores generalistas y un parasitoide especialista (*Macrocentrus cingulum* Brischke [Hymenoptera: Braconidae]). No se encontraron diferencias significativas en la abundancia de los predadores generalistas; sin embargo, la población de *M. cingulum* (el parasitoide especialista) disminuyó significativamente por la presencia del maíz *Bt*. Se debe considerar que en éste estudio se emplearon plantas domesticadas de maíz *Bt* (aquellas que han sufrido algún proceso de mejoramiento y selección artificial de ciertos atributos). Por lo tanto, los resultados no pueden ser extrapolados a procesos en condiciones naturales, debido a los múltiples factores que pueden influir y modificar los patrones encontrados. Ya que las especies podrían comportarse de manera distinta bajo condiciones naturales, y pueden desempeñar funciones ecológicas importantes como la depredación, la herbivoría o parasitismo, al interactuar con otras especies dentro de la comunidad de artrópodos.

Por otro lado, se ha reportado que la presencia de las proteínas recombinantes en cultivos GM aumenta la riqueza y abundancia de los artrópodos (Pons *et al.*, 2005). Los autores atribuyen estos cambios a efectos pleiotrópicos (fenómeno en el que un solo gen tiene más de un efecto sobre los rasgos fenotípicos, e.g., señales olfativas o visuales, o cambios en las características físicas) en consecuencia de la modificación genética de las plantas. Estos cambios pueden hacer más atractivas a las plantas GM para algunos insectos, por lo tanto se estimula un aumento en el tamaño poblacional de esas especies, especialmente durante la reproducción; sin embargo esta hipótesis necesita ser probada con más estudios (Pons *et al.*, 2005). No obstante, los autores también afirman que el aumento en la abundancia y riqueza de artrópodos podría representar la aparición de plagas secundarias, que no son el objetivo de la tecnología o bien propiciar la colonización de especies invasoras y oportunistas que pueden cambiar la estructura de la comunidad de los artrópodos.

Si bien en nuestro estudio se encontró que el ensamblaje de la comunidad de artrópodos es distinto (Figura 7) y la diversidad es menor cuando la proteína Cry1Ab/Ac está presente en las plantas de algodón (Figura 5 y Cuadro 4.1), se debe de considerar que nuestros datos también señalan que las comunidades de artrópodos presentan diferente estructura y dinámica entre sitios de estudio y por tanto entre los tratamientos de proteína recombinante. Tal como se registró en las comparaciones de riqueza y abundancia de artrópodos entre sitios (Cuadro 4.5 y 4.10), así como su contrastante comportamiento a lo largo de las temporadas (Figura 13 y 17) entre Morro Ayuta y Chivela. Lo cual se discute con mayor detalle a continuación.

5.2 Efecto del sitio y la temporada sobre la comunidad de artrópodos

Pese a que se considera que ambas localidades (i.e., Morro Ayuta y Chivela) pertenecen a la misma ecorregión de las selvas cálidas secas (Cuadro 3.1), las diferencias microclimáticas en cada sitio pueden ser factores que pueden ser determinantes en la estructura de la comunidad de artrópodos, en términos de riqueza, abundancia, diversidad y composición (Price *et al.*, 2011). Así como afectar al número y variedad de grupos tróficos como herbívoros, depredadores y nectarívoros en cada sitio (Schowalter, 2011).

Por un lado, en Morro Ayuta (localizado a 40 m s.n.m.) se encontró una mayor riqueza (Cuadro 4.5) y abundancia (Cuadro 4.10) de artrópodos, en comparación con Chivela (ubicado a 210 m s.n.m.), mientras que la diversidad no difirió entre localidades. La diferencia altitudinal entre los sitios (170 m), puede contribuir a explicar los valores de riqueza y abundancia de artrópodos registrados en este estudio, ya que es un factor crucial en los patrones de distribución de diversos organismos y en general se ha observado que conforme aumenta la altitud disminuye la diversidad, abundancia y riqueza de los artrópodos (Schowalter, 2011). Debido a que el aumento en la altitud está estrechamente relacionado con la disminución en la temperatura y un aumento en la precipitación. Por un lado con la altitud aumenta la precipitación, pues a medida que las masas de aire ascienden, se enfrían y favorecen la condensación del agua y la producción de lluvias. En consecuencia, la precipitación determina la cantidad y calidad de recursos

basales que pueden ser utilizados por las plantas para el aumento de su biomasa, el desarrollo de órganos superiores y/o la detención de la floración (Raven *et al.*, 2012). Sin embargo en sitios con mayor altitud, la temperatura es menor, de tal manera que disminuye la productividad primaria y la tasa de crecimiento vegetal. A su vez, la temperatura determina la actividad de los artrópodos por tratarse de organismos poiquiloterms, de modo que a mayor temperatura, la tasa de crecimiento aumenta y el tiempo de desarrollo de los artrópodos disminuye (Chown y Nicolson, 2004). En otras palabras, en sitios con temperaturas mayores, las condiciones ambientales son más favorables para que los artrópodos se desarrollen y realicen sus actividades (Chown y Nicolson, 2004).

Por lo tanto, la altitud tiene repercusiones sobre las condiciones a las que están sujetos los artrópodos y los recursos que pueden ser aprovechados por los mismos. Ya que los sitios con menor altitud tienden a presentar mayor diversidad vegetal, por lo tanto los artrópodos pueden aprovechar una mayor cantidad y variedad de recursos vegetales, además de que las condiciones ambientales son más favorables (Schowalter, 2011).

Los resultados muestran menor riqueza (Cuadro 4.7) y abundancia (Cuadro 4.12) de herbívoros y depredadores en Chivela en comparación con Morro Ayuta. Esto puede ser resultado a que en Morro Ayuta hay una mayor disponibilidad, variedad y calidad de recursos vegetales que pueden ser aprovechados por los artrópodos asociados. Mientras que en Chivela las condiciones pueden ser adversas o bien, los recursos vegetales podrían ser de menor calidad para los artrópodos que se alimentan de ésta especie. Como lo menciona la teoría de las fuerzas ascendentes (Begon *et al.*, 2009), en la que se postula que la disponibilidad de los recursos energéticos basales, determinan la abundancia y variedad de los niveles tróficos superiores. Nakamura *et al.* (2006) reportan que la aparición de órganos vegetales por germinación o brotes aumenta la cantidad y calidad nutrimental de hojas jóvenes. Por lo tanto, la disponibilidad de recursos alimenticios es mayor para los herbívoros, se reduce la competencia interespecífica y aumenta la riqueza y abundancia de herbívoros. Además, la disponibilidad de un mayor número de presas, provoca que aumente la gama de opciones alimenticias para los predadores especialistas.

De modo que, el aumento en la abundancia y riqueza de los niveles tróficos inferiores pueden incrementar la abundancia y riqueza de especies de los niveles tróficos superiores (Nakamura *et al.*, 2006).

En este sentido, la disminución de la riqueza y abundancia de herbívoros asociados al sitio Chivela, podría conllevar al decrecimiento de los mismos rasgos en los predadores debido a la pérdida en la cantidad y disponibilidad de las presas. Y en consecuencia provocar un decline en el tamaño poblacional y la reducción del número de predadores distintos.

Por otro lado, durante el verano y otoño se encontró una mayor diversidad (Cuadro 4.1), riqueza (Cuadro 4.7) y abundancia (Cuadro 4.12) de herbívoros y predadores, con respecto a primavera e invierno. Cabe señalar que en ambientes que presentan una temporada de lluvias y una de secas muy marcadas (como es el caso de las selvas bajas caducifolias), la abundancia y riqueza de artrópodos se modifica significativamente debido a cambios en la temperatura, precipitación y humedad del ambiente. En este sentido el aumento en la disponibilidad de agua durante la temporada de lluvias, conlleva al aumento en la biomasa de las plantas, de manera que propicia la creación o ampliación de los órganos vegetales superiores y contribuye a detonar procesos como floración o fructificación (Raven *et al.*, 2012).

El aumento en la variedad y cantidad vegetal, permite que los artrópodos con requerimientos diferenciales colonicen y aprovechen los recursos para realizar diversas funciones ecológicas, ya que pueden utilizar los órganos vegetales como alimento, ovoposición, refugio o sitios de encuentro con predadores o pareja (Schoonhoven *et al.*, 2005). Repercutiendo al mismo tiempo en el aumento del tamaño poblacional, al consumir mayores recursos en consecuencia de la alta disponibilidad de los mismos (Schowalter, 2011). De modo que si aumenta la variedad y número de herbívoros, también aumentará la variedad y abundancia de los predadores, por el aumento de la disponibilidad de presas y la reducción de la competencia entre los predadores, permitiendo que los artrópodos con requerimientos diferentes se integren al sistema (Schowalter, 2011). De esta manera, para explicar las diferencias de las comunidades de

artrópodos cuando la proteína Cry1Ab/Ac está presente en las plantas de algodón silvestre es necesario considerar la historia evolutiva y ecológica de cada sitio, así como las diferencias microclimáticas de la temperatura, precipitación, tipo de clima, altitud y la temporada de colecta. Lo cual no se midió en este estudio, se sabe que son muy influyentes en las estructuras de las comunidades de artrópodos, sin embargo no se sabe el peso de cada uno de estos parámetros para este sistema de estudio (i.e., artrópodos asociados al algodón).

5.3 Comunidad de artrópodos de plantas de algodón con y sin presencia de la proteína Cry1Ab/Ac y su vecindario circundante

Al comparar las comunidades de artrópodos en las plantas con la presencia de transgenes y su vecindario circundante (parcelas ubicadas en el mismo sitio: Chivela), presentaron diferencias significativas en la composición de especies (Figura 8), pero no difiere en la diversidad (Cuadro 4.1). Además se encontró una menor abundancia de las familias Formicidae (Hymenoptera), Chrysomelidae (Coleoptera), Cicadellidae (Hemitera), Staphylinidae (Coleoptera), Salticidae (Araneae), Simulidae (Diptera) y del orden Lepidoptera (Figura 10), y mayor abundancia de las familias Coccinellidae (Coleoptera) y Curculionidae (Coleoptera) en el algodón con la presencia de la proteína Cry1Ab/Ac (Figura 11).

Por otro lado, los artrópodos colectados sobre algodón sin Cry1Ab/Ac y su vecindario circundante (sitio Morro Ayuta) no presentaron diferencias en la composición de especies (Figura 9). Cabe señalar que la comunidad sin presencia de la proteína Cry1Ab/Ac presentó mayor similitud con los vecindarios de ambos sitios (Chivela [33%] y Morro Ayuta [34%]), a diferencia del algodón con la proteína recombinante (Chivela [20%] y Morro Ayuta [16%]). Mientras que la composición y diversidad de artrópodos entre los vecindarios (Morro Ayuta y Chivela) no difirió significativamente (Figura 10 y Cuadro 4.1). Lo cual sugiere que la presencia de la proteína recombinante Cry1Ab/Ac en las plantas de algodón podría modificar las condiciones microambientales o la cantidad, calidad y disponibilidad de los recursos aprovechados por los artrópodos (en comparación con los

algodones sin Cry1Ab/Ac) y por lo tanto la estructura de la comunidad asociada podría ser más contrastante a la comunidad de artrópodos del vecindario.

5.4 Consideraciones generales

En este trabajo se comparó la estructura de la comunidad de artrópodos en plantas de algodón con y sin presencia de proteínas recombinantes en la región del Istmo de Tehuantepec de Oaxaca. Este tipo de estudios ha cobrado importancia en los últimos años para los análisis de riesgo, protección de especies nativas y preservación de la diversidad biológica asociada a la vegetación silvestre. Ya que se ha reportado baja especificidad de las proteínas Cry sobre los organismos blanco (Losey *et al.*, 1999; Naranjo, 2005; Wolfenbarger *et al.*, 2008) debido a que las proteínas recombinantes se expresan en todos los tejidos vegetales, afectando procesos ecológicos que van desde la dinámica en la rizósfera, la reducción en la diversidad, cambios en la composición de especies; hasta disminuir la riqueza y abundancia de la comunidad de fitófagos que se alimentan de los órganos superiores de las plantas (Icoz y Stotzky, 2008; Balog *et al.*, 2010; Stephens *et al.*, 2012).

En este sentido, el principio precautorio establecido en el protocolo de Cartagena toma un papel preponderante, el cual exige que si no se reconocen por completo las consecuencias de la introducción de una nueva tecnología, ésta no debería implementarse. Cabe señalar que México además de haber firmado la ratificación del Protocolo de Cartagena, también firmó el Protocolo de Nagoya-Kuala Lumpur en el que el gobierno mexicano asume la responsabilidad y la compensación de los daños causados por el uso de la biotecnología moderna (Protocolo de Nagoya, 2011). Por su parte la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados en el artículo 21, asume el daño a la biodiversidad y al medio ambiente que pudiera ser causado por los OGM (LBOGM, 2005).

A pesar de ello, a 19 años de la introducción de algodón GM en México no se cuentan con protocolos estandarizados para que las empresas puedan realizar los análisis de riesgo correspondientes con el fin de determinar las consecuencias reales de la introducción de

nuevos productos y tecnologías en el ambiente. Sin embargo al no contar con una metodología general, los protocolos realmente no garantizan protección de la biodiversidad en áreas circundantes a la liberación de los cultivos GM. Sin embargo, existen dos métodos generales que han permitido detectar los efectos de las proteínas Cry sobre los organismos no blanco: (1) los análisis de laboratorio (Li *et al.*, 2011) y (2) el estudio a las comunidades bióticas donde se ha introducido al OGM (Pilcher *et al.*, 2005; Whitehouse *et al.*, 2005; Sisterson *et al.*, 2007; Jensen *et al.*, 2010).

La introducción de proteínas Cry diseñadas para el control de plagas en los cultivos, es una medida que no considera las interacciones multitróficas que ocurren en un ecosistema. Por lo que la introgresión y expresión continua de estas proteínas en ambientes naturales podría tener consecuencias que pongan en riesgo a múltiples especies, como la aparición de plagas secundarias o el desarrollo de resistencia por parte de los organismos blanco. Por consiguiente mantener éstas prácticas durante lapsos de tiempo prolongados, podría provocar cambios permanentes en la dinámica de las comunidades (Whitham *et al.*, 2006; Price *et al.*, 2011) y por lo tanto influir en la salud de los ecosistemas (Losey y Vaughan, 2006).

El desarrollo de resistencia de los organismos blanco a la proteína Cry1Ab/Ac podría afectar la adecuación de las plantas, y por consecuencia, se necesitaría el desarrollo e implementación de nuevas proteínas recombinantes a los sistemas de producción. Se promovería entonces un proceso tautológico con daños ambientales en cada iteración. Debido a ello se han propuesto técnicas de Manejo Integral de Plagas (MIP) (Cerritos *et al.*, 2011) las cuales toman en cuenta propiedades de las especies como los ciclos de vida, la historia evolutiva e interacciones que se llevan a cabo en el ecosistema para tomar decisiones eficaces.

Sin embargo, algunos autores enfatizan en la probabilidad de que aún no pase el tiempo suficiente para determinar los efectos adversos a corto plazo en el ensamblaje de las comunidades de artrópodos que habitan en ellas, desde la introducción de las primeras plantas GM a los ecosistemas (Whitehouse *et al.*, 2005). No obstante, no observar efectos

en un periodo de tiempo relativamente corto, no implica que no se presenten a mediano y largo plazo.

A pesar de las dificultades legales para el uso de plantas OGM en sistemas naturales, nuestra investigación realizó un diseño experimental que se enfocó en evaluar el daño ambiental ocasionado por los OGM en condiciones reales, prescindiendo así de diseños refinados donde aparentemente se tienen todas las variables bajo control. Cuando se trabaja en condiciones naturales estos experimentos son casi imposibles e irreales. En este sentido, nuestra investigación busca aportar información para comprender el papel ecológico que podría tener la introgresión de transgenes. De tal manera que los patrones encontrados en nuestra investigación, son resultados pioneros y exploratorios para comprender la dinámica ecológica de las proteínas recombinantes en las comunidades.

Por consiguiente para futuras investigaciones basadas en el método de muestro realizado en nuestro estudio, se propone aumentar el tiempo y sitios de colecta, así como muestrear localidades dónde se presenten plantas de algodón con y sin la proteína recombinante. De tal manera que ambos tipos de algodón se encuentren bajo las mismas condiciones ambientales, históricas, ecológicas y evolutivas. Con el fin de confirmar los patrones encontrados en nuestro estudio sobre la diversidad (Cuadro 4.1; Figura 5), abundancia y composición de artrópodos (Figura 7), en una escala temporal y espacial mayor.

Si bien la estructura de la comunidad de los artrópodos está determinada principalmente por características intrínsecas de las plantas hospederas (p. ej. arquitectura vegetal, fenología, productos químicos sintetizados, genética, entre otros); cuando éstas se encuentran bajo condiciones naturales, son múltiples los factores ambientales que pueden contribuir a estructurar el ensamblaje de las comunidades de artrópodos asociados a la vegetación.

Sin embargo además de las características propias de las plantas hospederas, se debe considerar las condiciones geográficas y microclimáticas de los sitios, para explicar las diferencias de los parámetros de riqueza, abundancia, diversidad y composición de especies asociadas a algodón silvestre con y sin Cry1Ab/Ac. Por lo tanto las diferencias en

los rasgos de las comunidades de artrópodos pueden ser explicados por: (1) las condiciones ambientales locales (temporada de lluvias y secas, altitud, temperatura), (2) la historia de manejo y aprovechamiento de cada sitio y (3) por la introgresión de la proteína Cry1Ab/Ac en las plantas de algodón silvestre. En este sentido, nuestra investigación es un estudio exploratorio que, aunado con otros similares, pueden sugerir un efecto adverso sobre las comunidades de artrópodos cuando la proteína Cry1Ab/Ac está presente en plantas silvestres.

6. CONCLUSIONES

De acuerdo con nuestros resultados, la diversidad y composición de artrópodos es distinta entre plantas de algodón con y sin presencia de Cry1Ab/Ac. Por otro lado comunidad de artrópodos de algodón sin la proteína recombinante presentó mayor similitud en composición y abundancia, con los vecindarios de ambos sitios (Chivela y Morro Ayuta) a diferencia del algodón que contiene la proteína Cry1Ab/Ac. Lo anterior sugiere que la comunidad de artrópodos puede estar respondiendo a las diferencias genéticas de la planta huésped. Sin embargo, estos resultados se deben de tomar con cautela, ya que en estas diferencias hay una gran variación por las contrastantes condiciones ambientales, e historias ecológicas de los mismos, las cuales se reflejaron en las diferencias de las estructuras y dinámicas de los artrópodos entre sitios.

Se encontró menor riqueza, abundancia y diversidad de artrópodos en el sitio Chivela. Por otro lado, en Morro Ayuta se registró la mayor riqueza y abundancia de herbívoros y predadores durante verano y otoño en comparación a Chivela. Por otro lado, la riqueza de nectarívoros no varió entre temporadas, sin embargo presentaron su máxima abundancia durante primavera e invierno en Chivela. No se presentaron diferencias entre sitios y temporada de colecta en la riqueza y abundancia de los polinívoros.

Este trabajo es un primer acercamiento para comprender la dinámica ecológica de la introgresión genética en plantas silvestres en la naturaleza. Por consiguiente la introgresión de la proteína Cry1Ab/Ac en plantas de algodón silvestre se une a la cadena de factores que determinan el ensamblaje de las comunidades. De tal manera que los patrones encontrados en nuestra investigación en los atributos de las comunidades son resultados pioneros y exploratorios que contribuyen a comprender la dinámica ecológica de las proteínas recombinantes en condiciones naturales.

BIBLIOGRAFÍA

- Axelsson, E. P., Hjältén, J., LeRoy, C. J., Whitham, T. G., Julkunen-Tiitto, R. y Wennström, A. 2011.** Leaf litter from insect-resistant transgenic trees causes changes in aquatic insect community composition. *Journal of Applied Ecology*. 48: 1472–1479.
- Balog, A., Kiss, J., Szekeres, D., Szénási, Á. y Markó, V. 2010.** Rove beetle (Coleoptera: Staphylinidae) communities in transgenic *Bt* (MON810) and near isogenic maize. *Crop Protection*. 29: 567–571.
- Begon, M., Townsend, C. R. y Harper, J. L. 2009.** Ecology: from individuals to ecosystems, Blackwell Scientia, Oxford. 788 pp.
- Benítez, M. 2014.** Consecuencias de la expresión de proteínas Cry en algodón silvestre de Oaxaca sobre la comunidad de lepidópteros. Tesis profesional. Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México. 104 pp.
- Borror, D., Triplehorn, C. y Johnson, N. 2005.** An introduction to the study of Insects. Philadelphia: Saunders College Pub.
- Brooks, D. R., Bohan, D. A., Champion, G. T., Haughton, A. J., Hawes, C., Heard, M. S., Clark, S. J., Dewar, A. M., Firbank, L. G., Perry, J. N., Rothery, P., Scott, R. J., Woiwod, I. P., Birchall, C., Skellern, M. P., Walker, J. H., Baker, P., Bell, D., Browne, E. L., Dewar, A. J. G., Fairfax, C. M., Garner, B. H., Haylock, L. A., Horne, S. L., Hulmes, S. E., Mason, N. S., Norton, L. R., Nuttall, P., Randle, Z., Rossall, M. J., Sands, R. J. N., Singer, E. J. y Walker, M. J. 2003.** Invertebrate responses to the management of genetically modified herbicide-tolerant and conventional spring crops. I. Soil-surface-active invertebrates. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*. 358: 1847–62.
- Brubaker, C. y Wendel, J. 1994.** Reevaluating the origin of domesticated cotton (*Gossypium hirsutum*; Malvaceae) using nuclear restriction fragment length polymorphisms (RFLPs). *American journal of botany*. 81: 1309–1326.
- Burton, M., James, S., Lindner, B. y Pluske, J. 2001.** A way forward for Frankenstein foods, p. 336. En: Santaniello, V., Evenon, R.E., Zilberman. *Market development for genetically modified foods*. CABI, Berkeley, USA, pp. 7-23.
- CERA, Center for Environmental Risk Assessment. 2011.** GM Crop Database, en <http://www.cera-gmc.org/GMCropDatabase>, consultado el 20 de noviembre de 2013.

- Cerritos, R., Wegier, A. y Alavez, V. 2011.** Toward the development of novel long-term pest control strategies based on insect ecological and evolutionary dynamics. *Integrated pest management and pest control*, ISBN 978-953-307-926-4.
- Chao, A. y Shen, T. 2010.** User's guide for program SPADE (species prediction and diversity estimation). National Chung Hsing University. Consultado en <http://chao.stat.nthu.edu.tw>.
- Chown, S. L. y Nicolson, S. W. 2004.** Insect physiological ecology: mechanisms and patterns. Oxford, Oxford University Press.
- CONABIO, Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. 2009.** Ecorregiones de México, en http://www.conabio.gob.mx/informacion/metadatos/gis/ecort08gw.xml? xsl=/db/metadatos/xsl/fgdc_html.xsl& indent=no, consultado el 15 de noviembre de 2013.
- Dively, G. P., Rose, R., Sears, M.K, Hellmich, R. y Stanley-Horn, D.E. 2004.** Effects on monarch butterfly larvae (Lepidoptera: Danaidae) after continuous exposure to Cry1Ab-expressing corn during anthesis. *Environmental entomology*. 33(4): 1116.
- Dungey, H. S., Potts, B. M., Whitham, T. G. y Li, H. F. 2000.** Plant genetics affects arthropod community richness and composition: evidence from a synthetic eucalypt hybrid population. *Evolution*. 54: 1938–46.
- Dyer, G. A., Serratos-Hernández, J. A., Perales, H. R., Gepts, P., Piñeyro-Nelson, A., Chávez, A., Salinas-Arreortua, N., Yúnez-Naude, A., Taylor, J. E. y Alvarez-Buylla, E. R. 2009.** Dispersal of transgenes through maize seed systems in Mexico. *Plos One*. 4: e5734.
- Fritz, R. S., Hochwender, C. G., Brunsfeld, S. J. y Roche, B. M. 2003.** Genetic architecture of susceptibility to herbivores in hybrid willows. *Journal of evolutionary biology*. 16:1115–1126.
- Gaston, K. J. 1996.** Biodiversity: A biology of numbers and difference. Primera Edición. Wiley, John and Sons, Inc.
- Gray, A. y Raybould, A. F. 1994.** Will hybrids of genetically modified crops invade natural communities? *Trends in Ecology and Evolution*. 9: 85–89.
- Gurevitch, J., Scheiner, S. M. y Fox, G. A. 2006.** The ecology of plants. Segunda Edición. Sinauer Associates INC. Massachusetts, USA, 518 pp.

- Hagenbucher, S., Olson, D. M., Ruberson, J. R., Wäckers, F. L. y Romeis, J. 2013.** Resistance mechanisms against arthropod herbivores in cotton and their interactions with natural enemies. *Critical reviews in plant sciences*, 32: 458–482.
- Hawes, C., Haughton, A. J., Osborne, J. L., Roy, D. B., Clark, S. J., Perry, J. N., Rothery, P., Bohan, D. A., Brooks, D. R., Champion, G. T., Dewar, A. M., Heard, M. S., Woiwod, I. P., Daniels, R. E., Young, M. W., Parish, A. M., Scott, R. J., Firbank, L. G. y Squire, G. R. 2003.** Responses of plants and invertebrate trophic groups to contrasting herbicide regimes in the farm scale evaluations of genetically modified herbicide-tolerant crops. *Philosophical transactions: biological sciences*. 358: 1899–913.
- Head, G., Moar, W., Eubanks, M., Freeman, B., Ruberson, J., Hagerty, A. y Turnipseed S. 2005.** A multiyear, large-scale comparison of arthropod populations on commercially managed *Bt* and non-*Bt* cotton fields. *Environmental entomology*. 34: 1257–1266.
- Hilbeck, A., Meier, M., Römbke, J., Jänsch, S., Teichmann, H. y Tappeser, B. 2011.** Environmental risk assessment of genetically modified plants-concepts and controversies. *Environmental sciences europe*. 23(1): 13.
- Hunter, M. D. y Price, P. W. 1992.** Playing chutes and ladders: heterogeneity and the relative roles of bottom-up and top-down forces in natural communities. *Ecology*. 73: 724–732.
- Icoz, I. y Stotzky, G. 2008.** Fate and effects of insect-resistant *Bt* crops in soil ecosystems. *Soil biology and biochemistry* 40: 559–586.
- INEGI, Instituto Nacional de Estadística y Geografía. 2008.** Ecorregiones terrestres de México, en <http://www.conabio.gob.mx/informacion/gis/layouts/ecort08gw.png>, consultado el 13 de julio de 2014.
- James, C. 2013.** Global status of commercialized biotech/GM crops: 2013 No. 46. ISAAA: Thaca. NY. En: <http://www.isaaa.org/resources/publications/briefs/46/executivesummary/>, consultado el 13 de julio de 2014.
- Jensen, P. D., Dively, G. P., Swan, C. M. y Lamp, W. O. 2010.** Exposure and nontarget effects of transgenic *Bt* corn debris in streams. *Environmental entomology*. 39: 707–14.
- Lang, A. y Bühler, C. 2012.** Estimation of required sampling effort for monitoring the possible effects of transgenic crops on butterflies: Lessons from long-term monitoring schemes in Switzerland. *Ecological indicators*. 13: 29–36.

- Legendre, P. y Anderson, M. 1999.** Distance-based redundancy analysis: testing multispecies responses in multifactorial ecological experiments. *Ecological monographs*. 69: 1–24.
- LBOGM, Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados. 2005.** Cámara de Diputados y Senadores del H. Congreso de la Unión, México. En: <http://www.diputados.gob.mx/LeyesBiblio/pdf/LBOGM.pdf>, consultado el 5 de novimembre de 2013.
- Li, F.-F., Ye, G.-Y., Wu, Q., Peng, Y.-F. y Chen, X.-X. 2007.** Arthropod abundance and diversity in *Bt* and non-*Bt* rice fields. *Environmental entomology*. 36: 646–54.
- Li, G., Gao, Y., Feng, H. y Qiu, F. 2011.** Frequency of *Bt* resistance alleles in *Helicoverpa armigera* in 2007–2009 in the Henan cotton growing region of China. *Crop protection*. 30: 679–684.
- López-Gómez, V. y Cano-Santana, Z. 2011.** Host-plant specialisation and diurnal dynamics of the arthropod community within *Muhlenbergia robusta* (Poaceae), pp. 15–26. En: López-Pujol, J., The importance of biological interactions in the study of biodiversity. 15-26 pp.
- Losey, J. E. y M. Vaughan. 2006.** The economic value of ecological services provided by insects. *Bioscience*. 56: 311–323.
- Losey, J.E., Rayor, L.S. y Carter, M.E. 1999.** Transgenic pollen harms monarch larvae. *Nature*. 399: 6–7.
- Ma, H., Zhao, M., Wang, H., Wang, Z., Wang, Q. y Dong, H. 2014.** Comparative incidence of cotton spider mites on transgenic *Bt* versus conventional cotton in relation to contents of secondary metabolites. *Arthropod-plant interactions*. 8: 1–7.
- Men, X., Ge, F., Liu, X. y Yardim, E. 2003.** Diversity of arthropod communities in transgenic *Bt* cotton and nontransgenic cotton agroecosystems. *Environmental entomology*. 32: 270–275.
- Miller, H. 2001.** Plotting the course for GM forestry. *Nature Biotechnology*. 19, 1103-1104
- Moran, N. A. y Whitham, T. G. 1990.** Differential colonization of resistant and susceptible host plants: *Pemphigus* and *Populus*. *Ecology* 71:1059–1067
- Mopper, S., Mitton, J. B., Whitham, T. G., Cobb, N. S. y Christensen, K. M. 1991.** Genetic differentiation and heterozygosity in pinyon pine associated with resistance to herbivory and environmental stress. *Evolution* 45:989–999

- Nair, K. S. S. 2007.** Tropical forest insect pests: ecology, impact, and management. Primera edición. Cambridge University Press, Cambridge.
- Nakamura, M., Kagata, H. y Ohgushi, T. 2006.** Trunk cutting initiates bottom-up cascades in a tri-trophic system: sprouting increases biodiversity of herbivorous and predaceous arthropods on willows. *Oikos*. 2: 259-268.
- Naranjo, S. E. 2005.** Long-term assessment of the effects of transgenic *Bt* cotton on the function of the natural enemy community. *Environmental entomology*. 34: 1211–1223.
- O’Hara, R. B. y Kotze, D. J. 2010.** Do not log-transform count data. *Methods in ecology and evolution*. 1: 118–122.
- Oksanen, K., Blanchet, F.G, Kindt, R., Legendre, P., Minchin, P.R., O'Hara, R.B., Simpson, G.L., Solymos, P., Stevens, H. H. y Wagner, H. 2015.** vegan: Community Ecology Package. R package version 2.3-0. <http://CRAN.R-project.org/package=vegan>
- Oliver, I. y Beattie, A. J. 1996.** Invertebrate morphospecies as surrogates for species: a case study. *Conservation biology*. 10: 99–109.
- Osier, T. L. y Lindroth, R. L. 2001.** Effects of genotype, nutrient availability, and defoliation on aspen phytochemistry and insect performance. *Journal of chemical ecology*. 27:1289–1313.
- Parimi, S., Char, B., Gorovale, R. K. y Chaporkar, C. B. 2010.** Insect tolerant cotton in India, en: Zehr, U.B. (ed.). Cotton biotechnology in agriculture and forestry. Springer-Verlag, Berlín y Heidelberg, pp. 95-111.
- Pilcher, C. D., Rice, M. E. y Obrycki, J. J. 2005.** Impact of transgenic *Bacillus thuringiensis* corn and crop phenology on five nontarget arthropods. *Environmental entomology*. 34: 1302–1316.
- Pons, X., Lumbierres, B., López, C. y Albajes, R. 2005.** Abundance of non-target pests in transgenic *Bt*-maize: A farm scale study. *European journal of entomology*. 73–79.
- Prather, C. M., Pelini, S. L., Laws, A., Rivest, E., Woltz, M., Bloch, C. P., Del Toro, I., Ho, C. K., Kominoski, J., Newbold, T. A. S., Parsons, S. y Joern, A. 2013.** Invertebrates, ecosystem services and climate change. *Biological reviews*. 88: 327–348.
- Price, P. W., Denno, R. F., Eubanks, M. D., Finke, D. L. y Kaplan, I. 2011.** Insect ecology: behavior, populations and communities. Cambridge University Press. U.K 801 pp.

- Purcell, J. , Greenplate, R. G., Cantrell, R. G., Hugie, W. V., Perlak, F. J. y Frayley, R. T. 2010.** New tool and traits for cotton improvement, p. 261. *En:* Zehr, U.B. Cotton biotechnology in agriculture and forestry. Springer-Verlag Berlín Heidelberg 65: 79-94
- R Core Team (2015).** R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <http://www.R-project.org/>
- Raven, P. H., Evert, R. F. y Eichhorn, S. E. (2012).** Biology of Plants (p. 880). W. H. Freeman. Retrieved from. <http://books.google.com/books?id=FR0VAAAQBAJ&pgis=1>.
- Rosenthal, J. P. y Berenbaum, M. 1991.** Herbivores: their interaction with secondary plant metabolites. Segunda edición. Academic Press, New York.
- Rzedowski, J. 2006.** Vegetación de México. Primera Edición digital, Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). México, Distrito Federal. Capítulo 12. En http://www.biodiversidad.gob.mx/publicaciones/librosDig/pdf/VegetacionMx_Con_t.pdf, consultado el 15 de noviembre de 2013.
- Serratos, J.A. 2009.** Bioseguridad y dispersión del maíz transgénico en México. *Ciencias*, 92-93:130-141.
- Stewart, J. 2012.** Plant biotechnology and genetics: principles, techniques and applications, Primera Edición. Wiley, John & Sons, Incorporated, University of Tennessee, Knoxville Tennessee.
- SAGARPA, Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. 2010.** Bioseguridad. En <http://www.sagarpa.gob.mx>, consultado el 19 de diciembre del 2013.
- Samways, M. J. 2007.** Insect conservation: a synthetic management approach. *Annual review of entomology*. 52: 465–87.
- Sanchis, V. y Bourguet, D. 2008.** *Bacillus thuringiensis*: applications in agriculture and insect resistance management. A review. *Agronomy for sustainable development*, 28: 11-20.
- Sanvido, O., Romeis, J., Gathmann, A., Gielkens, M., Raybould, A. y Bigler, F. 2012.** Evaluating environmental risks of genetically modified crops: ecological harm criteria for regulatory decision-making. *Environmental science and policy*. 15: 82–91.

- SCDB**, Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica. **2000**. Protocolo de Cartagena sobre seguridad de la Biotecnología del Convenio sobre la Diversidad Biológica: texto y anexos. Montreal. En <http://www.cbd.int/doc/legal/cartagena-protocol-es.pdf>, consultado el 20 de febrero del 2013.
- Scheirs, J. y De Bruyn, L. 2002**. Integrating optimal foraging and optimal oviposition theory in plant–insect research. *Oikos*. 96: 187–191.
- Schoonhoven, L. M., Van Loon, J. J. A. y Dicke, M. 2005**. Insect-plant biology. Segunda edición. OUP Oxford, Oxford, New York.
- Schowalter, T. D. 2011**. Insect ecology: an ecosystem approach. Segunda edición. Academic Press, San Diego, California, USA.
- SENASICA**, Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria. **2013**. Historia de la Bioseguridad de OGM. México, en <http://www.senasica.gob.mx/?id=2403>, consultado el 25 de mayo de 2014.
- Shannon, C. E. 1948**. A mathematical theory of communication. *Bell system tech journal*. 27:379-423, 623-656.
- Siegel, S. y Castellan, N. J. 1995**. Estadística no paramétrica aplicada a las ciencias de la conducta. Trillas, México. 437 pp.
- Sisterson, M. S. y Biggs, R. W. 2004**. Arthropod abundance and diversity in *Bt* and non-*Bt* cotton fields. *Environmental entomology*. 33: 921–929.
- Sisterson, M. S., Carrière, Y., Dennehy, T. J. y Tabashnik, B. E. 2007**. Nontarget effects of transgenic insecticidal crops: implications of source-sink population dynamics. *Environmental entomology*. 36: 121–7.
- Soul, M. E., y Simberloff, D. 1986**. What do genetics and ecology tell us about the design of nature reserves? *Biological conservation*. 35: 19–40.
- Southwood, S. R. y Henderson, P. A. 2000**. Ecological methods. Tercera edición. University of Oxford, South Parks Road, Oxford.
- Stephens, E. J., Losey, J. E., Allee, L. L., DiTommaso, A., Bodner, C. y Breyre, A. 2012**. The impact of Cry3Bb *Bt*-maize on two guilds of beneficial beetles. *Agriculture, ecosystems and environment*. 156: 72–81.
- Stewart, P., Wendel, J. F., Brubaker, C. L. y Seelanan, T. 2010**. The origin and evolution of *Gossypium*, pp. 1–18. En Stewart, J.M., Oosterhuis, D.M., Heitholt, J.J., Mauney, J.R., *Physiology of cotton*. Springer Netherlands, Dordrecht.

- Sundaramurthy, V. 2010.** The impacts of the transgenes on the modified crops, non-target soil and terrestrial organisms. *African journal of biotechnology*. 9: 9163–9176.
- Tabashnik, B. E., Brévault, T. y Carrière, B. 2013.** Insect resistance to *Bt* crops: lessons from the first billion acres. *Nature biotechnology*. 31: 510–21.
- Thaler, J. S. 2002.** Effect of jasmonate-induced plant responses on the natural enemies of herbivores. *Journal of animal ecology*. 71: 141–150.
- Tóthmérész, B. 1995.** Comparison of different methods for diversity ordering. *Journal of vegetation science*. 6: 283–290.
- Traxler, G., y Godoy-Avila, S. 2004.** Transgenic cotton in Mexico. *Agrobiotechnology management and economics*. 7: 57–62.
- Turlings, T. 1995.** How caterpillar-damaged plants protect themselves by attracting parasitic wasps. *Proceedings of the national academy of sciences*. 92: 4169–4174.
- Uscanga, A. 2013.** Variación foliar de algodón (*Gossypium hirsutum*), silvestre y cultivada en México. Tesis profesional. Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, 62 pp.
- Watkinson, A. R., Freckleton, R. P., Robinson, R. A. y Sutherland, W. J. 2000.** Predictions of biodiversity response to genetically modified herbicide-tolerant crops. *Science*. 289: 1554–7.
- Wegier, A. 2013.** Diversidad genética y conservación de *Gossypium hirsutum* silvestre y cultivado en México. Tesis profesional para obtener el grado de Doctor en Ciencias. Universidad Nacional Autónoma de México. 144pp.
- Wegier, A., Piñeyro-Nelson, A., Alarcón, J., Gálvez-Mariscal, A., Alvarez-Buylla, E. R. y Piñero, D. 2011.** Recent long-distance transgene flow into wild populations conforms to historical patterns of gene flow in cotton (*Gossypium hirsutum*) at its centre of origin. *Molecular ecology*. 20: 4182–4194.
- Whitehouse, M. E. A., Wilson, L. J. y Fitt, G. P. 2005.** A comparison of arthropod communities in transgenic *Bt* and conventional cotton in Australia. *Entomological society of America*. 34(5): 1224–1241.
- Whitham, T. G., Bailey, J. K., Schweitzer, J. A., Shuster, S. M., Bangert, R. K., LeRoy, C. J., Lonsdorf, E. V., Allan, G. J., DiFazio, S. P., Potts, B. M., Fischer, D. G., Gehring, C. A., Lindroth, R. L., Marks, J. C., Hart, S. C., Wimp, G. M. y Wooley, S. C. 2006.** A framework for community and ecosystem genetics: from genes to ecosystems. *Nature reviews, Genetics*. 7: 510–23.

- Whitham, T. G., Martinsen, G. D. y Keim, P. 1999.** Plant hybrid zones affect biodiversity: tools for a genetic-based understanding of community structure. *Ecology*. 80: 416–428.
- Wimp, G. M., Martinsen, G. D., Floate, K. D., Bangert, R. K. y Whitham, T.G. 2005.** Plant genetic determinants of arthropod community structure and diversity. *Evolution*. 59: 61–9.
- Wolfenbarger, L. L., Naranjo, S. E., Lundgren, J. G., Bitzer, R. J. y Watrud, L. S. 2008.** *Bt* crop effects on functional guilds of non-target arthropods: a meta-analysis. *Plos One*. 3: e2118.
- Wu, G., Harris, M. K., Guo, J.-Y. y Wan, F.-H. 2009.** Response of multiple generations of beet armyworm, *Spodoptera exigua* (Hübner), feeding on transgenic *Bt* cotton. *Journal of applied entomology*. 133: 90–100.
- Zaid, A., Hughes, H., Porceddu, E. y Nicholas, F. 1999.** Glossary of biotechnology and genetic engineering. FAO, Research and technology paper.
- Zar, J. H. 2010.** Biostatistical analysis. Prentice Hall, Upper Saddle River 944 pp.
- Zhang, J., Zheng, X., Jian, H., Qin, X. y Yuan, F. 2013.** Arthropod biodiversity and community structures of organic rice ecosystems in Guangdong province, China. *Florida entomologist*. 96: 1–9.