Ing. Alfonso Flores Ramírez
Director General de Impacto y Riesgo Ambiental
P R E S E N T E

Me refiero a su oficio S.G.P.A./D.G.I.R.A./D.G./7843 de fecha 28 de septiembre de 2012 recibido por CONABIO el 1 de octubre del mismo año, relacionado a la **solicitud No. 074/2012 para la liberación al ambiente de *Gossypium hirsutum*** L. genéticamente modificado BCS-GHØØ2-5 x ACS-GHØØ1-3, presentada **por Bayer de México, S.A. de C.V., para liberar en etapa experimental durante 2013 en los estados de San Luis Potosí, Tamaulipas y Veracruz.**

Sobre el particular, y con fundamento en lo dispuesto por los artículos 6° fracción IV del Acuerdo por el que se crea la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad y 27 fracción XX del Reglamento Interior de la Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales, a continuación me permito emitir la siguiente opinión técnica vinculante, misma que se basó en el análisis de riesgo por flujo génico que se adjunta al presente:

OPINIÓN TÉCNICA VINCULANTE

1. **No se considera viable** la liberación en etapa experimental de *Gossypium hirsutum* L. genéticamente modificado BCS-GHØØ2-5 x ACS-GHØØ1-3, presentada por Bayer de México, S.A. de C.V., dentro de los polígonos propuestos en los estados de San Luis Potosí, Tamaulipas y Veracruz.

Resultados del análisis de riesgo a la solicitud 074/2012 para la liberación al ambiente de *Gossypium hirsutum* L. genéticamente modificado ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5 (Libertylink® X GlyTol®), presentada por Bayer México S.A. de C.V., para liberar en etapa experimental durante el año 2013 en los estados de Tamaulipas, San Luis Potosí y Veracruz.

Esta solicitud fue enviada por SEMARNAT a CONABIO para su análisis y evaluación mediante el oficio S.G.P.A./D.G.I.R.A./D.G./7843 de fecha 28 de septiembre de 2012 y recibida por CONABIO el 01 de octubre del mismo año.

Recomendación Final del Análisis de Riesgo:
NO SE CONSIDERA VIABLE LA LIBERACIÓN EN ETAPA EXPERIMENTAL EN LOS POLIGONOS SOLICITADOS

ESTA RECOMENDACIÓN FINAL DEL ANALISIS DE RIESGO DE LA SOLICITUD 074/2012 SE BASA EN LO SIGUIENTE:

1. **Caracterización del OGM.**

Este evento de transformación ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5 (Libertylink® X GlyTol® o LL25 x Glytol) confiere tolerancia a los herbicidas glufosinato de amonio y glifosato (inserción de los genes *bar* y *2mepsps*). Este evento ha sido solicitado en el estado de Tamaulipas bajo las solicitudes 056/2007, 020/2008, 043/2009, 070/2010 y 090/2011, de las cuales solo tenemos conocimiento que fue liberada en campo la solicitud 056/2007 dentro del Campo Experimental INIFAP Río Bravo. Es la primera ocasión en que se solicita liberar dentro de los estados de San Luis Potosí y Veracruz.

2. **Análisis de aspectos moleculares.**

El promovente presenta información de utilidad para llevar a cabo el análisis molecular del evento apilado Algodón ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5 solicitado, de acuerdo a la etapa de desarrollo del producto y el objetivo de la liberación propuesto en la solicitud y de acuerdo a la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados.

Sin embargo, mucha de la información que se proporciona en esta solicitud se refiere principalmente a los parentales del evento y contiene pocos datos específicos del evento apilado solicitado. Es necesario que el promovente aclarara varios puntos tales como:

a) Aclarar el modo de obtención del apilado, es decir, si este se genera cada vez por nuevas cruzas entre parentales o si ya está constituido en una línea única, y en función de

eso, describir adecuada, completamente y en detalle la información referente a la estabilidad genética del apilado (los Southerns mostrados carecen de la descripción de la sonda, de las enzimas de restricción utilizadas, entre otros aspectos técnicos de importancia);
b) Detallar lo referente a la cuantificación de las proteínas expresadas, tanto en los parentales como en el apilado, incluyendo las evidencias experimentales que sustenten los datos presentado;
c) Profundizar en la caracterización de la identidad de las zonas genómicas flanqueantes a los insertos.

La CONABIO considera recomendable estar atentos respecto a las dudas técnicas que han surgido en relación al uso del glifosato, ya que se han documentado recientemente posibles efectos negativos para la salud humana, el ambiente, la diversidad biológica y la sanidad animal y vegetal (Richard *et al.,* 2005; Huber, 2007; Paganelli *et al.*, 2010; Antoniou *et al.*, 2011; Seralini *et al.*, 2012).

3. Análisis de aspectos geográficos.

La liberación experimental se pretende llevar a cabo en los estados de Tamaulipas, San Luis Potosí y Veracruz. **Zonas Agrícolas del Norte de Tamaulipas:** el sitio solicitado se encuentra delimitado por los siguientes vértices: -97.66805, 26.00278; -97.37064, 25.77341; -97.55446, 25.55966; -97.7534, 25.42995; -98.12578, 25.03980; -98.94885, 25.04615; -98.33928, 25.50283; -98.55895, 25.49593; -98.57656, 26.23106 y -98.19504, 26.04489. **Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas:** el sitio solicitado se encuentra delimitado por los siguientes vértices: -97.95692, 23.28916; -97.77361, 22.89125; -97.88394, 22.55768; -97.81832, 22.24519; -98.16706, 21.68185; -98.84888, 21.93222; -98.87124, 22.41509; -99.11267, 22.43297 y -99.15291, 23.12597.

Sí observamos consecuencias por la liberación de *Gossypium hirsutum* L., genéticamente modificado ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5 (Libertylink® x GlyTol®), dada la posibilidad de hibridación con el organismo receptor silvestre. Esto se debe a que existen registros de sitios de colecta del 2008 de la especie *G. hirsutum* en forma silvestre en el municipio de Altamira, y a que gran parte del sitio solicitado Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas cae dentro de la metapoblación de *G. hirsutum* Golfo Norte. Se resalta que recientemente en individuos de esta metapoblación, se identificó la presencia de las proteínas recombinantes Cry1Ab/1AC, Cry2A, CP4EPSPS o PAT en un 58% de las semillas muestreadas (Wegier *et al.*, 2011), lo que constituye una evidencia de que ya ha habido flujo de genes de cultivos GM hacia las poblaciones silvestres de algodón en la región.

Sí observamos posibles consecuencias en función a la posibilidad de hibridación con el organismo receptor cultivado si este cultivo se sembrara en el periodo de liberación, debido a que en el período del 2005 al 2011 (con excepción del 2009) se reportó la siembra de algodón dentro de los sitios propuestos de liberación.

La ANP más cercana al sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Norte de Tamaulipas" es "Laguna Madre y Delta del Río Bravo", la cual se encuentra a 1.82 kilómetros. Las ANP más cercanas al sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas" son "Sierra del Abra Tanchipa", la cual se encuentra a 2.89 kilómetros y "Rancho San Pedro", la cual se encuentra a 3.74 kilómetros.

Dentro del sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Norte de Tamaulipas" se encuentra la Región Terrestre Prioritaria: "Laguna Madre", la Región Hidrológica Prioritaria: "Río Bravo Internacional" y la Región Marina Prioritaria "Laguna Madre". Dentro del sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas" se encuentran las Regiones Terrestres Prioritarias: "Sierra de Tamaulipas", "Encinares tropicales de Loma Las Pitas y Sierra Maratines", "Cenotes de Aldama", "El Cielo" y "Laguna San Andrés". Las Regiones Hidrológicas Prioritarias "Río Tamesí", "Cenotes de Aldama" y "Confluencia de las Huastecas" y las Regiones Marinas Prioritarias: "Laguna San Andrés" y "Pueblo Viejo-Tamiahua".

Dentro del sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Norte de Tamaulipas" se encuentran tres ecorregiones: Planicie Interior Tamaulipeca con matorral xerófilo, Planicie Costera Tamaulipeca con vegetación xerófila o sin vegetación aparente y Humedales de la Laguna Madre. Dentro del sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas" se encuentran siete ecorregiones: Lomeríos y Sierras con matorral xerófilo y bosques de encino; Sierra de Maratines con selva mediana caducifolia; Sierra con bosques de encinos, coníferas y mixtos; Selva baja caducifolia y bosque de encino de la Sierra de Dientes de Moreno; Planicie Costera con selva baja espinosa; Lomeríos y Planicies con selva baja caducifolia (de la Sierra de las Cucharas) y Humedales del Pánuco.

4. Análisis de aspectos biológicos.

En México, dentro del género *Gossypium,* se reconocen 11 especies diploides (*G. aridum, G. armourianum, G. davidsonii, G. gossypioides, G. harknessii, G. laxum, G. lobatum, G. schwendimanii, G. thurberi, G. trilobum* y *G. tumeri*) y dos tetraploides (*G. hirsutum*, G. *barbadense*) (Fryxell, 1988; Wegier, 2008; Wegier *et al.*, 2010).

G. hirsutum y *G. barbadense* pueden entrecruzarse y tener descendencia fértil ya que de manera natural estas especies han tenido introgresión en áreas donde se sobrelapan las poblaciones. Sin embargo, este intercambio no se da de manera simétrica: en *G. barbadense* la introgresión se da principalmente a partir de alelos provenientes de cultivares modernos de *G. hirsutum*. En contraste, la introgresión de alelos de *G. barbadense* hacia *G. hirsutum* es común en poblaciones silvestres en áreas de simpatría, pero es raro observarla en cultivares modernos.

México es centro de origen y diversidad genética de *G. hirsutum* L., el cual incluye ocho metapoblaciones ubicadas en Baja California Sur, Pacífico Norte (Sinaloa y Nayarit), Bahía de Banderas (Nayarit), Pacífico Centro (Jalisco, Michoacán, Guerrero), Pacífico Sur (Guerrero, Oaxaca y Chiapas), Golfo Norte (sur de Tamaulipas y norte de Veracruz),

Golfo sur (centro y sur de Veracruz) y Península de Yucatán (Campeche, Yucatán y Quintana Roo) (Wegier *et al.*, 2011).

G. hirsutum L. se cultiva principalmente en los estados de Baja California, Chihuahua, Coahuila, Durango, Sinaloa, Sonora, Tamaulipas, Veracruz, San Luis Potosí, Campeche y Yucatán.

En el OGM y en el algodón cultivado, la reproducción es de manera sexual tanto por autogamia (autofecundación) como por alogamia (fecundación cruzada), siendo el primero de ellos, el mecanismo más común (McGregor 1976; Fryxell, 1993; Smith, 1995). Ambos comparten los polinizadores *Bombus ssp.* (abejorro) y *Apis mellifera* (abeja) (McGregor, 1976).

El algodón GM, el algodón cultivado no GM y las poblaciones silvestres de *G. hirsutum* pueden entrecruzarse y tener descendencia fértil (McGregor 1976, Fryxell 1993, Smith 1995, Wegier 2005; Wegier *et al.*, 2010, 2011). En cuanto a la información referente a las distancias de flujo génico por polen y semilla, se tienen datos y evidencias obtenidas de diferentes fuentes:

- Estudios de flujo génico entre algodón cultivado GM y no GM, han encontrado que la zona de influencia en la que puede existir flujo vía polen es de 750 m (Heuberger *et al.*, 2010). Este estudio concluye que el cuidado en el manejo de la cosecha por parte de los agricultores es más importante que la distancia de aislamiento que se plantee para evitar el flujo vía polen.

- Estudios recientes han encontrado que existen relaciones genéticas entre poblaciones silvestres de *G. hirsutum* que se encuentran separadas por distancias de más de 200 km, lo que muy posiblemente se haya manifestado por dispersiones de semillas a través de cuerpos de agua (Wegier, 2005; Wegier *et al.*, 2010, 2011).

- En México se han identificado individuos en más de una metapoblación de algodón silvestre que presentan proteínas Cry1AB y/o Cry1Ac y/o Cry2A y/o CP4EPSPS y/o PAT, en las metapoblaciones Pacífico Norte, Pacífico Sur, Golfo Norte y Golfo Sur (Wegier et al., 2011), de las cuales la metapoblación Pacífico Sur se encuentra a mas de 500 km de distancia de la fuente conocida más cercana de algodón GM, la cual incluye las zonas del norte del país donde éste se ha liberado.

Estas evidencias indican que el flujo génico con poblaciones silvestres ya ha tenido lugar y que éste puede darse a distancias de varios cientos de kilómetros y es probablemente mediado por la dispersión de semilla. Es necesario investigar y entender cómo es que las construcciones genéticas de algodones GM llegaron a las poblaciones silvestres de algodón en México, así como estudiar las consecuencias de que estas construcciones genéticas se hayan ya integrado de manera aparentemente permanente dentro de estas poblaciones silvestres.

Adicionalmente, esta liberación al ambiente se pretende efectuar durante el año 2013 y el promovente no menciona en qué ventana de siembra pretende liberar (Primavera-Verano, Otoño-Invierno); lo único que afirma es que calcula hacerlo durante seis meses. Es importante que el promovente aclare esta situación, ya que existe la posibilidad de que se presente sobrelapamiento en la floración entre el OGM y los cultivares de algodón no GM.

5. Análisis de aspectos fenotípicos.

Las características fenotípicas del OGM, no representan un riesgo de que *G. hirsutum*, pueda convertirse en maleza. A pesar que en varios países el algodón es reportado como algún tipo de maleza, (maleza casual, escape de cultivo, planta naturalizada) en ninguna de estas categorías se considera una amenaza; su ciclo de vida es relativamente largo ya que es de más tres meses, desde la germinación, hasta la liberación de las semillas del fruto; además, requiere de ciertas condiciones medioambientales para poder germinar y establecerse.

Es necesario dar seguimiento puntual a la utilización (desmedida inclusive) del glifosato en campo que ha conllevado ya a la aparición de resistencia al mismo por parte de ciertas malezas. Existen reportes científicos que indican que han aumentado los casos de evolución de resistencia a un número de herbicidas en campo y en particular al glifosato, en especial en regiones donde se ha adoptado la tecnología que incluye en su paquete el uso de alguno de estos herbicidas de manera casi exclusiva.

Para México existe ya el reporte de un biotipo de *Leptochloa virgata* resistente al glifosato, en huertos del estado de Veracruz. Adicionalmente, de las 23 especies de malezas para las que se ha reportado la existencia de biotipos resistentes al glifosato, 18 se encuentran en México. De estas *Amaranthus palmeri, Ambrosia artemisiifolia, Euphorbia heterophylla, Echinochloa colona, Eleusine indica* y *Sorghum halepense* (ver Tabla 4.), son reportadas por Villaseñor y Espinosa (1998) en cultivos de algodón y además presentan algún tipo de invasividad en ambientes en México. En el caso de glufosinato de amonio, el número de especies resistentes es mucho menor, ya que hasta la fecha se reportan solo dos, *Lolium multiflorum* (Oregon USA, 2010) y *Eleusine indica*, (Malasia, 2009); sin embargo para ambas especies se han reportado biotipos que presentan resistencias múltiples a herbicidas de distintos grupos, y algunos de estos casos han surgido en distintos países. *E. indica*, además presenta rasgos de invasividad, lo que aumentaría el riesgo en caso de que surgiesen biotopos resistentes en nuestro país.

Como se ha mencionando en recomendaciones anteriores, para solicitudes de liberación al ambiente de organismos genéticamente modificados con tolerancia a glifosato, es preocupante para esta Comisión Nacional que aparezcan casos de biotipos resistentes, ya que esto podría tener un serio efecto negativo en el manejo agrícola en general. La conclusión a la que han llegado los científicos es que este problema surge a partir de un mal "manejo" de la tecnología, que no se resolverá con nuevos eventos de

transformación que apilen varios genes que confieran tolerancia a más de un herbicida, sino que sólo comprará un poco más de tiempo antes de que se vuelva a presentar el problema. Es por tanto necesario asegurar una capacitación adecuada respecto al uso y manejo adecuado del glifosato y del glufosinato de amonio, como herbicidas.

6. Objetivos, protocolos, medidas de bioseguridad, monitoreo y observaciones generales.

En la solicitud no se indican de manera explícita los objetivos de la misma; se anexa el protocolo a seguir para la evaluación de este evento apilado, en el cual, si bien indica que se evaluará el impacto y uso seguro de la tecnología, no menciona evaluar los potenciales efectos al medio ambiente a la biodiversidad y al medio ambiente derivados de la liberación del OGM, y de hecho, en distintos apartados de la solicitud, se afirma de forma genérica que el OGM no tiene efectos sobre la diversidad biológica y el medio ambiente. Esta Comisión considera que el promovente debe abordar estudios en la zona de liberación solicitada ya que este punto es indispensable para generar información que permita más adelante evaluar la procedencia de un eventual paso a una etapa piloto en un futuro.

Por otro lado, el promovente indica que celebrará contratos con empresas despepitadoras para asegurar que la semilla se destine a procesamiento industrial. Sin embargo indica: "*Los agricultores tienen ya establecidos sus canales de comercialización.* ***Por lo tanto, la fibra será comercializada de acuerdo a como lo consideren más adecuado para ellos. Lo mismo sucederá en el caso de la semilla.*** *Como ya se ha mencionado, se firmarán contratos para evitar la desviación de la semilla que resulte en la cosecha del algodón LL25 x GlyTol.*" Esto indica que la producción derivada de la siembra de este evento será comercializada, y resulta contradictorio que se pretenda realizar la firma de contratos con los agricultores para evitar la desviación de semilla, pero a la vez se afirma que éstos comercializarán la semilla como consideren más adecuado, por lo que no se asegura claramente que la producción sea exclusivamente remitida a despepitadoras con las que se hayan celebrado contratos.

Lo expresado en los dos párrafos anteriores indica que los objetivos reales de esta solicitud no cumplen con los supuestos de una liberación experimental y del paso por paso en el marco de la LBOGM, ya que no se plantea llevar a cabo experimentos relativos a los efectos al medio ambiente y la diversidad biológica en la zona, y se indica que la semilla será comercializada.

Como medidas de bioseguridad y monitoreo, el promovente reporta que se llevará a cabo la georreferenciación de los predios, la capacitación a todo el personal involucrado, el monitoreo en zonas de siembra hasta 12 meses posteriores a la cosecha y en canales de riego, la búsqueda de voluntarias y se tendrán medidas particulares durante transporte de semilla. Indica como medidas para controlar la dispersión la limpieza de maquinaria, la presencia de barreras físicas provistas por la vegetación circundante, y el acceso restringido a los lotes de siembra, además de un "*programa de*

aplicación de insecticidas para prevenir cualquier tipo de cruzamiento ocasionado por insectos polinizadores". En relación a esta última, el promovente debe entender que una de las razones de ser de las medidas de bioseguridad es evitar afectaciones a la diversidad biológica y al medio ambiente derivadas de la liberación de OGMs, por lo que **una medida que consista en aplicar insecticidas para afectar a insectos polinizadores, es decir a un elemento importante de la diversidad biológica, no es aceptable**.

El promovente describe con detalle las condiciones y medidas de bioseguridad que se tendrán durante el transporte y almacenamiento de la semilla, sin embargo no es claro en la solicitud sobre las precauciones a tomar durante el transporte de la cosecha, la cual, biológicamente es una semilla y tiene la capacidad de dispersarse. Este es un **foco rojo** ya que la semilla contenida en la cosecha es manejada de tal manera que se dispersa con facilidad, tanto durante su trayecto a las despepitadoras, como luego de que la fibra se ha separado de la misma, cuando se transporta de las despepitadoras al destino de uso final; en muchos casos la semilla así dispersada puede incorporarse al suelo y germinar. Adicionalmente existen reportes de robos de algodón en el país; esta situación debilita aún más las pocas acciones emprendidas en relación a la bioseguridad después de la siembra del cultivo (Notimex, 2011; http://www.2000agro.com.mx/agroindustria/implementan-en-mexicali-operativo-contra-compra-ilegal-de-algodon/

Es preocupante para CONABIO que existan indicios de que haya presencia de construcciones genéticas provenientes de algodones genéticamente modificados en las poblaciones silvestres de *G. hirsutum* dentro de las áreas que muy probablemente son centro de origen y centro de diversidad genética. Esto indica que las estrategias de manejo y monitoreo en los más de 15 años de liberaciones quizá no han sido las adecuadas porque las poblaciones silvestres ya se han visto afectadas.

En efecto, en el caso de las poblaciones silvestres de *G. hirsutum*, recientemente se han identificado individuos en más de una metapoblación de algodón que presentan proteínas Cry1Ab y/o Cry1Ac y/o Cry2A, y/o PAT y/o CP4EPSPS (Wegier *et al.*, 2011). La vía por la cual llegaron estas construcciones genéticas a estas poblaciones silvestres es aún desconocida al día de hoy, aunque podemos identificar dos posibles fuentes conocidas y probables: **I.-** las liberaciones que se han llevado a cabo en el territorio mexicano en etapas experimental y piloto durante el tiempo en el que han estado ocurriendo estas liberaciones respaldadas por permisos otorgados por la autoridad competente y, **II.-** las liberaciones de algodón GM que han ocurrido en el territorio de E.U.A. Ambas fuentes son viables y plausibles de haber aportado las construcciones genéticas que se han encontrado en las poblaciones silvestres de México tomando en cuenta que el flujo génico de algodón, aunque sí ocurre por polen, en su gran mayoría ocurre por movimiento de semilla, principalmente transportada por agua. Esta situación amerita una especial atención, ya que debemos entender cuál es la fuente del flujo génico que ha permitido que construcciones genéticas de los algodones GM estén presentes (y muy probablemente de manera permanente) en varias de las poblaciones silvestres de

México. **Esto es altamente preocupante, en especial tomando en cuenta que es aquí donde éste algodón se originó y donde la mayor diversidad genética se encuentra.**

Es necesario llevar a cabo estudios más detallados que contribuyan a esclarecer la presencia de construcciones genéticas de algodones GM en las poblaciones silvestres de algodón y a entender más a fondo de qué construcciones se trata, cómo fue que llegaron a estas poblaciones así como estudiar las consecuencias de que estas construcciones genéticas se hayan ya integrado de manera aparentemente permanente en las poblaciones silvestres. No conocemos si el hecho de que estén presentes en estas poblaciones tiene o no un efecto detrimental sobre las mismas, ni tampoco si lo tiene sobre la fauna asociada a estas. Este es justamente el eje principal del análisis de riesgo que CONABIO implementa de manera sistemática sobre todas las solicitudes de liberación; al no conocerse con precisión las consecuencias de que las construcciones genéticas presentes en los OGM se introgresen en la diversidad genética, buscamos evitar que dicho flujo ocurra. En esta ocasión el flujo ya se dio a pesar de las múltiples recomendaciones que elaboramos, esto quiere decir que es necesario una mayor atención al problema con vías a entender las eventuales consecuencias de estos hechos. En opinión de esta Comisión Nacional, el promovente debiera abordar estudios y análisis que llevaran a responder estas preguntas para que, sustentado en la información científica obtenida, replanteara medidas de bioseguridad y monitoreo que aseguren que la liberación de algodón GM en México cumpla con evitar efectos adversos para la conservación y utilización sustentable del medio ambiente y la diversidad biológica. Mientras esto no suceda, no deberían realizarse liberaciones de algodón GM en México cuyo objetivo sea la comercialización.

Es necesario dar un seguimiento puntual a la utilización (desmedida en ocasiones) del glifosato y glufosinato de amonio, en campo que ha conllevado ya a la aparición de resistencia a estos por parte de ciertas malezas (NAS, 2010; Waltz, 2010). Existen reportes científicos que indican que han aumentado los casos de evolución de resistencia a un número de herbicidas en campo y en particular al glifosato. Se reporta que desde el año 2000 comenzaron a comprobarse casos de resistencia a este herbicida en E.U.A. y desde entonces se ha seguido documentando la aparición de una nueva maleza resistente al glifosato de manera anual (Waltz, 2010 y NAS, 2010), además de existir ya casos reportados en varios países del mundo, en especial donde se ha adoptado la tecnología que incluye en su paquete el uso de este herbicida de manera casi exclusiva. Para México existe ya el reporte de un biotipo de *Leptochloa virgata* resistente al glifosato, en huertos del estado de Veracruz. Como se ha mencionando en recomendaciones anteriores, para solicitudes de liberación al ambiente de organismos genéticamente modificados con tolerancia a glifosato, es preocupante para esta Comisión Nacional que aparezcan casos de biotipos resistentes, ya que esto podría tener un serio efecto negativo en el manejo agrícola en general. La conclusión a la que han llegado los científicos es que este problema surge a partir de un mal "manejo" de la tecnología, que no se resolverá con nuevos eventos de transformación que apilen varios genes que confieran tolerancia a más de un herbicida, sino que sólo comprará un poco más de tiempo antes de que se vuelva a presentar el problema.

Adicionalmente, es recomendable estar atentos respecto a las dudas técnicas que han surgido en relación al uso del glifosato, ya que se han documentado recientemente posibles efectos negativos para la salud humana, el ambiente, la diversidad biológica y la sanidad animal y vegetal (Richard *et al.*, 2005; Huber, 2007; Paganelli *et al.*, 2010; Antoniou *et al.*, 2011; Seralini *et al.*, 2012).

7. Niveles de bioseguridad

Dado que *G. hirsutum* es originario de México, y en su territorio se alberga diversidad genética relevante (Wegier *et al.*, 2011), podemos clasificar al OGM que se pretende liberar en el nivel III de bioseguridad, de acuerdo a la clasificación de OGM propuesto por la CONABIO en el documento intitulado "*Elementos para la determinación de centros de origen y centros de diversidad genética para el caso de maíces de México a partir de los resultados del proyecto "Recopilación, generación, actualización y análisis de información acerca de la diversidad genética de maíces nativos y sus parientes silvestres en México" (2006-2011)*" (ver en http://www.biodiversidad.gob.mx/genes/pdf/proyecto/Elementos_recursosGeneticos_maices.pdf). Por tanto, al OGM en cuestión le aplican las medidas específicas identificadas en los niveles I, II y III. En la tabla a continuación se detalla el conocimiento con el que se cuenta actualmente para cada uno de los puntos de los distintos niveles señalados en relación a los algodones GM.

Nivel I	**Estado del conocimiento**
i) un monitoreo adecuado respecto a los efectos al ambiente que pudiera ocasionar el OGM,	Existen esfuerzos de monitoreo para algodones GM, pero que no son lo suficientemente amplios como para descartar efectos al ambiente que sean ocasionados por el OGM en cuestión. Hay que hacer un esfuerzo más amplio y coordinado con el apoyo de, por ejemplo, los nodos integrantes de la Red Mexicana de Monitoreo de OGM y demás actores cuyo interés sea el monitoreo de los OGM.
ii) tomar las medidas de bioseguridad adecuadas a la característica que se exprese a partir de la construcción genética insertada;	Esta medida en lo general sí es implementada por el promovente ya que éste conoce de antemano las características específicas de la construcción genética insertada y qué controles es necesario manejar. Sin embargo, tomando en cuenta que las superficies liberadas en muchas ocasiones son grandes y que no necesariamente todos los agricultores que adoptan la tecnología están adecuadamente capacitados y sensibilizados respecto a los riesgos que se pueden correr, es necesario hacer un mayor esfuerzo de difusión de las acciones específicas que se requieren llevar a cabo cuando se manipula este tipo de organismos genéticamente modificados.

Nivel II	
i) la existencia de un sistema de información de los recursos genéticos actualizado sobre la especie en cuestión	Para el caso de algodón, la CONABIO ha estado financiando estudios específicos para recopilar y generar nuevo conocimiento respecto a los algodones silvestres de México. En este sentido se tiene un buen conocimiento de la distribución de *G. hirsutum* en México (ver referencias) y se están financiando más estudios para validar la distribución de las especies de *Gossypium* diploides presentes en México así como también estudios relativos a la biología floral, reproductiva, ecológica, demográfica y ecofisiológica de *G. hirsutum* silvestre.
ii) capacidad instalada de detección de las construcciones genéticas insertadas en el OGM particular incluyendo la información necesaria para llevarla a cabo de manera específica y las herramientas necesarias (secuencias, controles positivos y negativos, sugerencias de técnicas específicas, metodologías, etc.), con el fin de	Existe la obligación impuesta en el reglamento de la LBOGM de que el promovente entregue el material e información necesario para llevar a cabo la detección de los OGM particulares, sin embargo en la CONABIO desconocemos qué capacidad instalada exista por parte de las autoridades para detectar los eventos específicos en el caso de los algodones GM que se están liberando al ambiente y si estas reacciones se han probado o no en algodones silvestres o sólo en los cultivados.
iii) monitorear de manera sistemática tanto a los recursos genéticos así como la eventual presencia y/o introgresión de construcciones genéticas insertadas en estos;	Aún cuando la CONABIO ha pagado estudios de campo para generar nueva información respecto a las poblaciones silvestres de *Gossypium*, no se ha implementado aún un monitoreo "sistemático" de los recursos ni de la eventual presencia en estos de construcciones genéticas concretas y su posible introgresión. Dada la publicación de Wegier *et al.* (2011), es urgente estudiar más a fondo la presencia de construcciones genéticas en varias de las poblaciones silvestres de *G. hirsutum* en México, las vías de introducción, la incorporación y la permanencia (introgresión) de estas construcciones en las poblaciones, así como las consecuencias de este hecho.
Nivel III	
i) la ubicación de las regiones que albergan a los centros de diversidad genética de la especie a la que pertenece el OGM (tal como lo que desarrollar actualmente para los maíces nativos y sus parientes silvestres);	Estas regiones aún no han sido ubicadas, sin embargo la CONABIO ha financiado varios esfuerzos con este fin y cuenta con información útil que puede llevar a que las regiones se determinen.

ii) medidas para la protección de las regiones que albergan a los centros de diversidad genética y	Estas aún no se han identificado.
iii) los promoventes y las autoridades competentes deberán asegurar que estas regiones no se vean vulneradas ni por actividades relativas a la liberación de un OGM al ambiente ni tampoco por otros usos que se le puedan dar al OGM....	Esto aún no ocurre.
Para OGM del nivel III se requiere determinar si la ***capacidad de gestión y manejo de riesgo a nivel local,*** *tanto de los promoventes como de las autoridades competentes, asegura que los riesgos que se identifiquen son realmente manejados adecuadamente*	Desconocemos en términos reales la capacidad de gestión y manejo del riesgo a nivel local, tanto por parte de los propios promoventes, de quienes compran la tecnología y la usan así como de las propias autoridades competentes.

En especial es relevante hacer hincapié respecto a que, a pesar de que la especie que originó al OGM que pretende liberarse es originaria de México y es aquí donde se concentra la mayor diversidad genética conocida, no se ha implementado aún el artículo 86 de la LBOGM para esta especie. Es absolutamente imprescindible que esto se aborde a la brevedad con el fin de buscar garantizar las acciones necesarias respecto a la protección de esta especie en México así como de su diversidad genética en las áreas en las que está presente.

CONCLUSIÓN

El promovente solicita la liberación al ambiente de *Gossypium hirsutum* L. genéticamente modificado) ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5 en etapa experimental durante 2013 en los estados de Tamaulipas, Veracruz y San Luis Potosí.

Los objetivos reales de esta solicitud no cumplen con los supuestos de una liberación experimental y del paso por paso en el marco de la LBOGM, ya que no se plantea llevar a cabo experimentos relativos a los efectos al medio ambiente y la diversidad biológica en la zona, y se indica que la semilla será comercializada.

Dentro de las medidas para evitar la dispersión se incluye la "*aplicación de insecticidas para prevenir cualquier tipo de cruzamiento ocasionado por insectos polinizadores*". No es aceptable que las medidas de bioseguridad incluyan acciones que afectan a la diversidad biológica. El promovente debe demostrar tanto en sus solicitudes, como en las acciones que se emprendan en relación a sus liberaciones al ambiente de OGM, que comprende y está comprometido con los principios en materia de bioseguridad.

Existen indicios de que ya hay presencia de construcciones genéticas provenientes de algodones genéticamente modificados en las poblaciones silvestres de *G. hirsutum* dentro de las áreas que muy probablemente son centro de origen y centro de diversidad genética. Esto indica que las estrategias de manejo y monitoreo en los más de 15 años de liberaciones quizá no han sido las adecuadas porque las poblaciones silvestres ya se han visto afectadas. Es necesario que se lleven a cabo estudios más detallados que contribuyan a esclarecer este hecho y sus posibles consecuencias. Mientras esto no suceda, en opinión de esta Comisión Nacional, no deberían realizarse liberaciones de algodón GM en México cuyo objetivo sea la comercialización.

Por todo lo anterior **no se considera viable la liberación al ambiente en etapa experimental de *Gossypium hirsutum* L. genéticamente modificado ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5 (Libertylink® X GlyTol®), presentada por Bayer México S.A. de C.V., correspondiente a la solicitud 074/2012 durante 2013 en los estados de Tamaulipas, San Luis Potosí y Veracruz.**

INFORMACIÓN RELEVANTE USADA

Los puntos en los que se basa esta recomendación son los siguientes:

1. De acuerdo a la información recabada en el SIOVM, incluyendo información bibliográfica, de herbario y la contenida en el Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad (SNIB-CONABIO) y de la Red Mundial de Información sobre Biodiversidad (REMIB), en México crecen 13 especies de *Gossypium* (Tabla 1), de las cuales sólo dos son tetraploides, *G. hirsutum* (cultivado y/o silvestre) y *G. barbadense*, que pueden hibridizar con el OGM y tener descendencia viable.

Tabla 1. Especies del género *Gossypium* en estado silvestre en México. Información consultada en el SIOVM, SNIB-CONABIO, REMIB, Herbarios, Wegier, 2005, Wegier, 2008, Wegier *et al.*, 2010, 2011.

Taxa	Distribución en México	No. Cromosómico (IPCN)
G. aridum (Rose et Standl.) Skovst.	Colima, Guerrero, Jalisco, Michoacán, Nayarit, Oaxaca, Puebla, Sinaloa y Veracruz	2n = 26
G. armourianum Kearney	Baja California, Baja California Sur e Isla de San Marcos	2n =26
G. barbadense L.	Chiapas, Campeche y Tabasco	2n =52 (4x)
G. davidsonii Kellogg	Baja California Sur, Sonora	2n =26
G. gossypioides (Ulbr.) Standl.	Oaxaca y Puebla	2n =26
G. harknessii Brandegee	Baja California Sur	2n =26
G. hirsutum L.	Baja California Sur, Campeche, Colima, Guerrero, Jalisco, Michoacán, Oaxaca, Quintana Roo, Nayarit, Sinaloa, Tamaulipas, Veracruz y Yucatán.	2n =52 (4x)
G. laxum L.Ll. Phillips	Guerrero	2n =26
G. lobatum Gentry	Michoacán	
G. schwendimanii Fryxell	Guerrero y Michoacán	
G. thurberi Tod.	Chihuahua y Sonora	2n =26
G. trilobum (DC) Skovst.	Guerrero, Jalisco, México, Michoacán, Morelos, Oaxaca, Sinaloa, Sonora	2n =26
G. turneri Fryxell	Sonora	–

2. *G. hirsutum* no puede cruzarse con miembros silvestres de algodón diploide debido a la diferencia en el nivel de ploidía, solo puede cruzarse con miembros tetraploides de su mismo género, entre ellos se incluyen: *G. tomentosum*, *G. darwinii*, *G. mustelinum*, *G. hirsutum* y *G. barbadense* (Fryxell, 1979). Para México se tienen registros de sitios de colecta[1] para *G. hirsutum* y *G. barbadense*.
3. Con respecto a las especies que se consideran como los posibles miembros tetraploides con los que puede cruzarse el OGM, CONABIO establece después de realizar las revisiones taxonómicas en Trópicos e IPNI que el nombre de *G. darwinii* es posiblemente sinónimo de *G. barbadense* var. *darwinii*. Esta especie está reportada para Ecuador y hasta el momento no se tienen reportes referentes a su número cromosómico. Por esta razón, no se tiene la certeza de que esta especie pueda hibridizar con *G. hirsutum*. Con respecto a *G. mustelinum*, este nombre no es reconocido en Trópicos y en IPNI no está taxonómicamente definida, asimismo no se tienen reportes de su número cromosómico. Por lo tanto, se considera que esta especie tampoco puede hibridizar con *G. hirsutum*. En tal caso, sólo *G. tomentosum*, que crece en Hawai y *G. barbadense*, que sí está presente en México, ambos tetraploides, pueden hibrizar con el OGM.

4. Se tienen evidencias (análisis de isoenzimas y DNA) que han demostrado introgresión intraespecífica limitada entre las especies de *Gossypium* (Wendel *et al.*, 1994). Se han encontrado alelos específicos de *G. barbadense*, en poblaciones simpátricas (silvestres o ruderales) de *G. hirsutum* y en poblaciones silvestres de *G. barbadense* se han detectado alelos específicos de *G. hirsutum*, cuando las poblaciones son simpátricas (Ellstrand *et al.*, 1999).

5. *G. hirsutum* tiene flores hermafroditas (Fryxell, 1993) y generalmente se autopoliniza, pero en presencia de polinizadores adecuados puede mostrar polinización cruzada, lo cual sugiere que podría existir riesgo de flujo génico con poblaciones silvestres y cultivares de la misma especie, así como con parientes cercanos[2]. En México las poblaciones silvestres de *G. hirsutum* muestran una alta variación genética en comparación con las poblaciones cultivadas de esta especie, lo que resalta la importancia de la conservación de este germoplasma (Mei *et al.*, 2004; Wegier *et al.*, 2011).

6. Heuberger *et al.*, (2010) encontraron que la zona de influencia en la que puede haber flujo génico vía polen y por semilla entre algodón GM y no GM es de 3 kilómetros, tanto por la actividad de las abejas como los inherentes al manejo de la semilla por parte de los agricultores, aunque el porcentaje de flujo de más menos 1% es frecuente en distancias menores a 750 m. Ellos, de manera general concluyen que el cuidado en el manejo de la semilla por parte de los agricultores

[1] Sitios de colecta disponibles: Estos puntos se refieren a los sitios en donde se han colectado ejemplares de la(s) especie(s) que se mencionan. Los datos se obtuvieron a partir de la información existente en la base de datos del SIOVM alimentada a su vez por la base de datos general de fanerógamas del Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad (SNIB-CONABIO), de la Red Mundial de Información sobre Biodiversidad (REMIB) y de visitas a herbarios internacionales y nacionales.

[2] Por parientes cercanos se considera a las especies pertenecientes al mismo género.

es más importante que la distancia que se genere para limitar el flujo de genes. En Estados Unidos y otros países la distancia de aislamiento requerida para semillas de fundación es de 400 m.

7. Wegier *et al.* en 2010 y 2011, demuestran, que México es centro de origen y diversidad genética de *G. hirsutum* y sugiere que las "formas originales de algodón localizadas en Yucatán dieron lugar al desarrollo de cultivos en Yucatán y Guatemala, por lo que se conoce ésta última zona como aquel en que ocurrió una diversificación secundaria". Esto se basa en estudios realizados desde 2008, con información de bases de datos proporcionadas por la CONABIO, de revisión de especies en herbarios nacionales e internacionales, de colectas recientes y con la realización de estudios basados en filogénia y genética.

8. En estos mismos trabajos, los autores señalan que la distribución de *G. hirsutum* está constituido en México por ocho metapoblaciones[3] ubicadas en Baja California Sur, Pacífico Norte (Sinaloa y Nayarit), Bahía de Banderas (Nayarit), Pacífico Centro (Jalisco, Michoacán, Guerrero), Pacífico Sur (Guerrero, Oaxaca y Chiapas), Golfo Norte (sur de Tamaulipas y norte de Veracruz), Golfo sur (centro y sur de Veracruz) y Península de Yucatán (Campeche, Yucatán y Quintana Roo).

9. En los casos de poblaciones silvestres de *G. hirsutum*, recientemente se han identificado individuos en mas una metapoblación de algodón que presentan proteínas Cry1 AB y/o Cry1Ac y/o Cry2A y/o CP4EPSPS, en los estados de Sinaloa, Oaxaca y Veracruz (Wegier *et al.*, 2011).

10. De acuerdo a la información recabada en el Anuario Estadístico de la Producción Agrícola del Servicio de Información y Estadística Agroalimentaria y Pesquera (SIAP), en México se ha cultivado *Gossypium hirsutum* L., en distintos estados del territorio mexicano. Información consultada en el SIAP (Tablas 2 y 3).

    Tabla 2. Sitios de cultivo de algodón en México de riego y temporal. Información consultada en el SIAP (ver mapas anexos) (SIAP, 2012).

Cultivo	Años	Estado	Sup. Sembrada (Ha.) (Riego + Temporal)
Algodón	2011	Chihuahua	111,891.40
		Baja California	32,481.00
		Coahuila	20,453.00
		Sonora	19,379.13
		Tamaulipas	7,329.45
		Durango	6,000.87
		Sinaloa	770.00
		Campeche	130.00
		Yucatán	4.00

[3] Individuos dentro de un mismo hábitat que se extinguen, colonizan y recolonizan parches limitados por factores, como la competencia y los recursos.

Tabla 3. Sitios de cultivo de algodón en Tamaulipas de riego y temporal. Información consultada en el SIAP (SIAP, 2012).

Cultivo	Años	Municipios	Sup. Sembrada (Ha.) (Riego + Temporal)
Algodón	2003	Reynosa y Río Bravo	1,958.39
	2004	Matamoros, Reynosa, Río Bravo y San Fernando	2,141.19
	2005	Matamoros, Méndez y Río Bravo	3,075.99
	2006	Matamoros, Reynosa y Río Bravo	3,030.95
	2007	Matamoros, Reynosa, Río Bravo y San Fernando	1,966.59
	2008	Matamoros, Reynosa y Río Bravo	941.35
	2009	No se reportó siembra	No se reportó siembra
	2010	Matamoros, Méndez, Reynosa, Río Bravo y San Fernando	5,466.57
	2011	Aldama, González, Mante, Matamoros, Reynosa y Río Bravo	7,329.45

11. Actualmente en la base de datos de Weed Science se reportan dos casos de malezas resistentes al herbicida glufosinato de amonio. *Eleusine indica* (L.) Gaertn. en 2009 en Malasia y *Lolium multiflorum* Lam. en 2010 en el estado de Oregon en los Estados Unidos de América.

12. Actualmente se han reportado 23 casos de resistencia a glifosato (glicinas) a nivel mundial (Weed Science, 2011). Uno de estos casos se reporta en México para el estado de Veracruz, sin embargo, no está asociada a cultivares GM, sino a plantaciones de cítricos. De este total de especies, 19 se distribuyen en México. (Tabla 4).

Tabla 4. Países donde han surgido los casos de resistencia a glifosato y la distribución de estas especies en México.

Especie	Países y años donde se reportan casos de resistencia	Distribución en México
Amaranthus palmeri S. Watson	Estados Unidos (Georgia 2005, Carolina del Norte 2005, Arkansas 2006, Tennessee 2006, 2009, New Mexico 2007, Alabama 2008, Georgia 2008, Mississipi 2008, Missouri 2008, Illinois 2010, Lousiana 2010, Michigan 2011, Virginia, 2011)	Aguascalientes, Baja California, Baja California Sur, Chihuahua, Coahuila, Colima, Durango, Guanajuato, Guerrero, Jalisco, Nuevo León, Oaxaca, Puebla, Querétaro, San Luis Potosí, Sinaloa, Sonora, Tamaulipas, Veracruz y Zacatecas
Amaranthus tuberculatus (Moq.) J.D. Sauer =	Estados Unidos (Missouri 2005, Illinois 2006, Kansas 2006, Minnesota 2007, Iowa 2009,	NMX

Especie	Países y años donde se reportan casos de resistencia	Distribución en México
Amaranthus rudis J.D. Sauer	Mississippi 2010, Dakota del Norte 2011, Iowa, 2011)	
Ambrosia artemisiifolia L.	Estados Unidos (Arkansas 2004, Missouri 2004, Ohio 2006, Indiana 2007, Kansas 2007, Dakota del Norte 2007, Minnesota 2008)	Baja California, Chiapas, Chihuahua, Coahuila, Distrito Federal, Durango, Guanajuato, Jalisco, México, Morelos, Nuevo León, Oaxaca, Puebla, Querétaro, San Luis Potosí, Tabasco, Tamaulipas, Veracruz y Zacatecas
Ambrosia trifida L.	Estados Unidos (Ohio 2004, 2006, Arkansas 2005 Indiana 2005, Kansas 2006, Minnesota 2006, 2008, Tennessee 2007, Iowa 2009, Missouri 2009, Mississippi 2010, Nebraska, 2010), Canadá (Ontario 2008)	Chihuahua, Coahuila, Sonora
Brombus diandrus Roth	Australia (sur de Australia, 2011)	Estado de México, Puebla

Especie	Países y años donde se reportan casos de resistencia	Distribución en México
Chloris truncata R. Br.	Australia (New South Wales 2010)	NMX
Conyza bonariensis (L.) Cronquist	Sudáfrica (Western Cape 2003), España 2004, Brasil (Rio Grande do Sul 2005, Sao Paulo 2005), Israel 2005, Colombia (Caldas 2006), Estados Unidos (California 2007, 2009), Australia (New South Wales 2010), Portugal (Alentejo 2010)	Baja California Sur, Campeche, Chiapas, Distrito Federal, Guanajuato, Guerrero, Hidalgo, Jalisco, México, Michoacán, Nayarit, Oaxaca, Querétaro, Quintana Roo, San Luis Potosí, Sinaloa, Tabasco, Tamaulipas, Veracruz, Yucatán y Zacatecas
Conyza canadensis (L.) Cronquist	Estados Unidos (Delaware 2000, Kentucky 2001, Tennessee 2001, Indiana 2002, Maryland 2002, Missouri 2002, New Jersey 2002, Ohio 2002, 2003, Arkansas 2003, Mississippi 2003, North Carolina 2003, Pennsylvania 2003, California 2005, Illinois 2005, Kansas 2005, Virginia 2005, Michigan 2007, Mississippi 2007, Oklahoma 2009, Iowa 2011), Brasil (Rio Grande do Sul 2005, Sao Paulo 2005), China (Ningpo 2006), España 2006, República Checa 2007	Aguascalientes, Baja California, Baja California Sur, Campeche, Chiapas, Chihuahua, Coahuila, Colima, Distrito Federal, Durango, Guanajuato, Guerrero, Hidalgo, Jalisco, México, Michoacán, Morelos, Nayarit, Nuevo León, Oaxaca, Puebla, Querétaro, Quintana Roo, San Luis Potosí, Sinaloa, Sonora, Tabasco, Tamaulipas, Veracruz, Yucatán y Zacatecas
Conyza sumatrensis (Retz.) E. Walker	España (Huelva 2009), Brasil 2011	Chiapas, Veracruz
Cynodon hirsutus Stent.	Argentina (2008)	NMX
Digitaria insularis (L.) Fedde	Paraguay (Paraguay 2006, 2008, Alto Paraná 2006, Caaguazu 2006, Caninde 2006), Brasil (Paraná 2008, Sao Paulo 2010)	Campeche, Chiapas, Coahuila, Durango, Guanajuato, Guerrero, Jalisco, México, Nayarit, Nuevo León, Oaxaca, Puebla, Querétaro, Quintana Roo, San Luis Potosí, Sinaloa, Sonora, Tamaulipas, Veracruz, Yucatán
Echinochloa colona (L.) Link	Australia (New South Wales 2007, Queensland 2009), Estados Unidos (California 2008), Argentina (Santa Fé 2009)	Aguascalientes, Baja California, Baja California Sur, Campeche, Chiapas, Chihuahua, Coahuila, Colima, Durango, Guanajuato, Guerrero, Hidalgo, Jalisco, México, Michoacán, Morelos, Nayarit, Nuevo León, Oaxaca, Puebla, Querétaro, Quintana Roo, San Luis Potosí, Sinaloa, Sonora, Tabasco, Tamaulipas, Veracruz, Yucatán y Zacatecas
Eleusine indica (L.) Gaertn.	Malasia 1997, Colombia (Caldas) 2006, Estados Unidos (Mississippi 2010, Tennessee 2011)	Aguascalientes, Baja California Sur, Campeche, Chiapas, Chihuahua, Coahuila, Colima, Distrito Federal,

Especie	Países y años donde se reportan casos de resistencia	Distribución en México
		Durango, Guanajuato, Guerrero, Hidalgo, Jalisco, México, Michoacán, Morelos, Nayarit, Nuevo León, Oaxaca, Puebla, Querétaro, Quintana Roo, San Luis Potosí, Sinaloa, Sonora, Tabasco, Tamaulipas, Tlaxcala, Veracruz, Yucatán y Zacatecas
Kochia _scoparia (L.) Schrad.	Estados Unidos (Kansas, 2007)	Chihuahua, Coahuila, Distrito Federal, México, San Luis Potosí, Tamaulipas
Leptochloa virgata (L.) P.	México (Veracruz, 2010)	Campeche, Chiapas, colima Jalisco, Michoacán, Nayarit, Oaxaca, Quintana Roo, Tabasco, Veracruz, Yucatán.
Lolium multiflorum Lam. = *Lolium perenne* subsp. *multiflorum* (Lam.) (Husn.)	Chile (Región de Coquimbo 2001, Región de la Araucanía 2002, Región de los Lagos 2006, Región de la Araucanía 2007), Brasil (Rio Grande do Sul 2003, 2010), Estados Unidos (Oregon 2004, 2010, Mississippi 2005, Arkansas 2008), España (Jaén 2006), Argentina (Buenos Aires 2007 y 2008)	Baja California, Baja California Sur, Chiapas, Coahuila, Colima, Distrito Federal, Durango, Guanajuato, Jalisco, México, Michoacán, Oaxaca, Puebla, Querétaro, San Luis Potosí, Sinaloa, Tlaxcala, Veracruz y Zacatecas
Lolium rigidum Gaudin	Australia (Victoria 1996, 1999, New South Wales 1997, South Australia 2000, 2001, 2008, 2010, Western Australia, 2003), Estados Unidos (California 1998), Sudáfrica (Western Cape 2001, 2003), Francia 2005, España (Valencia 2006), Italia 2007, Israel 2007	NMX
Parthenium hysterosphorus L.	Colombia (Cauca, 2004)	Aguascalientes, Campeche, Chiapas, Chihuahua, Coahuila Colima, Durango, Guanajuato, Guerrero, Hidalgo, Jalisco, México, Michoacán, Morelos, Nayarit, Nuevo León, Oaxaca, Puebla, Querétaro, Quintana Roo, San Luis Potosí, Sinaloa, Sonora, Tabasco, Tamaulipas, Tlaxcala, Veracruz, Yucatán y Zacatecas
Plantago lanceolata L.	Sudáfrica (Western Cape 2003)	Aguascalientes, Baja California, Chiapas, Coahuila, Distrito Federal, Durango, Guanajuato, Hidalgo, México, Michoacán, Nuevo León, Puebla, Sonora y Veracruz
Poa annua L.	Estados Unidos (Missouri 2010)	Aguascalientes, Baja California, Baja

Especie	Países y años donde se reportan casos de resistencia	Distribución en México
		California Sur, Chiapas, Chihuahua, Coahuila, Distrito Federal, Durango, Guanajuato, Guerrero, Hidalgo, Jalisco, México, Michoacán, Morelos, Nuevo León, Oaxaca, Puebla, Querétaro, San Luis Potosí, Sonora, Tamaulipas, Tlaxcala, Veracruz y Zacatecas
Sorghum halepense (L.) Pers.	Argentina (Provincia de Salta 2005, Provincia de Santa Fe 2006), Estados Unidos (Arkansas 2007, Mississippi 2008, Louisiana 2010)	Aguascalientes, Baja California, Baja California Sur, Campeche, Chiapas, Chihuahua, Coahuila, Colima, Distrito Federal, Durango, Guanajuato, Guerrero, Hidalgo, Jalisco, México, Michoacán, Morelos, Nayarit, Nuevo León, Oaxaca, Puebla, Querétaro, Quintana Roo, San Luis Potosí, Sinaloa, Sonora, Tabasco, Tamaulipas, Tlaxcala, Veracruz, Yucatán y Zacatecas
Urochloa panicoides P. Beauv.	Australia (New South Wales 2008)	Guanajuato, Jalisco, Michoacán, Nuevo León, Tamaulipas y Zacatecas

NMX= No se reporta la distribución de esta especie en México

Este análisis de riesgo se apega completamente al principio precautorio del protocolo de bioseguridad.

Bibliografía

Antoniou M, Mostafa Habib MED, Howard C V, Jennings R C, Leifert C, Onofre Nodari R, Robinson C, Fagan J. 2011. Roundup and birth defects. Is the public being kept in the dark?. Earth open Source, June 2001. Disponible en http://www.scribd.com/doc/57277946/RoundupandBirthDefectsv5.

Arriaga Cabrera, L., E. Vázquez Domínguez, J. González Cano, R. Jiménez Rosenberg, E. Muñoz López, V. Aguilar Sierra (coordinadores). 1998. Regiones marinas prioritarias de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y uso de la Biodiversidad. México.

Arriaga, L., J.M. Espinoza, C. Aguilar, E. Martínez, L. Gómez y E. Loa (coordinadores). 2000. Regiones terrestres prioritarias de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y uso de la Biodiversidad. México.

Arriaga, L., V. Aguilar, J. Alcocer. 2002. "Aguas continentales y diversidad biológica de México". Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México.

Bayer Corp Science. 2012. Solicitud de permiso para la liberación al ambiente del algodón genéticamente modificado GlyTol ® x LibertyLink ® (LLCotton25xGHB614) en etapa experimental en los estados de Tamaulipas, San Luís Potosí y Veracruz durante el ciclo agrícola 2013.

Brubaker, C.L., F.M. Jason, A. Koontz & J.F. Wendel. 1993. Bidirectional Cytoplasmic and Nuclear Introgression in the New World Cottons *Gossypium barbadense* and *G. hirsutum* (Malvaceae). American Journal of Botany 80(10): 1203-1208.

Brubaker, C.L., F.M. Bourland & J.F. Wendel. 1999. The origin and domestication of cotton in: C.W. Smith & J.T. Cothren (Eds.) Cotton: Origin, History, Technology and Production. John Wiley & Sons, Inc. USA.

DOF. 2005. Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados http://www.diputados.gob.mx/LeyesBiblio/pdf/Ley_BOGM.pdf

DOF. 2008. Reglamento de la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados http://www.diputados.gob.mx/LeyesBiblio/regley/Reg_LBOGM.pdf (última reforma publicada DOF 06-03-2008).

Freckleton, R.P. & A.R. Watkinson 2002. Large-Scale spatial dynamics of plants: Metapopulations, regional ensembles and patchy populations. Journal of Ecology 90: 419-434.

Fryxel, P.A. 1979. The natural history of cotton tribe (Malvaceae, Tribe Gossypieae). First edition.Texas A & M University Press. USA.

Fryxell, P.A. 1988. Malvaceae of Mexico. Systematic Botany Monographs Vol. 25. The American Society of Plant Taxonomists.USA.

Fryxell, P.A. 1993. Malvaceae A.L. Juss. En: Flora de Veracruz. Fascículo 68. Instituto de Ecología A.C. y Universidad de California, Riverside. Xalapa, Ver.

Gassman A.J.,Petzold-Maxwell J.L., Keweshan R.S., Dunbar, M.W. 2011. Field-evolved resistance to Bt maize by Western corn rootworm. Plosone, 6(7): e22629. Doi:10.1371/journal.pone.0022629

Hanski, I. 1998. Metapopulations dynamiscs. Nature 396.

Heuberger, S., C. Ellers-Kirk, B.E. Tabashnik & Y. Carrière. 2010. Pollen- and -seed-mediated transgene flow in commercial cotton seed production fields. PLoS One 11(5): 1-8.

Huber D.M. 2007. What about glyphosate-induced manganese deficiency? Fluid Journal, Fall2007. Disponible en línea en: http://www.agweb.com/assets/import/files/58P20-22.pdf

Index to Plant Chromosome Numbers (IPCN). http://mobot.mobot.org/W3T/Search/ipcn.htm

IPNI. http://www.ipni.org/

Levin, D.A. 1995. Metapopulations: an arena for local especiation. J. Evol. Biol. 8:635-644.

McGregor, S.E. 1976. Insect pollination of cultivated crop plants. Washington Department of Agriculture. http://www.beeculture.com/content/pollination_handbook/

National Academy of Sciences. 2010. Impact of Genetically Engineered Crops on Farm sustainability in the United States. Summary. http://www.nap.edu/catalog/12804.html

Notimex. 2011. Implementan en Mexicali operativo contra compra ilegal de algodón. Revista 2000 Agro, 21 de octubre 2011. http://www.2000agro.com.mx/agroindustria/implementan-en-mexicali-operativo-contra-compra-ilegal-de-algodon/

OGTR (2002) The Biology and Ecology of Cotton (*Gossypium hirsutum*) in Australia. Report to the Office of the Gene Technology Regulator, OGTR. http://www.health.gov.au/internet/ogtr/publishing.nsf/Content/cotton-3/$FILE/biologycotton.pdf

Paganelli, A, Gnazzo V, Acosta H, López SL, Carrasco A E. 2010. Glyphosate-based herbicides produce teratogenic effects on vertebrates by impairing retinoic acid signaling. Chem. Res. Toxicol. 23(10): 1586-1595

Richard S, Moslemi S, Sipahutar H, Benachour N, Seralini GE. 2005. Differential effects on glyphosate and Roundup on Human Placental Cells and Aromatase. Environ. Health Perspect.,113: 716-720.

Seralini GE, Clair E, Mesnage R, Gress S, Defarge N, Malatesta M, Hennequin D, Spiroux de Vendomois J. 2012. Long term toxicity of a Roundup herbicide and a Roundup-tolerant genetically modified maize. Food and Chemical Toxicology, 50(11):4221-4231

SIAP. [En línea] Anuario estadístico de la producción agrícola. Sistema de Información Agroalimentaria y Pesquera http://www.siap.gob.mx Consultado: 2012

SIOVM. Sistema de Información de Organismos Vivos Modificados SIOVM [En línea] http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/bioseguridad/doctos/consulta_SIOVM.html Consultado: 2012

SNIB-CONABIO. SNIB. Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad. CONABIO. http://www.conabio.gob.mx/institucion/snib/doctos/acerca.html

Smith, C. Wayne. 1995. Crop Production: Evolution, History, and Technology. John Wiley and Sons, New York.

Stockwell, D.R.B. & I.R. Noble. 1992. Induction of sets of rules from animal distribution data: A robust and informative method of data analysis. Math. Comput. Simul. 33:385-390.

Stockwell, D.R.B. & D. Peters. 1999. The GARP modeling systems: problems and solutions to automated spatial prediction. International Journal Geog. Inf. Sci. 13:143-158.

Van Deynze, A.E., F.J. Sundstrom & K.J. Bradford. 2005. Pollen-Mediated Gene Flow in California Cotton Depends on Pollinator Activity. Crop Sci 45:1565-1570

Waltz E. 2010. Glyphosate resistance threatens Roundup hegemony. Nature biotech, 28(6):537-538.

Wegier-Briuolo A.L. 2005. Aislamiento por distancia de algodón (*Gossypium hirsutum*) en México: Consecuencias para el manejo de plantas transgénicas. Tesis de Maestría. Universidad Nacional Autónoma de México. México, D.F.

Wegier-Briuolo A.L. 2007. Informe final del proyecto "Validación de información de registros biológicos y de mapas de distribución puntual y de los modelos de áreas de distribución potencial de las especies del género *Gossypium* en México" bajo el proyecto 0051868. Continuación de la creación de capacidades institucionales y técnicas para la toma de decisiones en materia de bioseguridad. PNUD-CIBIOGEM, México, D.F.

Wegier-Briuolo A.L., V. Alavez-Gómez, L.O. Jardón-Barbolla, L. Moyers, D. Ortega del Vecchyo y D. Piñero. 2010. Informe final del proyecto "Analisis para la determinación de los centros de origen y diversidad de las especies mexicanas del género *Gossypium*". Instituto de Ecología. México, D.F.

Wegier A., Piñeyro-Nelson A., Alarcón J., Gálvez-Mariscal A., Álvarez-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. Mol Ecol, 20: 4182-4194 doi: 10.1111/j.1365-294X.2011.05258.x.

W3Tropicos [En línea] Missouri Botanical Garden´s VAST http://mobot.mobot.org/W3T/search/vast.html Consultado: 2012.

Formulario geográfico del organismo receptor, sus parientes silvestres y el organismo genéticamente modificado

Solicitud: 074/2012

Organismo genéticamente modificado: Algodón ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5, (Libertylink® x GlyTol®), (LLcotton25) x (GHB614), (LL25) x (GlyTol).

Promovente: Bayer de México, S.A. de C.V.

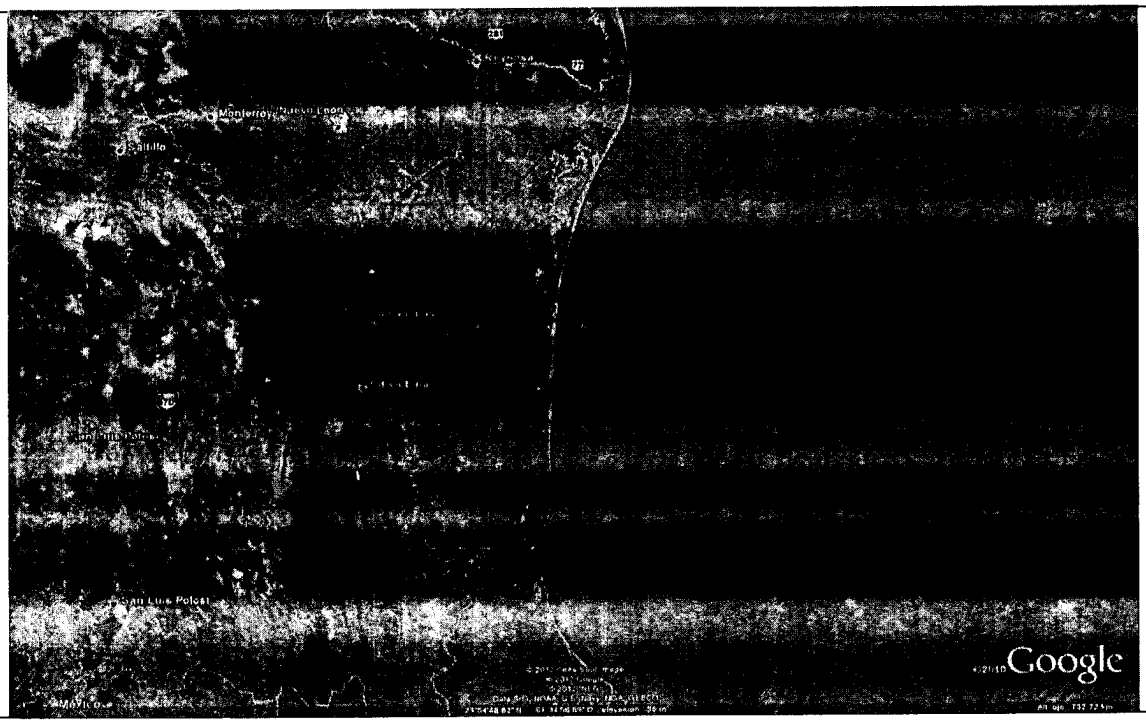
Fenotipo: Tolerancia a los herbicidas glufosinato de amonio y glifosato

Modificación genética: Inserción de los genes bar de *Streptomyces hygroscopicus* (ACS-GHØØ1-3) y *2mepsps* de *Zea mays* (BCS-GHØØ2-5)

Organismo receptor: *Gossypium hirsutum L., 1763, cultivado y silvestre*

Parientes silvestres: 11 especies diploides (*G. aridum, G. armourianum, G. davidsonii, G. gossypioides, G. harknessii, G. laxum, G. lobartum, G. schwendimanii, G. thurberi, G. trilobum y G. turneri*) y un tetraploides (*G. barbadense*)

Sitio(s) de liberación: Estados de Tamaulipas, San Luis Potosí y Veracruz, Zonas Agrícolas del Norte de Tamaulipas el sitio solicitado se encuentra delimitado por los siguientes vértices: -97.66805, 26.00278; -97.37064, 25.77341; -97.55446, 25.55966; -97.7534, 25.42995; -98.12578, 25.03980; -98.94885, 25.04615; -98.33928, 25.50283; -98.55895, 25.49593; -98.57656, 26.23106 y -98.19504, 26.04489. Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas el sitio solicitado se encuentra delimitado por los siguientes vértices: -97.95692, 23.28916; -97.77361, 22.89125; -97.88394, 22.55768; -97.81832, 22.24519; -98.16706, 21.68185; -98.84888, 21.93222; -98.87124, 22.41509; -99.11267, 22.43297 y -99.15291, 23.12597.



Superficie solicitada para la liberación experimental de algodón GM: 10,000 hectáreas

Área del sitio solicitado para la liberación experimental de algodón GM "Zonas Agrícolas del Norte de Tamaulipas": 1,041,548.0852 hectáreas

Área del sitio solicitado para la liberación experimental de algodón GM "Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas": 1,818,313.3434 hectáreas

Etapa propuesta de liberación: Experimental

	Sitio de liberación	SI	NO	Observaciones
1	¿Existen indicios respecto a que liberaciones anteriores del mismo evento solicitado por el promovente se hayan realizado fuera del área solicitada?	NA		
2	¿Existen indicios respecto a que liberaciones anteriores se hayan realizado en zonas que no son de uso de suelo agrícola?	NA		
	Áreas de conservación	SI	NO	Observaciones
3	¿Se encuentra el sitio solicitado de liberación del OGM dentro o en las inmediaciones (hasta 1 km) de un Área Natural Protegida[1] (ANP)?			La ANP más cercana al sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Norte de Tamaulipas" es "Laguna Madre y Delta del Río Bravo", la cual se encuentra a 1.82 kilómetros. Las ANP más cercanas al sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas" son "Sierra del Abra Tanchipa", la cual se encuentra a 2.89 kilómetros y "Rancho San Pedro", la cual se encuentra a 3.74 kilómetros.

4	¿Las liberaciónes anteriores del mismo evento solicitado por el promovente se han realizado dentro de un Área Natural Protegida?	NA		
5	¿Se encuentra el sitio de liberación del OGM dentro o en las inmediaciones de alguna Región Prioritaria para la Conservación de la Biodiversidad[2]?			Dentro del sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Norte de Tamaulipas" se encuentra la **Región Terrestre Prioritaria**: "Laguna Madre", la **Región Hidrológica Prioritaria**: "Río Bravo Internacional" y la **Región Marina Prioritaria** "Laguna Madre". Dentro del sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas" se encuentran las **Regiones Terrestres Prioritarias**: "Sierra de Tamaulipas", "Encinares tropicales de Loma Las Pitas y Sierra Maratines", "Cenotes de Aldama", "El Cielo" y "Laguna San Andrés". Las **Regiones Hidrológicas Prioritarias** "Río Tamesí", "Cenotes de Aldama" y "Confluencia de las Huastecas" y las Regiones Marinas Prioritarias: "Laguna San Andrés" y "Pueblo Viejo-Tamiahua".
Ecorregiones		SI	NO	Observaciones
6	¿Cuáles son las ecorregiones terrestres (nivel 4) que abarca el sitio o los sitios de liberación solicitados solicitados?	NA		Dentro del sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Norte de Tamaulipas" se encuentran **tres ecorregiones**: Planicie Interior Tamaulipeca con matorral xerófilo, Planicie Costera Tamaulipeca con vegetación xerófila o sin vegetación aparente y Humedales de la Laguna Madre. Dentro del sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas" se encuentran **siete ecorregiones**: Lomeríos y Sierras con matorral xerófilo y bosques de encino; Sierra de Maratines con selva mediana caducifolia; Sierra con bosques de encinos, coníferas y mixtos; Selva baja caducifolia y bosque de encino de la Sierra de Dientes de Moreno; Planicie Costera con selva baja espinosa; Lomeríos y Planicies con selva baja caducifolia (de la Sierra de las Cucharas) y Humedales del Pánuco.
7	¿Comparten el (los) sitio (s) de liberación las mismas ecorregiones terrestres de México[3] (nivel 4) en etapa experimental, piloto y comercial del OGM?	NA		
8	¿Se generó en etapa experimental información relevante para las ecorregiones abarcadas en los polígonos solicitados?	NA		
Zonas libres		**SI**	**NO**	**Observaciones**
9	¿Se encuentra el sitio de liberación del OGM dentro o en las inmediaciones de alguna área geográfica identificada como centro de origen y/o de diversidad genética[4] del organismo receptor y/o parientes silvestres?	ND		Estas áreas aún no han sido determinadas (ND), sin embargo la CONABIO emitio el oficio DTAP/383/2012 como respuesta a la información solicitada por la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA), hasta el momento desconocemos la respuesta dada por las demás instituciones para el establecimiento de dichas áreas geográficas.
10	¿Se encuentra el sitio de liberación del OGM dentro o en las inmediaciones de alguna zona libre de OGM?			Hasta el día de hoy no se conoce alguna solicitud de declaración de zona libre de algodón genéticamente modificada en los estados de Tamaulipas, Veracruz y San Luis Potosí.
Organismo receptor silvestre		**SI**	**NO**	**Observaciones**
11	¿Se encuentra el sitio propuesto de liberación del OGM cercano a los sitios de colecta disponibles[5] de la especie en estado silvestre no modificada genéticamente?			Se encuentran sitios de colecta de la especie *G. hirsutum* dentro del sitio solicitado Sur de Tamaulipas
12	¿Se encuentra el sitio propuesto de liberación del OGM dentro de las zonas de similitud ecológica[6] de la especie en estado silvestre no modificada genéticamente?			Dentro del sitio de liberación solicitado Sur de Tamaulipas se encuentra presente la distribución de la metapoblación de *G. hirsutum* Golfo Norte
Organismo receptor cultivado		**SI**	**NO**	**Observaciones**
13	¿Se encuentra el sitio propuesto de liberación del OGM cercano o dentro de alguna región productiva de la especie cultivada no modificada genéticamente?			Del 2005 al 2011 (con excepción del 2009) se reportó la siembra de algodón dentro de los sitios propuestos de liberación (SIAP, 2012).
Parientes silvestres (por parientes silvestres se considera a las especies pertenecientes al mismo género al que pertenece el organismo receptor o aquellas con la que pueda existir hibridación)		**SI**	**NO**	**Observaciones**
14	¿Se encuentra el sitio de liberación del OGM cercano a los sitios de colecta disponibles para los parientes silvestres con los que puede hibridizar?			El sitio de colecta disponible más cercano se encuentra a 743 Km del sitio solicitado Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas.
15	¿Se encuentra el sitio de liberación del OGM dentro de las zonas de similitud ecológica para los parientes silvestres con los que puede hibridizar?			La zona de similitud ecológica se encuentra a 316 Km del sitio solicitado Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas.
Organismo genéticamente modificado		**SI**	**NO**	**Observaciones**
16	¿El OGM ha sido liberado anteriormente en el sitio solicitado o en las inmediaciones previo a la entrada en vigor de la ley de bioseguridad de organismos genéticamente modificados?			

17	¿El OGM ha sido liberado anteriormente en el sitio solicitado o en las inmediaciones a partir de la entrada en vigor de la ley de bioseguridad de organismos genéticamente modificados?			
18	¿Existe alguna evidencia sobre la presencia en el ambiente del OGM y/o partes del mismo en el sitio solicitado, en las inmediaciones o en el Estado aún cuando este sea sin permiso?			

Conclusión sobre los datos del formulario geográfico del organismo receptor, sus parientes silvestres y el organismo genéticamente modificado

La liberación experimental se pretende llevar a cabo en los estados de Tamaulipas, San Luis Potosí y Veracruz, Zonas Agrícolas del Norte de Tamaulipas el sitio solicitado se encuentra delimitado por los siguientes vértices: -97.66805, 26.00278; -97.37064, 25.77341; -97.55446, 25.55966; -97.7534, 25.42995; -98.12578, 25.03980; -98.94885, 25.04615; -98.33928, 25.50283; -98.55895, 25.49593; -98.57656, 26.23106 y -98.19504, 26.04489. Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas el sitio solicitado se encuentra delimitado por los siguientes vértices: -97.95692, 23.28916; -97.77361, 22.89125; -97.88394, 22.55768; -97.81832, 22.24519; -98.16706, 21.68185; -98.84888, 21.93222; -98.87124, 22.41509; -99.11267, 22.43297 y -99.15291, 23.12597.

Sí observamos consecuencias por la liberación de *Gossypium hirsutum L.*, genéticamente modificado ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5 (Libertylink® x GlyTol®), dada la posibilidad de hibridación con el organismo receptor silvestre. Esto se debe a que existen registros de sitios de colecta del 2008 de la especie *G. hirsutum* en forma silvestre en el municipio de Altamira, y a que gran parte del sitio solicitado Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas cae dentro de la metapoblación de *G. hirsutum* Golfo Norte. Se resalta que recientemente en individuos de esta metapoblación, se identificó la presencia de las proteínas recombinantes Cry1Ab/1AC, Cry2A, CP4EPSPS o PAT en un 58% de las semillas muestreadas (Wegier *et al.*, 2011), lo que constituye una evidencia de que ya ha habido flujo de genes de cultivos GM hacia las poblaciones silvestres de algodón en la región.

Sí observamos posibles consecuencias en función a la posibilidad de hibridación con el organismo receptor cultivado si este cultivo se sembrara en el periodo de liberación, debido a que en el período del 2005 al 2011 (con excepción del 2009) se reportó la siembra de algodón dentro de los sitios propuestos de liberación.

La ANP más cercana al sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Norte de Tamaulipas" es "Laguna Madre y Delta del Río Bravo", la cual se encuentra a 1.82 kilómetros. Las ANP más cercanas al sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas" son "Sierra del Abra Tanchipa", la cual se encuentra a 2.89 kilómetros y "Rancho San Pedro", la cual se encuentra a 3.74 kilómetros.

Dentro del sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Norte de Tamaulipas" se encuentra la Región Terrestre Prioritaria: "Laguna Madre", la Región Hidrológica Prioritaria: "Río Bravo Internacional" y la Región Marina Prioritaria "Laguna Madre". Dentro del sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas" se encuentran las Regiones Terrestres Prioritarias: "Sierra de Tamaulipas", "Encinares tropicales de Loma Las Pitas y Sierra Maratines", "Cenotes de Aldama", "El Cielo" y "Laguna San Andrés". Las Regiones Hidrológicas Prioritarias "Río Tamesí", "Cenotes de Aldama" y "Confluencia de las Huastecas" y las Regiones Marinas Prioritarias. "Laguna San Andrés" y "Pueblo Viejo-Tamiahua".

Dentro del sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Norte de Tamaulipas" se encuentran tres ecorregiones: Planicie Interior Tamaulipeca con matorral xerófilo, Planicie Costera Tamaulipeca con vegetación xerófila o sin vegetación aparente y Humedales de la Laguna Madre. Dentro del sitio solicitado "Zonas Agrícolas del Sur de Tamaulipas" se encuentran siete ecorregiones: Lomeríos y Sierras con matorral xerófilo y bosques de encino; Sierra de Maratines con selva mediana caducifolia; Sierra con bosques de encinos, coníferas y mixtos; Selva baja caducifolia y bosque de encino de la Sierra de Dientes de Moreno; Planicie Costera con selva baja espinosa; Lomeríos y Planicies con selva baja caducifolia (de la Sierra de las Cucharas) y Humedales del Pánuco.

1. Áreas Naturales Protegidas. Éstas son porciones terrestres o acuáticas del territorio nacional representativas de los diversos ecosistemas, en donde el ambiente original no ha sido esencialmente alterado y que producen beneficios ecológicos cada vez más reconocidos y valorados (CONANP).

2. Regiones Prioritarias para la Conservación de la Biodiversidad. Programa generado por la CONABIO orientado a la detección de áreas cuyas características físicas y bióticas favorezcan condiciones particularmente importantes desde el punto de vista de la biodiversidad. Un esfuerzo de esto es la identificación de regiones prioritarias para la biodiversidad, considerando los ámbitos terrestre (regiones terrestres prioritarias), marino (regiones prioritarias marinas) y acuático epicontinental (regiones hidrológicas prioritarias), para los cuales, mediante sendos talleres con especialistas, se definieron las áreas de mayor relevancia en cuanto a la riqueza de especies, presencia de organismos endémicos y áreas con un mayor nivel de integridad ecológica, así como aquéllas con mayores posibilidades de conservación en función a aspectos sociales, económicos y ecológicos (Arriaga *et al.*, 1988, 2000 y 2002).

3. Ecorregiones terrestres de México: Unidades geográficas con flora, fauna y ecosistemas característicos. Son una división de las grandes "ecozonas" o regiones biogeográficas.

4 Áreas geográficas definidas como centro de origen y/o de diversidad genética pertenecientes al organismo receptor y/o parientes silvestres.

5. Sitios de colecta disponibles: Estos puntos se refieren a los sitios en donde se han colectado ejemplares de la(s) especie(s) que se mencionan. Los datos se obtuvieron a partir de la información existente en el Sitema de Información de Organismos Vivos Modificados (SIOVM).

6. Zonas de similitud ecológica: Se refieren a los sitios en donde se encuentran características ambientales similares a las de los sitios de colecta disponibles para la especie. Estas zonas de similitud ecológica se obtuvieron a partir de un análisis realizado con el Genetic Algorithm for Rule-set Prediction (GARP), el cual es un sistema de modelación que permite generar una serie de posibles modelos de distribución de acuerdo con la similitud ecológica de las especies (Stockwell & Noble, 1992; Stockwell & Peters, 1999).

REFERENCIAS

Arriaga Cabrera, L., E. Vázquez Domínguez, J. González Cano, R. Jiménez Rosenberg, E. Muñoz López, V. Aguilar Sierra (coordinadores). 1998. Regiones marinas prioritarias de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y uso de la Biodiversidad. México.

Arriaga, L., J.M. Espinoza, C. Aguilar, E. Martínez, L. Gómez y E. Loa (coordinadores). 2000. Regiones terrestres prioritarias de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y uso de la Biodiversidad. México.

Arriaga, L., V. Aguilar, J. Alcocer. 2002. "Aguas continentales y diversidad biológica de México". Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México.

DOF. 2005. Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados http://www.diputados.gob.mx/LeyesBiblio/pdf/Ley_BOGM.pdf

DOF. 2008. Reglamento de la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados http://www.diputados.gob.mx/LeyesBiblio/regley/Reg_LBOGM.pdf

Google earth. Versión 6.2. 2012. http://www.google.es/intl/es/earth/index.html

Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática (INEGI) -Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) - Instituto Nacional de Ecología (INE). (2008). 'Ecorregiones terrestres de México'. Escala 1:1000000. México. De forma abreviada puede citarse así: INEGI, CONABIO e INE. 2008. 'Ecorregiones terrestres de

Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática (INEGI) (2009). Conjunto de Datos Vectoriales de la Carta de Uso del Suelo y Vegetación, Escala 1:250 000 Serie IV (CONTINUO NACIONAL). Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática - INEGI. Aguascalientes, México.

Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP) http://www.siap.gob.mx/aagricola_siap/icultivo/index.jsp

Stockwell, D.R.B. & I.R. Noble. 1992. Induction of sets of rules from animal distribution data. A robust and informative method of data analysis. Math. Comput. Simul. 33:385-390.

Stockwell, D.R.B. & D. Peters. 1999. The GARP modeling systems: problems and solutions to automated spatial prediction. International Journal Geog. Inf. Sci. 13:143-158.

Stockwell, D.R.B. & D. Peters. 1999. The GARP modelling system: problems and solutions to automated spatial prediction. International Journal Geog. Inf. Sci. 13:143-158.

Wegier-Briuolo A.L., V. Alavez-Gómez, L.O. Jardón-Barbolla, L. Moyers, D. Ortega del Vecchyo y D. Piñero. 2010. Informe final del proyecto "Análisis para la determinación de los centros de origen y diversidad de las especies mexicanas del género Gossypium". Instituto de Ecología. México, D.F.

Formulario de datos biológicos en relación con el organismo receptor y sus parientes silvestres

Solicitud: 074/2012

Organismo genéticamente modificado: ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5 (Libertylink® x GlyTol®)

Promovente: Bayer de México S.A. de C.V.

Fenotipo: Tolerancia a los herbicidas glufosinato de amonio y glifosato

Modificación genética:Inserción de los genes *bar* de *Streptomyces hygroscopicus* (ACS-GHØØ1-3) y *2mepsps* de *Zea mays* (BCS-GHØØ2-5).

Organismo receptor: *Gossypium hirsutum* L. 1763, cultivada y silvestre.

Sitio(s) de liberación: Estados de Tamaulipas, San Luis Potosi y Veracruz (ver formulario geográfico)

	Consideraciones básicas para emitir una recomendación.	SI	NO	Observaciones
1	¿Se cultiva en México el organismo receptor del organismo genéticamente modificado (OGM)?	X		*G. hirsutum* se cultiva principalmente en los estados de Baja California, Campeche, Chihuahua, Coahuila, Durango, San Luis Potosí, Sinaloa, Sonora, Tamaulipas, Yucatán y Veracruz. Durante el año 2011 en México se sembraron 198,439 ha, se cosecharon 193,485 ha; de las cuales aproximadamente 7,309 ha se cosecharon en el estado de Tamaulipas (SIAP, 2012).
2	¿Existe en México el organismo receptor[1] en estado silvestre del organismo genéticamente modificado (OGM)?	X		De forma silvestre *G. hirsutum* se distribuye en Baja California Sur, Campeche, Colima, Guerrero, Jalisco, Michoacán, Nayarit, Oaxaca, Quintana Roo, Sinaloa, Veracruz, Yucatán y posiblemente en Chiapas, Durango, Tabasco, San Luis Potosí y Tamaulipas (Fryxell,1988; Wegier, 2005, 2008; Wegier *et al.*, 2010, 2011).
3	¿Existen parientes silvestres[2] del OGM en México?	X		Se reconocen 11 especies diploides (*G. aridum, G. armourianum, G. davidsonii, G. gossypioides, G.harknessii, G. laxum, G. lobatum, G. schwendimanii, G. thurberi, G.trilobum* y *G.turneri*) y una tetraploide (*G. barbadense*) (Fryxell,1988; Wegier, 2008; Wegier *et al.*, 2010).
4	¿Es México centro de origen del organismo receptor?	X		La especie de *G. hirsutum* es endémica de Mesoamérica, zona que incluye a México, las islas de Caribe, Belice, Guatemala, El Salvador, Honduras y Costa Rica. *G. hirsutum* evolucionó en el sureste de México y fue dispersado a través de México, America Central, las Islas del Caribe, sureste de Florida y sureste de Nuevo México. Los especimenes arqueológicos más antiguos de esta especie, han sido hallados en Tehuacán, Oaxaca, Estado de México y tienen una antigüedad aproximada de 3400 a 2300 años A. C. (Smith 1995; Brubaker *et al.*, 1999). En un estudio realizado por Wegier, 2010, se sugiere que las poblaciones costeras de Yucatán son realmente silvestres y aquí se ubicaría la región de las primeras fases de domesticación de *G. hirsutum*.

5	¿Es México centro de diversidad genética del organismo receptor?			En un primer tratamiento Hutchinson, 1947, reconoció 3 variedades para *G. hirsutum* (*hirsutum, punctatum* y *marie-galante*). Cuatro años después (1951) cambío este sistema formal de clasificación por un sistema informal que incluye 7 razas geográficas. "latifolium" con centro de diversidad en Guatemala y sureste de México, "marie-galante" desde el Este de El Salvador hacia Costa Rica y Panamá, norte de Sudamérica y el Caribe, "punctatum" en la península de Yucatán, costa del Golfo de México hacia la costa del Golfo en la Florida y en pocas islas del Caribe. Estas 3 primeras razas presentan una mayor distribución y mayor variación morfológica. Las restantes 4 razas que presentan rangos geográficos restringidos son: "palmeri" en los estados de Oaxaca y Guerrero, "morrilli" restringido a la meseta central mexicana (Oaxaca, Puebla, Morelos), "yucatanense" en la costa norte de la península de Yucatán y "richmondi" en el lado del Pacífico en el Itsmo de Tehuantepec (sureste de México y Guatemala) Brubaker *et al.*, 1999. Wegier *et al.* en 2010 y 2011, demuestra, a través de estudios realizados desde 2008, con información de bases de datos proporcionadas por la CONABIO; de revisión de especies en herbarios nacionales e internacionales, de colectas recientes y con la realización de estudios basados en filogénia y genética; que México es centro de origen y diversidad génetica de *G. hirsutum* y sugiere que las *"formas originales de algodón localizadas en Yucatán dieron lugar al desarrollo de cultivos en Yucatán y Guatemala, por lo que se conoce ésta última zona como aquel en que ocurrió una diversificación secundaria"*. En este mismo trabajo, la autora señala que *G. hirsutum* está constituido en México por ocho metapoblaciones[3] ubicadas en Baja California Sur, Pacífico Norte (Sinaloa y Nayarit), Bahía de Banderas (Nayarit), Pacífico Centro (Jalisco, Michoacán, Guerrero), Pacífico Sur (Guerrero, Oaxaca y Chiapas), Golfo Norte (sur de Tamaulipas y norte de Veracruz), Golfo sur (centro y sur de Veracruz) y Península de Yucatán (Campeche, Yucatán y Quintana Roo).
6	¿Es México centro de origen y de diversidad genética del género al que pertenece el organismo receptor?			Aunque el centro de origen del género *Gossypium* es desconocida, existen 3 centros primarios de diversidad del género y son: México, África y Arabia y Australia, debido a que presentan el mayor número de especies del género (OGTR, 2002).

Si la pregunta 1 tiene una respuesta afirmativa, pase a la pregunta 7[4]

Si la pregunta 2 tiene una respuesta afirmativa, pase a la pregunta 12[5]

Si la pregunta 3 tiene una respuesta afirmativa, pase a la pregunta 18[6]

	Organismo receptor cultivado	**SI**	**NO**	**Observaciones**
7	¿Es el OGM sexualmente compatible con la especie cultivada no modificada genéticamente en México?			En el OGM y en el algodón cultivado, la reproducción es de manera sexual tanto por autogamia (autofecundación) como por alogamia (fecundación

8	¿Permite el sistema reproductivo de la especie cultivada el flujo génico con el OGM en México?			cruzada), siendo el primero de ellos, el mecanismo más común (McGregor 1976, Fryxell, 1993, Smith, 1995).
9	¿Se sobrepone la fenología floral del OGM con la de la especie cultivada no modificada genéticamente, en México?			La fenología floral en ambas es similar y la flor es fecundada durante las primeras horas de la mañana (Fryxell, 1993, Smith, 1995).
10	¿Comparten los mismos polinizadores el OGM y la especie cultivada no modificada genéticamente, en México?			Ambos, comparten los mismos polinizadores como *Bombus ssp.* (abejorro) y *Apis mellifera* (abeja), aunque generalmente se autopolinizan (McGregor, 1976).
11	¿Existe la probabilidad de hibridación entre el OGM y la especie cultivada no modificada genéticamente, en México?			Ambos pueden entrecruzarse y tener descendencia fértil (McGregor 1976, Fryxell 1993, Smith 1995, Wegier 2005; Wegier *et al.*, 2010). Diversos estudios han generado información sobre las distancias de dispersión de polen entre cultivos GM y no GM, que han ayudado a establecer distancias de aislamiento entre estos tipos de cultivo. Recientemente Van Deynze *et al.*, 2005 en experimentos realizados en California señala que con presencia de polinizadores el porcentaje de flujo de genes es el 1% a 9 metros, mientras que en ausencia de ellos este mismo porcentaje decrece a menos del metro de distancia. Por otro lado, dentro de este mismo estudio, se realizo el mismo análisis tomando para ello muestras de las parcelas vecinas encontrandose para ello un porcentaje de flujo de genes de 0.2 a 30 metros, de 0.1 a partir de los 200 m, hasta un porcentaje de 0.04 a 1625 m. Recientemente, Heuberger *et al.*, 2010 encontraron que la zona de influencia en el que puede haber flujo génico vía polen y por semilla entre algodon GM y no GM es de 3 kilómetros, tanto por la actividad de las abejas como los inherentes al manejo de la semilla por parte de los agricultores, aunque el porcentaje de flujo de más menos 1% es fruecuente en distancias menores a 750 m. Ellos, de manera general concluyen que el cuidado en el manejo de la semilla por parte de los agricultores es más importante que la distancia que se genere para limitar el flujo de genes. En Estados Unidos y otros países la distancia de aislamiento requerida para semillas de fundación es de 400 m.
Organismo receptor silvestre		**SI**	**NO**	**Observaciones**
12	¿Es el OGM sexualmente compatible con la especie en estado silvestre no modificada genéticamente en México?			En el OGM y en el algodón silvestre la reproducción es de manera sexual tanto por autogamia (autofecundación) como por alogamia (fecundación cruzada), siendo el primero de ellos, el mecanismo más común (McGregor 1976, Fryxell, 1993, Smith, 1995).
13	¿Permite el sistema reproductivo de la especie en estado silvestre el flujo génico con el OGM en México?			
14	¿Se sobrepone la fenología floral del OGM con la de la especie en estado silvestre no modificada genéticamente, en México?			Tradicionalmente se había asumido que la fenología floral en ambas es similar y la flor es fecundada durante las primeras horas de la mañana. La floración se presenta en agosto, febrero y mayo. (Fryxell, 1993, Smith, 1995, SIOVM [en linea], 2012). Sin embargo esto requiere mayor estudios biológico-ecológico, mismos que actualmentes se están llevando a cabo en campo.

15	¿Comparten los mismos polinizadores el OGM y la especie en estado silvestre no modificada genéticamente, en México?			Pueden existir polinizadores generalistas y oportunistas, Wegier *et al.* en 2010 indica que *"La información que existe sobre polinizacion cruzada en poblaciones silvestres es la que se debe emplear como referencia"*
16	¿Existe la probabilidad de hibridación entre el OGM y la especie en estado silvestre no modificada genéticamente, en México?			Ambos pueden entrecruzarse y tener descendencia fértil (McGregor 1976, Fryxell 1993, Smith 1995, Wegier 2005). Para las poblaciones silvestres de *G. hirsutum* en México se ha encontrado relaciones geneticas entre ellas hasta distancias por arriba de 200 km que muy posiblemente se haya manifestado por dispersiones de semillas a traves de cuerpos de agua (Wegier, 2005; Wegier *et al.*, 2010, 2011). Recientemente se han identificado individuos en más de una metapoblación de algodón que presentan proteínas Cry1AB y/o Cry1Ac y/o Cry2A y/o CP4EPSPS, en las metapoblaciones Pacífico Norte, Pacífico Sur, Golfo Norte y Golfo Sur (Wegier *et al.*, 2011).
17	¿Existe reclutamiento[7] de nuevos individuos del organismo receptor en México como resultado de perturbación del hábitat?			Los individuos silvestres de *G. hirsutum* al interior de cada una de las metapoblaciones se extinguen, colonizan y recolonizan parches limitados por otros factores, como la competencia y los recursos. El flujo génico y la migración entre las subpoblaciones (partes de las metapoblaciones) seguramente es abundante (basados en los antecedentes biológicos). La recolonización de estas plantas después de una extinción es posible debido a que los habitat no se destruyen, por ello es importante la preservación de los habitats que ocupan y ocuparán dentro de cada metapoblación (Wegier *et al.*, 2010, 2011).
Parientes silvestres		**SI**	**NO**	**Observaciones**
18	¿Permite el sistema reproductivo del OGM el flujo génico con alguno de sus parientes silvestres?			Con *Gossypium barbadense* en forma silvestre y cultivada; en ambas su reproducción es de manera sexual tanto por autogamia (autofecundación) como por alogamia (fecundación cruzada), siendo el primero, el mecanismo más común.
19	¿Es el OGM sexualmente compatible con alguno de sus parientes silvestres?			
20	¿Se sobrepone la fenología floral del OGM con la de sus parientes silvestres?			Con *Gossypium barbadense* la fenología floral es similar y la flor es fecundada durante las primeras horas de la mañana
21	¿Comparten los polinizadores el OGM y sus parientes silvestres?			*Gossypium barbadense* y *G. hirsutum* comparten los mismos polinizadores como *Bombus ssp.* (abejorro) y *Apis mellifera* (abeja), aunque generalmente se autopolinizan
22	¿Existe la probabilidad de hibridación entre el OGM y sus parientes silvestres?			Con *Gossypium barbadense* puede entrecruzarse y tener descendencia fértil ya que de manera natural estas especies han tenido introgresión de sus genes en áreas donde se sobrelapan las poblaciones, aunque esta introgresión no es de manera simétrica, la introgresión de alelos de *G. barbadense* a *G. hirsutum* es común en areas de simpatria y raro en cultivares modernos, por otro lado los alelos de *G hirsutum* que se fijan en *G. barbadense* son restrictivos en cultivares modenos y poco comunes en áreas de simpatria (Brabaker *et al.* 1993)

Conclusiones sobre el formulario de datos biológicos en relación con el organismo receptor y sus parientes silvestres

En México, dentro del género *Gossypium*, se reconocen 11 especies diploides (*G. aridum, G. armourianum, G. davidsonii, G. gossypioides, G.harknessii, G. laxum, G. lobatum, G. schwendimanii, G. thurberi, G.trilobum y G.turneri)* y dos tetraploides (*G. hirsutum* y *G. barbadense)* (Fryxell,1988; Wegier, 2008; Wegier *et al.*, 2010).

G. hirsutum y *G. barbadense* pueden entrecruzarse y tener descendencia fértil ya que de manera natural estas especies han tenido introgresión en áreas donde se sobrelapan las poblaciones. Sin embargo, este intercambio no se da de manera simétrica: en *G. barbadense* la introgresión se da principalmente a partir de alelos provenientes de cultivares modernos de *G. hirsutum*. En contraste, la introgresión de alelos de *G. barbadense* hacia *G. hirsutum* es común en poblaciones silvestres en áreas de simpatría, pero es raro observarla en cultivares modernos.

México es centro de origen y diversidad genética de G. hirsutum L., el cual incluye ocho metapoblaciones ubicadas en Baja California Sur, Pacífico Norte (Sinaloa y Nayarit), Bahía de Banderas (Nayarit), Pacífico Centro (Jalisco, Michoacán, Guerrero), Pacífico Sur (Guerrero, Oaxaca y Chiapas), Golfo Norte (sur de Tamaulipas y norte de Veracruz), Golfo sur (centro y sur de Veracruz) y Península de Yucatán (Campeche, Yucatán y Quintana Roo) (Wegier *et al*., 2011).

G. hirsutum L. se cultiva principalmente en los estados de Baja California, Chihuahua, Coahuila, Durango, Sinaloa, Sonora, Tamaulipas, Veracruz, San Luis Potosí, Campeche y Yucatán.

En el OGM y en el algodón cultivado, la reproducción es de manera sexual tanto por autogamia (autofecundación) como por alogamia (fecundación cruzada), siendo el primero de ellos, el mecanismo más común (McGregor 1976, Fryxell, 1993, Smith, 1995). Ambos comparten los polinizadores *Bombus ssp.* (abejorro) y *Apis mellifera* (abeja) (McGregor, 1976).

El algodón GM, el algodón cultivado no GM y las poblaciones silvestres de *G. hirsutum* pueden entrecruzarse y tener descendencia fértil (McGregor 1976, Fryxell 1993, Smith 1995, Wegier 2005; Wegier *et al.*, 2010, 2011). En cuanto a la información referente a las distancias de flujo génico por polen y semilla, se tienen datos y evidencias obtenidas de diferentes fuentes:

• Estudios de flujo génico entre algodón cultivado GM y no GM, han encontrado que la zona de influencia en la que puede existir flujo vía polen es de 750 m (Heuberger *et al.*, 2010). Este estudio concluye que el cuidado en el manejo de la cosecha por parte de los agricultores es más importante que la distancia de aislamiento que se plantee para evitar el flujo vía polen.

• Estudios recientes han encontrado que existen relaciones genéticas entre poblaciones silvestres de *G. hirsutum* que se encuentran separadas por distancias de más de 200 km, lo que muy posiblemente se haya manifestado por dispersiones de semillas a través de cuerpos de agua (Wegier, 2005; Wegier *et al.*, 2010, 2011).

• En México se han identificado individuos en más de una metapoblación de algodón silvestre que presentan proteínas Cry1AB y/o Cry1Ac y/o Cry2A y/o CP4EPSPS y/o PAT, en las metapoblaciones Pacífico Norte, Pacífico Sur, Golfo Norte y Golfo Sur (Wegier *et al.*, 2011), de las cuales la metapoblación Pacífico Sur se encuentra a mas de 500 km de distancia de la fuente conocida más cercana de algodón GM, la cual incluye las zonas del norte del país donde éste se ha liberado.

Estas evidencias indican que el flujo génico con poblaciones silvestres ya ha tenido lugar y que éste puede darse a distancias de varios cientos de kilómetros y es probablemente mediado por la dispersión de semilla. Es necesario investigar y entender cómo es que las construcciones genéticas de algodones GM llegaron a las poblaciones silvestres de algodón en México, así como estudiar las consecuencias de que estas construcciones genéticas se hayan ya integrado de manera aparentemente permanente dentro de estas poblaciones silvestres.

Adicionalmente, esta liberación al ambiente se pretende efectuar durante el año 2013 y el promovente no menciona en qué ventana de siembra pretende liberar (Primavera-Verano, Otoño-Invierno); lo único que afirma es que calcula hacerlo durante seis meses. Es importante que el promovente aclare esta situación, ya que existe la posibilidad de que se presente sobrelapamiento en la floración entre el OGM y los cultivares de algodón no GM.

Nota: Este formulario analiza los requisitos para los permisos de liberación al ambiente descritos en las fracciones I incisos b), c), d), e), g); III inciso h); IV inciso b) número 4 del artículo 16 del RLBOGM.

[1] Organismo receptor: Organismo que recibe material genético de un organismo donador y que generalmente corresponde a la especie cultivada.

[2] Por parientes silvestres se considera a las especies pertenecientes al mismo género al que pertenece el organismo receptor o aquellas con la que pueda existir hibridación .

[3] El concepto de metapoblaciones es definido como un ensamble de poblaciones que existen en un balance entre extinción y colonización de las especies (Levins, 1969; Hanski, 1999; Freckleton & Watkinson 2002) .

[4] La pregunta 7 a la 11 serán contestadas sólo si la pregunta 1 (sobre el cultivo del organismo receptor en México) es afirmativa

[5] La pregunta 12 a la 17 serán contestadas sólo si la pregunta 2 (sobre la presencia del organismo receptor silvestre en México) es afirmativa

[6]. La pregunta 18 a la 29 serán contestadas sólo si la pregunta 3 (sobre la presencia de parientes silvestres en México) es afirmativa

[7]. Reclutamiento: Se refiere al fenómeno en el que nuevos individuos se unen a la población, y muchas veces hace referencia a los individuos derivados de un proceso de reproducción sexual. Un bajo reclutamiento puede manifestarse de varias maneras.

REFERENCIAS

Brubaker, C.L., F.M. Jason, A. Koontz & J.F. Wendel. 1993. Bidirectional Cytoplasmic and Nuclear Introgression in the New World Cottons, *Gossypium barbadense* and *G. hirsutum* (Malvaceae). American Journal of Botany 80(10): 1203-1208

Brubaker, C.L., F.M. Bourland & J.F. Wendel. 1999. The origin and domestication of cotton in: C.W. Smith & J.T. Cothren (Eds.) Cotton: Origin, History, Technology and Production. John Wiley & Sons, Inc. USA.

DOF. 2005. Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados http://www.diputados.gob.mx/LeyesBiblio/pdf/Ley_BOGM.pdf

DOF. 2008. Reglamento de la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados http://www.diputados.gob.mx/LeyesBiblio/regley/Reg_LBOGM.pdf (ultima reforma publicada DOF 06-03-2008)

Freckleton, R.P. & A.R. Watkinson 2002. Large-Scale spatial dynamics of plants: Metapopulations, regional ensembles and patchy populations. Journal of Ecology 90: 419-434

Fryxel, P.A. 1979. The natural history of cotton tribe (Malvaceae, Tribe Gossypieae). First edition.Texas A & M University Press. USA.

Fryxell, P.A. 1988. Malvaceae of Mexico. Systematic Botany Monographs Vol. 25. The American Society of Plant Taxonomists.USA.

Fryxell, P.A. 1993. Malvaceae A.L. Juss. En: Flora de Veracruz. Fascículo 68. Instituto de Ecología A.C. y Universidad de California, Riverside. Xalapa, Ver.

Hanski, I. 1998. Metapopulations dynamiscs. Nature 396

Heuberger, S., C. Ellers-Kirk, B.E. Tabashnik & Y. Carrière. 2010. Pollen- and -seed- mediated transgene flow in commercial cotton seed production fields. PLoS One 11(5): 1-8 www.plosone.org

Index to Plant Chromosome Numbers (IPCN). http://mobot.mobot.org/W3T/Search/ipcn.html

IPNI. http://www.ipni.org/

Levin, D.A. 1995. Metapopulations: an arena for local especiation. J. Evol. Biol. 8:635-644

McGregor, S.E. 1976. Insect pollination of cultivated crop plants. Washington Department of Agriculture. http://gears.tucson.ars.ag.gov/book/

OGTR (2002) The Biology and Ecology of Cotton (*Gossypium hirsutum*) in Australia. Report to the Office of the Gene Technology Regulator, OGTR, http://www.ogtr.gov.au/pdf/ir/ biologycotton.pdf.

SIAP. [En línea] Anuario estadístico de la producción agrícola. Sistema de Información Agroalimentaria y Pesquera http://www.siap.gob.mx Consultado: 2012

SIOVM. Sistema de Información de Organismos Vivos Modificados SIOVM [En línea] http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/bioseguridad/doctos/consulta_SIOVM.html Consultado: 2012

SNIB-CONABIO. SNIB. Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad. CONABIO.http://www.conabio.gob.mx/institucion/snib/doctos/acerca.html

Smith, C. Wayne. 1995. Crop Production: Evolution, History, and Technology. John Wiley and Sons, New York.

Van Deynze, A.E., F.J. Sundstrom & K.J. Bradford. 2005. Pollen-Mediated Gene Flow in California Cotton Depends on Pollinator Activity. Crop Sci 45:1565-1570

Wegier-Briuolo A.L. 2005. Aislamiento por distancia de algodón (*Gossypium hirsutum*) en México: Consecuencias para el manejo de plantas transgénicas. Tesis de Maestría. Universidad Nacional Autónoma de México. México, D.F.

Wegier-Briuolo A.L. 2007. Informe final del proyecto "Validación de información de registros biológicos y de mapas de distribución puntual y de los modelos de áreas de distribución potencial de las especies del género *Gossypium* en México" bajo el proyecto 0051868. Continuación de la creación de capacidades institucionales y técnicas para la toma de decisiones en materia de bioseguridad. PNUD-CIBIOGEM, México, D.F.

Wegier-Briuolo A.L., V. Alavez-Gómez, L.O. Jardón-Barbolla, L. Moyers, D. Ortega del Vecchyo y D. Piñero. 2010. Informe final del proyecto "Análisis para la determinación de los centros de origen y diversidad de las especies mexicanas del género *Gossypium*". Instituto de Ecología. México, D.F.

Wegier A., Piñeyro-Nelson A., Alarcón J., Gálvez-Mariscal A., Álvarez-Buylla E.R. & D. Piñero. 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(19):4182-94. doi: 10.1111/j.1365-294X.2011.05258.x.

W3Tropicos [En línea] Missouri Botanical Garden´s VAST http://mobot.mobot.org/W3T/search/vast.html Consultado: 2012

Formulario de datos fenotípicos

Solicitud: 074/2012

Organismo genéticamente modificado: ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5 (Libertylink® x GlyTol®)

Promovente: Bayer de México S.A. de C.V.

Fenotipo: Tolerancia a los herbicidas glufosinato de amonio y glifosato

Modificación genética:Inserción de los genes *bar* de *Streptomyces hygroscopicus* (ACS-GHØØ1-3) y *2mepsps* de *Zea mays* (BCS-GHØØ2-5).

Organismo receptor: *Gossypium hirsutum* L. 1763, cultivada y silvestre.

Parientes silvestres[1] en México con posibilidad de hibridación y de progenie fértil: *G. hirsutum y G. barbadense*

Sitio(s) de liberación solicitados[2]: Estados de Tamaulipas, San Luis Potosi y Veracruz (ver formulario geográfico)

Sección I: Antecedentes de comportamiento de maleza[3] o invasivo[7]					
Antecedentes de comportamiento de maleza[3] del organismo receptor (r) y de parientes silvestres (s) con posibilidad de hibridación con el OGM	**Sí**		**No**		**OBSERVACIONES**
1) ¿La especie receptora no modificada (r) y sus parientes silvestres (s) presentes en México se encuentran en la lista de especies de las siguientes páginas web?	(r)	(s)	(r)	(s)	
a) A Global Compendium weeds[4] http://www.hear.org/gcw/					En esta base se reporta a *Gossypium hirsutum* como especie naturalizada, invasora casual, que invade ecosistemas naturales y como maleza, respecto a *Gossypium barbadense* se reporta bajo el estatus como escapada del cultivo, que invade ecosistemas naturales, naturalizada y maleza.
b) Malezas de México[5] http://www.conabio.gob.mx/malezasdemexico/2inicio/home-malezas-mexico.htm					
c) Catálogo de Malezas de México[6] (Villaseñor y Espinosa, 1998)					
d) Otras fuentes http://plants.usda.gov/java/					De acuerdo a esta página *G. hirsutum* puede llegar a ser maleza o invasiva esto basado en la información de Southern Weed Science Society (1998). Para el caso de *G. barbadense* solo se reporta como una planta introducida.
Antecedentes de comportamiento de invasivo[7]	(r)	(s)	(r)	(s)	**OBSERVACIONES**
a) Global Invasive Species Databases http://www.issg.org/database/welcome/					
b) Center of invasive Species and Ecosystem Health (NAPPO) http://www.invasive.org/					
Sección II: Sobre características fenotípicas relacionadas a malezas o potencial invasivo					
Características fenotipicas relacionadas a malezas o a especies con potencial de invasividad del organismo receptor (r) o parientes silvestre (s) con probabilidad de hibridación con el OGM. (Baker,1965, FAO 2005)	**Sí**		**No**		
2)¿La especie receptora no modificada (r), los parientes silvestres (s), presentan las siguientes caracteristicas:	(r)	(s)	(r)	(s)	
a)¿Producción de gran cantidad de semillas?					El fruto de *Gossypium hirsutum*, es una capsula dehiscente de tres a 5 loculos que contienen 5 o mas semillas formando una cantidad considerable de semillas por individuo, el numero de flores por planta, es variable dependiendo, la calidad y cantidad de nutrientes disponibles en el suelo.
b)¿La producción de semillas se realiza en forma continúa?		S/D		S/D	El desarrollo de la planta de algodón es en forma escalonada, por lo que la producción de semilla tambien lo es, se considera que el ciclo de vida de un cultivo de algodón es de 135 dias aproximadamente.

c) ¿La germinación se lleva acabo en amplio rango de condiciones?					Se requiere de una temperatura cercana a los 30 °C, para un buen desarrollo del cultivo, ya que cuando la temperatura sobrepasa este nivel o se situa por debajo de los 15°C la germinación de las plantulas de ve afectada. La humedad del suelo es del 90% de capacidad de campo. Las regiones mas adecuadas para el cultivo del algodon estan localizadas a latitudes de entre 0 a los 500 msnm, al cultivarse por arriba de los 1000 msnm los rendimientos y la calidad del producto se ven deteriorados. Los mejores suelos para el cultivo son los que esten bien aireados, con buena retención de agua y ricos en materia orgánica.
d) ¿Las semillas son viables por largos periódos? (más de un año)					La existencia de un banco de semillas en el suelo parece improbable, porque las semillas que se dispersan involuntariamente no germinan ya que sufren un rápido intemperismo, disminuyendo significativamente la viabilidad. Para el caso de *G. hirsutum* se considera que las accesiones de algodón "primitivas" tienen un alto porcentaje de "semillas duras" por lo tanto son impermeables y tienen un retraso en la germinación, este mecanismo es positivo para la sobrevivencia de especies silvestres de algodón. Sin embargo en relación a las plantas cultivadas las semillas de testa dura es un rasgo agronómico indeseable por lo que se les ha eliminado en las semillas de cultivares comerciales de algodón (Mauncy, 1986).
e) ¿La transición de la fase vegetativa a la fase reproductiva se realiza en un corto periódo?		S/D			El ciclo del desarrollo del algodonero, se divide en tres fases. Vegetativa: desde la fecha de siembra hasta el momento de la aparicion del primer capullo transcurren 30-35 dias, a partir de la aparicion del primer capullo hasta el final de la floracion son 40-45 dias, la fase de maduracion es desde el fin de la floracion hasta la cosecha de 50 a 55 dias.
f)¿Capacidad de autopolinizarse?					
g)¿Presenta reproducción vegetativa?					
h)¿Planta acuática?					
i)¿Produce espinas, púas, adherencias?					
j)¿Especie rastrera o trepadora?					
k)¿Transporte de polen por polinizadores no especialistas (principalmente insectos) o viento?					Los agentes de polinización son principalmente los insectos del orden Hymenoptera (*Anthophora spp., Apis dorsata, A. florea, A. indica, A. mellifera, Bombus spp., Elis thoracica, Helictus spp., Megachile spp., Melisssodes spp.)* En ausencia de polinizadores las flores son autopolinzadas, pero si hay presencia de polinizadores éstos pueden contribuir al entrecruzamiento de 50% al 80%. (Oosterhuis, y Jernstedt,1999).
L)¿Posee adaptaciones o mecanismos especiales para su dispersión?					La semilla de algodón con la fibra rizada es comunmente usada como almacenamiento para la alimentacion del ganado, por lo tanto la semilla tiene un alto potencial de dispersión en otros habitats donde no se produce algodón. Estudios en Autralia indican que la semilla tiene un riesgo bajo de una dispersion involuntaria, sin embargo, el mecanismo puede ser mecanico en el momento de la dehiscencia del fruto ya que el fruto es seco e indehiscente con dehiscencia loculicida, las semillas quedàn expuestas ante la dehiscencia del fruto.

En el caso que la especie receptora de acuerdo a la preguntas 1 y 2 pueda considerarse como maleza y/o con potencial invasivo contestar la 3, si no pasar a la 4

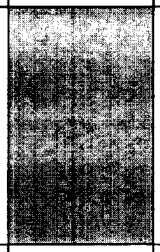
Sección III: Sobre el potencial de Establecimiento

3) ¿Cuáles son en México las zonas de similitud ecológica donde puede establecerce la especie receptora?	**Mexico es el centro de diversidad de este género, por ende, existen condiciones ecológicas idoneas para su crecimiento.**

Sección IV: Sobre la posibilidad de flujo de genes entre parientes silvestres considerados maleza y el OGM y viceversas (apoyarse en formulario biologico y geografico)

	Sí	**No**	En el caso de cultivos OGM con caracteristicas de resistencia a insectos **y/o herbicidas si hay potencial de flujo de genes hacia malezas emparentadas se podrían crear malezas más adaptadasy agresivas en la naturaleza (FAO,2004).**
4a)¿La planta silvestre considerada maleza crece cercana al sitio donde se pretende liberar del cultivo OGM?. Si es si ir a la 4b si no pasar a la 5	N/A		Aunque *G. hirsutum* y *G. barbadense* son consideradas malezas en algunos otros países, en México no se tiene reporte de ello. Uno de los polígonos propuestos se sobrelapa con áreas de similitud ecológica de *G. hirsutum,* específicamentecon la metapoblación Golfo Norte (ver formulario geográfico y mapas anexos).

4b) Coinciden los tiempos de floración OGM vs parientes silvestres considerados maleza	N/A	

Sección V: Sobre los estudios de caracterización agronómica-fenotípica del OGM			
	Sí	**No**	**El OGM solicitado presenta resistencia a glifosato y a glufosinato de amonio**
5) ¿El solicitante presenta estudios de evaluaciones fenotípicas del OGM, en relación con el organismo receptor no modificado? (p.ej. tamaño flores, semillas, hojas, coloración etc)			El promovente menciona que de los estudios realizados de comparaciones fenotípicas solo el porcentaje de apertura de las bolas (cápsulas o capullos) tuvó diferencias significativas menores en el algodón GM en relación con su contraparte no transgénica. Adicionalmente el promovente en esta solicitud propone evaluar la equivalencia fenotípica entre el OGM y su contraparte convencional, y no presenta una metodologia como tal, donde especifique las tecnicas que llevarán a cabo para la generación de resultados.
6)Se reportan estudios fisiológicos del OGM en relación a cambios en la tolerancia a condiciones ambientales, reproducción (viabilidad de polen, tiempo de floración), características agronómicas (vigor, produccion de cultivo) susceptibilidad a insectos, microorganismos etc.			
En el caso de una respuesta afirmativa para la pregunta 5 y 6 contestar las preguntas 7 y 8 si es no entonces pasar a la pregunta 9			
7)Sí se presentan estudios ¿en donde fueron realizados y cual fue el periódo de tiempo de éstos?.			El reporte que contamos de ello, menciona que los estudios fueron llevados a cabo en los estado de Georgia, Arkansas, Mississippi y Texas en los Estados Unidos de América. Pero la solicitud en comentó señala que ha evaluado y seguirá evaluando en los campos experimentales INIFAP La Laguna y Delicias.
8)¿Los estudios de comparación fenotípica fueron entre el OGM y el equivalente genético no transformado más cercano?			La contraparte no modificada que se utilizó en el estudio realizado en Estados Unidos de América fue FiberMax® FM 958 que esta adaptada a varias regiones en el norte de México. Para los estudios que llevará a cabo en México no hace mención sobre la variedad no GM a utilizar como contraparte convencional.
Sección VI: Sobre los antecedentes de siembra y manejo del cultivo			
	Sí	**No**	
9)¿Se conoce si el cultivo OGM se ha estado sembrando en los mismos sitios solicitados, durante cuanto tiempo y si durante este tiempo ha habido rotación de cultivos?			Aunque se han otorgado desde el año 2008 permisos de libereación de este evento, fuera de la liberación dentro del campo experimental Río Bravo en 2008, no ha habido liberaciones en años posteriores.
10) Si se cuenta con dicha información ¿qué cultivo ha sido por el cual se ha rotado?, es también un OGM o no?, si es OGM que evento?	S/D	S/D	
Sección VII: Sobre el fenotipo de resistencia[9] a herbicidas			
11)¿Existen reportes de resistencia de malezas (asociadas al cultivo) hacia los herbicidas utilizados?	**Sí**	**No**	
a) Weed Science[10] http://www.weedscience.org/In.asp			Para México existe ya el reporte de un biotipo de *Leptochola virgata* resistente a glifosato, en huertos del estado de Veracruz. Adicionalmente, de las 23 especies de malezas para las que se ha reportado la existencia de biotipos resistentes al glifosato, 18 se encuentran en México. De estas *Amaranthus palmeri, Ambrosia artemisiifolia, Euphorbia heterophylla, Echinochloa colona, Eleusine indica* y *Sorghum halepense* son reportadas por Villaseñor y Espinosa (1998) en cultivos de algodón, y además presentan algún tipo de invasividad en ambientes en México. Para el caso de glufosinato de amonio se han reportado 2 casos, aunque en México no existen reportes de resistencia (ver tabla de casos de resistencia en la recomendación).
b) Otras funtes			
12)¿De las malezas que presentan resistencia a herbicidas, se reporta comportamiento invasivo en México?	**Sí**	**No**	

a) Sistema de información sobre especies invasoras en México http://www.conabio.gob.mx/invasoras/index.php/Portada			*Amaranthus palmeri, Ambrosia artemisiifolia y Euphorbia heterophylla* aunque son especies nativas, se consideran invasivas si son introducidas a otras partes del país, aunque no se señala con exactitud donde se reportan así. *Echinochloa colona* y *Eleusine indica* se reportan como establecidas en México y se distribuyen en todo México, la primera de ellas habita principalmente en orillas de caminos y parcelas, *E. indica* habita terrenos inundables, orillas y terrenos de cultivo, jardines y lugares abiertos, es una planta que resiste el pisoteo. *Sorghum halepense* es una especie establecida en México y su introducción es a través del transporte de bienes y personas, fenomenos naturales y por actividades humanas. Es ruderal y arvense y es especialmente característico de las vías de ferrocarril.
b) Otras funtes			
Sección VIII: Sobre el fenotipo de resistencia a plagas			
13)¿El promovente menciona hacia que plagas estan dirigidas las proteína Cry que expresa este OGM?	N/A	N/A	
14)¿Las plagas blanco mencionadas son importantes en México para la especie cultivada?	N/A	N/A	
15)¿El promovente propone medidas para retrasar la resistencia de las plagas a las proteinas Cry que expresa el OGM?	N/A	N/A	
Sección IX: Sobre otros fenotipos que presente el OGM			
	Sí	**No**	
16) ¿El OGM presenta algún otro fenotipo no contemplado en las secciones VII y VIII?			

Notas
Este Formulario analiza los requisitos para los permisos de liberación al ambiente descritos en la fracción I inciso d, y fracción III incisos c), d) y e) del artículo 16 del RLBOGM.
[1] Consultar formulario biológico
[2] Consultar formulario geográfico
[3] Maleza: El término de maleza puede ser muy amplio y es un concepto que diferirá según los criterios de diferentes autores por ejemplo según Villaseñor y Espinosa, 1998 las malezas son "*áquellas plantas silvestres que crecen en ambientes antropógenico* s" y por tanto malezas pueden ser las plantas que prosperan en tierras de cultivos (arvenses) además de las plantas que properan en las orillas de las vias de comunicación y en los alrededores de la habitación humana (ruderales), En la NOM 043-FITO-1999 se define como maleza a las "*especies vegetales o partes de los mismos que afectan los intereses del hombre en un lugar y tiempo determinado*". Para efectos de este formulario de la pregunta 1)a a la 1)e se toma en cuenta solo si la especie o especies estan presentes en la bases de datos que se hacen mención respetando los criterios que dichas bases de datos tuvieron para darles el estatus de maleza. Para la pregunta 2 se toman en cuenta las caracteristicas que de acuerdo a Baker, 1965 y la FAO,2005 son caracteristicas importantes que definen a una maleza
[4] A Global Compendium weeds: Base de datos muy general que enlista especies de plantas que han sido citadas como "malezas" comprende 990,000 taxa de 650 fuentes (285 de fuentes relacionadas a malezas) a cargo de Rod Randall y el cual incluye un glosario para distinguir el estatus de la planta reportada (p. ej. exotica, maleza cuarentenaria, maleza medio ambiental etc).
[5] Malezas de México: Base de datos con lista de especies consideradas maleza que se encuentran en México incluye fotos y fichas descriptivas, a cargo Heike Vibrans
[6] Catálogo de Malezas de México: Listado de especies de malezas catalogadas por familia, por entidad federativa y por cultivo que se encuentran en México (Villaseñor y Espinosa, 1998)
[7] Invasividad: Según Richardson *et al*; 2000 la invasión es un proceso que "*requiere que plantas introducidas produzcan progenie en áres distintas a los sitios de introducción*" (apróximadamente: >100m en <50 años para un taxa que se propague por semillas u otros propágulos; 6m/3años para taxas que se extienden por raíces, rizomas y estolones).
[8] Global Invasive Species Database: Es una base de datos que recopila información mundial a cargo del grupo de especialistas de especies invasivas ISSG por sus siglas en ingles de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN)
[9] Resistencia: **según la HRAC** (Herbicide Resistance Commite) *"es la habilidad/aptitud heredable de una población para sobrevivir y reproducirse después de una repetida exposición a una dosis de herbicida que normalmente es letal al tipo silvestr* e. *La resistencia puede ser inducida por técnicas de ingeniería genética o selección de variantes producidas por cultivo de tejidos o mutagénesis"*. Para efectos de la confirmación de casos de resistencia en la base de datos **Weed Science** toman en cuenta la siguiente definición: "*Es la capacidad que evoluciono a partir de una población de maleza susceptible a herbicida y que completa su ciclo de vida cuando el herbicida es usado en dosis normales en una situación de agricultura*" tomado de Heap y Lebran, 2001
[10] Weed Science.org es una base de datos soportada por HRAC Herbicida Resistance Action Commitee (HRAC), North American Herbicide Resistance Action Commitee (NAHRAC) y la Weed Science Society of América (WSSA), la cual compila todos los casos de resistencia en el mundo abriendo la posibilidad a que cualquier investigador o agricultor pueda reportar casos de resistencia siempre y cuando cumpla con los criteros de confirmación de resistencia que principalmente deben cumplir con la definición arriba señalada

Simbología:	
La información es suficiente y permite contestar de forma categórica.	
La información no es suficiente y no permite contestar de forma categórica	
Sin datos	**S/D**
No aplica	**N/A**

Conclusiones del formulario de datos fenotipicos, parientes silvestres considerados maleza y OGM

Las características fenotípicas del OGM, no representan un riesgo de que *G. hirsutum*, pueda convertirse en maleza. A pesar que en varios países el algodón es reportado como algún tipo de maleza, (maleza casual, escape de cultivo, planta naturalizada) en ninguna de estas categorías se considera una amenaza; su ciclo de vida es relativamente largo ya que es de más tres meses, desde la germinación, hasta la liberación de las semillas del fruto; además, requiere de ciertas condiciones medioambientales para poder germinar y establecerse.

Es necesario dar seguimiento puntual a la utilización (desmedida inclusive) del glifosato en campo que ha conllevado ya a la aparición de resistencia al mismo por parte de ciertas malezas. Existen reportes científicos que indican que han aumentado los casos de evolución de resistencia a un número de herbicidas en campo y en particular al glifosato, en especial en regiones donde se ha adoptado la tecnología que incluye en su paquete el uso de alguno de estos herbicidas de manera casi exclusiva.

Para México existe ya el reporte de un biotipo de *Leptochloa virgata* resistente al glifosato, en huertos del estado de Veracruz. Adicionalmente, de las 23 especies de malezas para las que se ha reportado la existencia de biotipos resistentes al glifosato, 18 se encuentran en México. De estas *Amaranthus palmeri, Ambrosia artemisiifolia, Euphorbia heterophylla, Echinochloa colona, Eleusine indica* y *Sorghum halepense*, son reportadas por Villaseñor y Espinosa (1998) en cultivos de algodón y además presentan algún tipo de invasividad en ambientes en México. En el caso de glufosinato de amonio, el número de especies resistentes es mucho menor, ya que hasta la fecha se reportan solo dos, *Lolium multiflorum* (Oregon USA, 2010) y *Eleusine indica*, (Malasia, 2009); sin embargo para ambas especies se han reportado biotipos que presentan resistencias múltiples a herbicidas de distintos grupos, y algunos de estos casos han surgido en distintos países. *E. indica*, además presenta rasgos de invasividad, lo que aumentaría el riesgo en caso de que surgiesen biotopos resistentes en nuestro país.

Como se ha mencionando en recomendaciones anteriores, para solicitudes de liberación al ambiente de organismos genéticamente modificados con tolerancia a glifosato, es preocupante para esta Comisión Nacional que aparezcan casos de biotipos resistentes, ya que esto podría tener un serio efecto negativo en el manejo agrícola en general. La conclusión a la que han llegado los científicos es que este problema surge a partir de un mal "manejo" de la tecnología, que no se resolverá con nuevos eventos de transformación que apilen varios genes que confieran tolerancia a más de un herbicida, sino que sólo comprará un poco más de tiempo antes de que se vuelva a presentar el problema. Es por tanto necesario asegurar una capacitación adecuada respecto al uso y manejo adecuado del glifosato y del glufosinato de amonio, como herbicidas.

Referencias:

CONABIO. 2012. Sistema de información sobre especies invasoras en México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Fecha de acceso. URL: http://www.conabio.gob.mx

FAO. 2004. Procedimientos para la evaluación de los riesgos ecológicos de los cultivos resistentes a herbicidas e insectos con énfasis en problemas de malezas. Roma. Dirección de Producción y Protección Vegetal.

FAO. 2005. Procedimientos para la evaluación de riesgos de malezas. Roma. Dirección de Producción y Protección Vegetal.

Mauncy J. 1986. Factors affecting seed quality. En Cotton physiology I. The cotton Foundation Reference Book Series. The cotton Foundation pp 514.

McGregor S.E. 1976. Chapter 10: Cotton In: Insect pollination of cultivated crop plants.USDA.. Agricultural Research Service, Washington, D.C pp 171-190.

Oosterhuis, D.M. And Jemstedt J. 1999. Anatomy and morphology of cotton. pp 175-206 En W. Smith and J. S. Cothren (eds). Cotton: History, Technology, and Production. Wiley and Sons, Nueva York, E.U.A.

SIOVM. Sistema de Información de Organismos Vivos Modificados http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/bioseguridad/doctos/consulta_SIOVM.html Consultado: 2012

URL, Heike Vibrans (ed), Malezas de México, año de acceso: 2012

Villaseñor, J.L y Espinosa Francisco, G. 1998. Catálogo de Malezas de México. UNAM, y Consejo Consultivo Fitosanitario y Fondo de Cultura Económica 449p.

Formulario de datos moleculares del OGM que se pretende liberar.

Para fines de un mejor análisis de la información disponible, en el presente formulario se analizan por separado los datos disponibles correspondientes a los OGMs parentales y posteriormente al OGM apilado resultante(1)

Solicitud: 074/2012

Organismo genéticamente modificado: ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5, (Libertylink® x GlyTol®), (LLcotton25) x (GHB614), (LL25) x (GlyTol).

Promovente: Bayer de México, S.A. de C.V.

Fenotipo: Tolerancia a los herbicidas glufosinato de amonio y glifosato

Modificación genética: Inserción de los genes *bar* de *Streptomyces hygroscopicus* (ACS-GHØØ1-3) y *2mepsps* de *Zea mays*(BCS-GHØØ2-5)

Organismo receptor: *Gossypium hirsutum L., 1763,* cultivado y silvestre

INFORMACION REGULATORIA

		SI	NO	OBSERVACIONES
1a	1) ¿El OGM ha sido aprobado en el país de origen para (2, 3, 4)			
	1a) Liberación al ambiente?			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)	[redacted]		Este evento ha sido desarrollado en la división BioScience de Bayer CropScience y tiene el estatus de artículo no regulado, según lo publicado en el Federal Register (EUA)/Vol. 68 No. 55, pg 13892-13893 / 21 de marzo de 2003.
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			Este evento ha sido desarrollado en la división BioScience de Bayer CropScience y tiene el estatus de artículo no regulado, según lo publicado en el Federal Register (EUA)/Vol 74 No. 98, pg 23987/ 22 de mayo del 2009.
	ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5		NA	La semilla de este evento apilado será proporcionada por Bayer Bioscience (Head Office - FiberMax Cotton), 103 erksine Street; Lubbock, TX79403 USA. Debido al sistema regulatorio de EUA, se considera que en una cruza de eventos de transformación, la línea resultante no es regulada al proceder de parentales aprobados; por lo tanto, no reportan en sus bases de datos la regulación de este tipo de OGMs. El OGM ha sido desarrollado en Bayer CropScience.
1b	1b) Alimentación humana?			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)	[redacted]		
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5		NA	
1c	1c) Alimentación animal?			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)	[redacted]		
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5		NA	
	2a) Información regulatoria sobre decisiones acerca de los usos permitidos del OGM en distintos países reportada en las bases de datos: AGBIOS, ahora CERA: < http://cera-gmc.org/index.php?action=gm_crop_database >, (A) ; Centro de Intercambio de Información de seguridad de la biotecnología (BCH) < http//bch.cbd.int >, (B); Biosafety-Biotrack de la OCDE <http://www2.oecd.org/biotech/frameset.asp?>, (C); GMO Compass **<http://www.gmo-compass.org/eng/home/>, (G); European Comission, food and Feed safety. Community register of genetically modified food and feed <http://ec.europa.eu/food/dyna/gm_register/index_en:cfm> (E); United States Regulatory Agencies Unified Biotechnology Website de Estados Unidos <http://usbiotechreg.nbii.gov/> (US)**			

2a

País	Usos permitidos				
	Alimentación humana	Alimentación animal	Liberación al ambiente	Otros usos	OBSERVACIONES
Estados Unidos					
ACS-GHØØ1-3 (LL25)	A_2003, B, C_2003, US	A_2003, C_2003, US	A_2003, B, C_2003, US		
BCS-GHØØ2-5 (GHB614)	A_2008, US	A_2008. US	A_2009, US		
ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5					
Canadá					
ACS-GHØØ1-3 (LL25)	A_2004, C_2004	A_2004, C_2004		B	
BCS-GHØØ2-5 (GHB614)	A_2008	A_2008		B*	* procesamiento
ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5					
Japón					
ACS-GHØØ1-3 (LL25)	A_2004, B, C_2004	A_2006, C_2006		B*, C_2006*	* procesamiento
BCS-GHØØ2-5 (GHB614)	B, C_2010	C_2010		B* , C_2010*	* procesamiento
ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5	**B, C_2010**			**B* , C_2010***	***procesaiento**
Corea					
ACS-GHØØ1-3 (LL25)	A_2005, B, C_2005	A_2005, C_2005		B*, C_2005*	* procesamiento
BCS-GHØØ2-5 (GHB614)	A_2010, B	A_2010		B*	* procesamiento
ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5				**B***	***procesamiento**
Australia					
ACS-GHØØ1-3 (LL25)	A_2006, C_2006		A_2006, C_2006		
BCS-GHØØ2-5 (GHB614)	A_2009				
ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5					
China					
ACS-GHØØ1-3 (LL25)	A_2006	A_2006		B*	* procesamiento
BCS-GHØØ2-5 (GHB614)	A_2009				
ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5					
México					
ACS-GHØØ1-3 (LL25)	A_2006, C_2006	A_2006, C_2006			
BCS-GHØØ2-5 (GHB614)	A_2008, C_2008	A_2008, C_2008		C_2008*	*procesamiento
ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5	**C_2010**	**C_2010**		**C_2010***	***procesamiento**
Unión Europea					
ACS-GHØØ1-3 (LL25)	A_2008, B, C_2008, G	A_2008, B, C_2008, G		C_2008*, G*	* procesamiento
BCS-GHØØ2-5 (GHB614)	B, C_2011	C_2011		B*, C_2011*, G+	* procesamiento, + en 2008 se sometió una solcitud para su uso en alimentación humana animal y procesamiento. Estatus: opinión ha sido emitida por la EFSA
ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5				**G***	***en 2010 se sometió una solcitud para su uso en alimentación humana,animal y procesamiento . Estatus: verificación de la información sometida por EFSA**
Brasil					
ACS-GHØØ1-3 (LL25)	A_2008, B	A_2008	A_2008, B	B*	* procesamiento
BCS-GHØØ2-5 (GHB614)	A_2010	A_2010	A_2010		
ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5					
Costa Rica					

	ACS-GHØØ1-3 (LL25)				B*	* propagación condicionada de semilla
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)				B*	* propagación condicionada de semilla
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5					
	España					
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)					
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)				B*	* Pruebas en campo
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5					
	Consultas realizadas en junio 2012. El reporte de 2 años distintos en una misma celda obedece a diferencias en la información reportada en las bases de datos consultadas					

		SI	NO	OBSERVACIONES
2b	**2b) ¿Existe información sobre el OGM en otras bases de datos?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			
2c	**2c) ¿Cuál?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			
2d	**2d) ¿Existe información en estas bases de libre acceso que no se encuentra en la solicitud?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			
3a	**3a) ¿El OGM cuenta con Número de autorización expedida por SALUD (COFEPRIS)? (Indispensable cuando el OGM tenga finalidades de salud pública o se destine a la bioremediación en caso de liberación experimental y cuando el OGM sea para uso o consumo humano a partir de la fase piloto)**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			Cuenta con la autorización sanitara para comercializacion e importación para su comercialización de organismos genéticamente modificados No. 093300CO041536
3b	**3b) ¿El OGM que se pretende liberar, se ha liberado previamente en México?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			Se han sometido varias solicitudes de este evento desde 2002, y el evento ha sido liberado en diferentes Estados.
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			Se han recibido solicitudes para este evento desde 2007 y el evento ha sido liberado en diferentes Estados.
4	**4) Si hubo liberaciones previas en México, ¿El solicitante presentó los reportes correspondientes?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			Ninguno de ellos responde adecuadamente con resultados en relación con los posibles riesgos para el medio ambiente y a la diversidad biológica.
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)		NA	
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			Ninguno de ellos responde adecuadamente con resultados en relación con los posibles riesgos para el medio ambiente y a la diversidad biológica.
5a	**5a) ¿Existen reportes a nivel internacional de controversias legales y/o comerciales relacionadas con el OGM que se pretende liberar?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			

		SI	NO	OBSERVACIONES
	5b) ¿Existen nuevas dudas técnicas a nivel internacional asociadas al evento?			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			
5b	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			El uso del glifosato ha generado diversos tipos de dudas técnicas en relación a su inocuidad para la salud humana, el medio ambiente , la diversidad biológica y la sanidad animal, vegetal y acuícola: 1) En Argentina se "... *presentó un proyecto de ley que busca la suspensión del uso del herbicida conocido como glifosato por un plazo de 6 meses. La medida abarcaría a todo el territorio nacional y sería complementada por un estudio sobre el impacto del pesticida en la salud humana* ." (Proyecto de ley, No. de expediente 2007-D-2009; Trámite parlamentario 037(28/04/2009) (04 05 2009). <http://www.ncn.com.ar/08/noticiad.php?n=3419&sec=2&ssec=&s=noticiad> <http://www1.hcdn.gov.ar/proyxml/expediente.asp?fundamentos=si&numexp=2007-D-2009> La información parte de datos experimentales sobre efectos tóxicos a altas dosis en modelos celulares (Paganelli et al 2010) y se abrió una línea de financiamiento para investigación en la materia financiado por el Consejo Nacional de Investigaciones Cientificas y Técnicas (CONICET) (Comunicación personal M. Signorini). Recientemente, un consejo convocado por el CONICET y la comisión sobre agroquímicos elaboró un informe en torno al agro tóxico, el cual, a decir de una publicación,"...*no llega a conclusiones claras y no define si es inocuo o perjudicial*" y resume las críticas de académicos y científicos. <http://www.pagina12.com.ar/diario/sociedad/3-131014-2009-09-02.html> Se ha publicado información en el sentido de que en las zonas con uso intensivo de agroquímicos se han aumentado fuertemente los casos de cáncer en niños y nacimientos con malformaciones <http://www.pagina12.com.ar/diario/elpais/1-147561-2010-06-14.html>. ver también http://www.scribd.com/doc/57277946/RoundupandBirthDefectsv5 Actualmente se ha prohibido la aplicación del herbicida en cultivos localizados a menos de 2 km de las áreas urbanas y suburbanas, y por acuerdo entre contratistas fumigadores y apicultores se ha restringido su uso en lotes en la cercanía de apiarios para evitar problemas de despoblamiento de abejas (Comunicación personal M. Signorini). 2) Existen reportes de que el RoundUp es más tóxico que el glifosato, debido a la presencia de adyuvantes presentes en la formulación del producto comercial que aumentan la biodisponibilidad y la bioacumulación del glifosato (Richard et al., 2005).

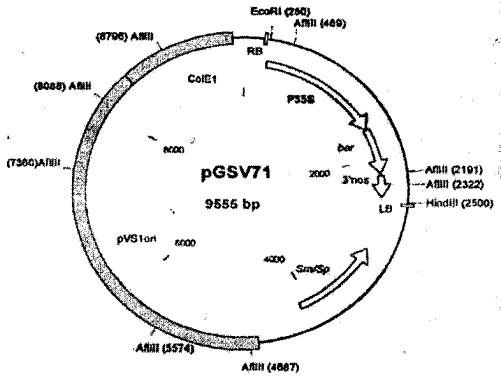
		SI	NO	OBSERVACIONES
				3) La capacidad del glifosato de quelar ciertos elementos minerales puede inhibir funciones fisiológicas vitales en plantas y microorganismos. Dependiendo de la variedad y del tipo de suelo, se ha recomendado la aplicación de ciertos micronutrientes en este tipo de cultivos, particularmente Manganeso en soya (Huber 2007). Huber incluso ha hablado de la posible relación entre el uso del glifosato y el aumento de enfermedades ocasionadas por patógenos fúngicos en diversos cultivos, sin embargo esto ha sido puesto en duda en otras publicaciones (para mayor información ver gmoreport.com/articles/may10/consequenceso_widespread_glyphosate_use.php> http://docs.google.com/viewer?a=v&q=cache:1ENuS4z8tmcJ:www.btny.purdue.edu/weedscience/2011/glyphosatesimpact11.pdf+Cotton+glyphosate+disease&hl=es&gl=es&pid=bl&srcid=ADGEESgD3yTiRA38hvJruJd6TW_OowCv6htgmfRLhzoSrn1XoCyGAFxhQykNh4ocK2DvBM9iw-5gq0CrJfnDYKx4Vo8iGttfopZsJtiWOLqbbZQZAK4BDKx8qhuO8Qmhx9hr8Ux55U3Q&sig=AHIEtbR9iV8kdP7u8GWv6hKTKiP9QOIFmQQ http://www.btny.purdue.edu/weedscience/2010/GlyphosateMn.pdf La CONABIO considera es recomendable estar atentos respecto a los nuevos datos técnicos que vayan surgiendo en el proceso, analizando cómo estos puedan afectar el análisis
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			Ver observación anterior

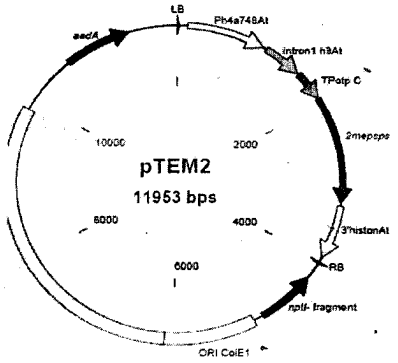
INFORMACION MOLECULAR

	6) Método de transformación utilizado	
6	ACS-GHØØ1-3 (LL25)	Transformación por *Agrobacterium tumefasciens*
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)	Transformación por *Agrobacterium tumefasciens*
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5	Cruzamiento convencional de los parentales

7) Mapa de la(s) construcción(es) genética(s) o del(os) plásmido(s) utilizado(s) (5)

7





		SI	NO	OBSERVACIONES
8a	**8a) ¿La solicitud presenta información molecular necesaria para llevar a cabo el análisis de riesgo del OGM de acuerdo a la etapa de desarrollo del producto y el objetivo de la liberación propuesto en la solicitud y de acuerdo a la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			
8b	**8b) ¿La información presentada es consistente?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			Si, sin embargo, hay información que se mantiene en un nivel genérico y contiene pocos datos específicoos del evento apilado solicitado.
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			
9a	**9a) Se presenta dentro de la solicitud la información relevante necesaria para la comprensión adecuada de la naturaleza del material insertado?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			Este evento integra un cassette para la expresión constitutiva del gen *bar,* el cual codifica para una fosfinotricina acetiltransferasa que confiere resistencia al glufosinato de amonio.
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			Este evento integra un cassette para la expresión constitutiva (región de protomor de una histona) del gen *2mepsps,* que codifica para la proteína 2mEPSPS que confiere resistencia al glifosato.
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			Aúnque la naturaleza general del apilado resultante se puede suponer a partir de la información proporcionada para cada uno de los parentales, es de notar que a lo largo de la solicitud esta describe principalmente a cada uno de los parentales de forma independiente por lo que no se detalla bastante la informacion específica al evento propiamente solicitado. Se menciona que "*...Puesto que el algodón LL25 x GlyTol no involucró modificación genética, sino que fue producido por medio del cruzamiento convencional se presenta, sólo para fines informativos, la información de los eventos que lo originaron* ."
10	**10) ¿El solicitante presenta el o los mapas de los vectores empleados para desarrollar al OGM?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5	NA		
11a	**11) El evento de transformación que se pretende liberar fue caracterizado a nivel molecular y de manera clara en cuanto a: (6)**			
	11a) ¿El material genético insertado después de la transformación?			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			Sólo se insertó una copia del cassette con modificaciones leves en los bordes.
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			Sólo se insertó una copia del cassette
11b	**11b) ¿Material genético integrado después de la cruza de los parentales transformados?**			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			El promovente incluye Análisis de Southern Blot para demostrar la estabilidad del material genético en el apilado, sin embargo en la imagen proporcionada no se detalla ni la sonda ni la enzima de restricción utilizadas, por lo que la información es imprecisa.

		SI	NO	OBSERVACIONES
11c	11c) ¿Se caracterizaron las zonas flanqueantes del genoma del organismo receptor (hacia 5' y 3') al sitio de inserción de las secuencias de interés?			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			Se determinaron, sin embargo no indican si tienen alguna identidad particular (ver también pregunta 11e)
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			Se determinaron, sin embargo no indican si tienen alguna identidad particular (ver también pregunta 11e)
11d	**11d) ¿Se determinó que las zonas flanqueantes del genoma del organismo receptor (hacia 5' y 3') al sitio de inserción de las secuencias de interés se mantuvieran intactas posterior a la cruza de los parentales genéticamente modificados?**			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5		NR	ver pregunta 11b
11e	**11e) ¿Presentan los resultados de las secuenciaciones completas tanto del material insertado como de las zonas flanqueantes?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			Un BLASTX <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> realizado a partir de la secuencia del sitio de inserción (presentada en uno de los archivos anexos con información confidencial) parece indicar que el **inserto se encuentra en una zona del genoma donde se encuentran secuencias similares a las de retrotransposones.** (BLASTX secuencia que produce el mejor alineamiento: gb|AAO73525.1| gag-pol polyprotein [Glycine max] Evalue 3e-08)
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			BLASTN y BLASTX <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> realizado a partir de las secuencias flanqueantes (presentadas en uno de los archivos anexos con información confidencial) detectan que **en el extremo genómico 5' se encuentra una secuencia similar al mRNA de una proteína hipotética de *Ricinus communis*.** Se desconoce el efecto del inserto en esa ubicación. (BLASTX secuencia que produce el mejor alineamiento: ref|XP_002513608.1| hypothetical protein RCOM_1581370 (Ricinus communis); Evalue 5e-25). (BLASTN secuencia que produce el mejor alineamiento: XM_002513562.1 Ricinus communis hypothetical protein, mRNA; Evalue 2e-53)
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5		NR	ver comentario pregunta 11d
11f	**11f) ¿Número de copias de las secuencias de interés y de inserciones no deseadas?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5		NR	ver comentario pregunta 11d
11g	**11g) ¿Se especifica si las inserciones han sido completas o fragmentadas?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5		NR	ver comentario pregunta 11d
	11h) ¿La herencia genética es estable?			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			

		SI	NO	OBSERVACIONES
11h	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			La información que proporcionan para demostrar la estabilidad del apilado es imprecisa (ver comentario de la pregunta 11b) y no indica si las plantas analizadas provienen de una o varias generaciones. En efecto, la vía de obtención de este apilado no es detallada en la solicitud, por lo que no se sabe si este se genera cada vez por nuevas cruzas entre los parentales o si ya está constituido como una línea única, (sólo se indica que es un evento apilado generado por métodos de mejoramiento convencional). En este segundo caso aplicaría un estudio de la estabilidad en varias generaciones de los distintos insertos presentes en el apilado.
11i	**11i) ¿Cuántas generaciones se probaron?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)	Análisis de segregación Mendeliana basado en la presencia del carácter de resistencia al herbicida realizada en 5 distintos tipos de cruzas. Anexan análisis de Southern blot en multiples plantas de varias generaciones en distintos fondos genéticos, y además demuestran la estabilidad del evento en plantas crecidas en distintos ambientes.		
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)	Análisis de segregación Mendeliana basado en la presencia del carácter de resistencia al herbicida realizada en 5 distintos tipos de cruzas. Anexan análisis de Southern blot en multiples plantas de 5 generaciones.		
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5	ver comentario pregunta 11h		
11j	**11j) ¿Los incisos anteriores se respaldan en experimentos de Southern blots?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			para la pregunta 11b
11k	**11k) ¿Presentan los resultados de Southern blot?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			para la pregunta 11b
12a	**12a) ¿El evento de transformación fue caracterizado completamente en cuanto a la expresión adecuada de los RNA mensajeros derivados o afectados por las secuencias insertadas en el OGM?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			Se incluye una tabla dando los rangos de los niveles de transcritos presentes en diferentes tejidos.
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)		NR	
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5		NR	
12b	**12b) ¿El inciso anterior se respalda en experimentos de northern blot o RT-PCR?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)			No detallan como obtuvieron los datos de la tabla presentada.
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)		NR	
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5		NR	
12c	**12c) ¿Presentan los resultados de northern blot?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)		NR	
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)		NR	
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5		NR	

		SI	NO	OBSERVACIONES
13a	**13a) ¿El evento de transformación fue caracterizado completamente en cuanto a la expresión de la o las proteínas derivadas o afectadas por las secuencias insertadas en el OGM?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)	[redacted]		La información relativa a la cuantificación de las proteínas recombinantes expresadas es muy genérica y no detalla por ejemplo ni la metodología ni el tamaño de muestra
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)	[redacted]		ver comentario anterior
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5	[redacted]		ver comentario anterior
13b	**13b) ¿La o las proteínas de interés se expresan en el o los tejido(s) blanco acorde al (los) promotor(es) empleado(s) en la construcción genética insertada?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)	[redacted]		La proteína se expresa en distintos tejidos, como es de esperar de un promotor constitutivo.
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)	[redacted]		Les falta por determinar la concentración en algunos tejidos como son tallo y raíz (etapas 1 y 3 de crecimiento) y ápices en etapas 1-3. En la etapa 4 de crecimiento es detectable en todos los tejidos probados
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5	[redacted]		Las muestras cuantificadas son hojas, cuadros y semillas.
13c	**13c) ¿ La o las proteínas se expresan en los niveles esperados de acuerdo al o los promotor(es) empleado(s) en la construcción genética?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)	[redacted]		
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			
13d	**13d) ¿Los incisos anteriores se respaldan con experimentos de western blot y/o ELISA?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)	[redacted]		
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			ELISA
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			
13e	**13e) ¿Presentan los resultados de las técnicas antes mencionadas?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)	[redacted]		
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			
14	**14) ¿Las proteínas se expresan de manera estable a lo largo de varias generaciones?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)		[redacted]	Sin embargo el fenotipo se hereda siguiendo un patrón mendeliano de segregación.
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)		[redacted]	Sin embargo el fenotipo se hereda siguiendo un patrón mendeliano de segregación.
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5		[redacted]	
15	**15) ¿El OGM expresa el fenotipo esperado?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)	[redacted]		
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5			Ambas proteínas se expresan en el apilado y se presenta el resumen de una caracterización fenotípica del evento, que indica que en general el comportamiento agronómico del apilado es igual al de su contraparte convencional; sólo detectaron una disminución estadísticamente significativa en el micronaire de la fibra de algodón y *"un 3% menor de capullos"*.
16	**16) ¿Presentan el método de detección certificado por el solicitante para la detección del OGM que pretenden liberar?**			
	ACS-GHØØ1-3 (LL25)	[redacted]		
	BCS-GHØØ2-5 (GHB614)			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5		NA	
17	**17)¿Entregaron material de referencia positivo y negativo suficiente para que las autoridades competentes puedan llevar a cabo ensayos de detección y monitoreo en caso de ser requerido?**			
	ACS-GHØØ1-3 X BCS-GHØØ2-5		NR	

	SI	NO	OBSERVACIONES
Conclusión sobre los datos del formulario molecular			
El promovente presenta información de utilidad para llevar a cabo el análisis molecular del evento apilado Algodón ACS-GHØØ1-3 x BCS-GHØØ2-5 solicitado, de acuerdo a la etapa de desarrollo del producto y el objetivo de la liberación propuesto en la solicitud y de acuerdo a la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados. Sin embargo, mucha de la información que se proporciona en esta solicitud se refiere principalmente a los parentales del evento y contiene pocos datos específicos del evento apilado solicitado. Es necesario que el promovente aclarara varios puntos tales como: a) Aclarar el modo de obtención del apilado, es decir, si este se genera cada vez por nuevas cruzas entre parentales o si ya está constituido en una línea única, y en función de eso, describir adecuada, completamente y en detalle la información referente a la estabilidad genética del apilado (los Southerns mostrados carecen de la descripción de la sonda, de las enzimas de restricción utilizadas, entre otros aspectos técnicos de importancia); b) Detallar lo referente a la cuantificación de las proteínas expresadas, tanto en los parentales como en el apilado, incluyendo las evidencias experimentales que sustenten los datos presentado; c) Profundizar en la caracterización de la identidad de las zonas genómicas flanqueantes a los insertos. La CONABIO considera recomendable estar atentos respecto a las dudas técnicas que han surgido en relación al uso del glifosato, ya que se han documentado recientemente posibles efectos negativos para la salud humana, el ambiente, la diversidad biológica y la sanidad animal y vegetal (Richard *et al*., 2005; Huber, 2007; Paganelli *et al*., 2010; Antoniou *et al*., 2011; Seralini *et al.*, 2012).			

La información presentada o los resultados permiten llevar a cabo el análisis de los riesgos y concluir sobre los mismos.

Indica que la respuesta no es categórica y se complementa con el texto de la Observación.

No reportan la información solicitada

NA **No aplica esta información**

ND **No determinado**

(1) A falta de norma o lineamientos técnicos Ad Hoc para el análisis de riesgo de OGMs apilados ("stacked" en inglés), se toma en consideración lo reportado por De Schrijver, A., et al. en el 2007, en el artículo denominado "Risk assesment of GM stacked events obtained from crosses between GM events", publicado en la revista Trends in Food Science & Technology. Artículo que trata no sólo de la información y del análisis de riesgo para uso y consumo humano, si no también para liberación ambiental.

(2) Se considera como país de origen, aquel en el que fue obtenido el OGM.

(3) La FDA considera que los alimentos derivados de plantas GM son tan seguros como los convencionales (http://www.cfsan.fda.gov/~lrd/stbioeng.html), sin embargo invita a los desarrolladores a someter sus productos a evaluación en un procedimiento voluntario denominado "Consultas" de acuerdo a la regulación del "Federal Register of May 29, 1992" (57 FR 22984), y a mandar una "Notificación previa a la comercialización" 120 días previos, misma que es obligatoria de acuerdo a lo publicado en el "Federal Register January 18, 2001 (Volume 66, Number 12)]" y una vez concluídos estos procesos se publican en su página web: http://www.cfsan.fda.gov/~lrd/biocon.html.

(4) Debido al sistema regulatorio de EUA , se considera que en una cruza de eventos de transformación, la línea resultante obtiene la aprobación inmediatamente al proceder de parentales aprobados. Por lo tanto, no reportan en sus bases de datos la regulación de este tipo de OGMs

(5): Figuras tomadas de los documentos públicos de la base de datos CERA, disponibles en: http://cera-gmc.org/docs/decdocs/05-097-002.pdf ; http://cera-gmc.org/showimg.php?imgf=docs/dbimages/ptem2.png

(6) De acuerdo al artículo de De Schrijver, A., *et al*. La información necesaria para el análisis de riesgo de eventos apilados es la siguiente:

Caracterización molecular: Se debe comprobar y documentar la herencia del evento apilado, el análisis de Southern blot es la herramienta para proveer dicha información, sin embargo en algunos casos puede ser necesaria la secuenciación de todo el material de interés, así como de las zonas flanqueantes en el genoma del evento apilado, esto con la finalidad de comprobar que no hubo cambios puntuales importantes en las secuencias de interés y documentar el mantenimiento de las regiones flanqueantes de los insertos. Derivado de la información anterior, se puede considerar necesario también, la identificación de potenciales marcos de lectura abierto (ORFs por sus siglas en inglés) generados que podrían derivar en la expresión de proteínas diferentes a las esperadas. Es importante destacar que dependiendo del caso, puede tener mayor importancia la necesidad de comprobar que los niveles de expresión de las proteínas de interés en el evento apilado no se modificaron comparándolas con sus parentales, ya que está información servirá para extrapolarla a los estudios de bioseguridad ambiental y analizar mejor los estudios de caracterización agronómica.

Caracterización fenotípica-agronómica: Se deben correr estudios para identificar efectos potenciales resultantes en el OGM apilado. Se debe poner especial atención en el monitoreo del incremento de invasividad, efectos sinergéticos tóxicos a organismos no blanco o resistencias cruzadas debido a la presencia combinada de varios rasgos

REFERENCIAS

Altschul, S.F., Gish, W., Miller, W., Myers, E.W. & Lipman, D.J. (1990) "Basic local alignment search tool." J. Mol. Biol. 215 403-410

Antoniou M, Mostafa Habib MED, Howard CV, Jennings RC, Leifert C, Onofre Nodari R, Robinson C, Fagan J. 2011 Roundup and birth defects. Is the public being kept in the dark?. Earth open Source, June 2001. disponible en http://www.scribd.com/doc/57277946/RoundupandBirthDefectsv5.

Bayer de México S.A. de C.V. 2012. Solicitud de permiso para la liberación al ambiente del algodón genéticamente modificado GlyTol® x LIBERTY LINK® (LLCotton25 x GHB614) en etapa experimental en los estados Tamaulipas, San Luis Potosí y Veracruz durante el ciclo agrícola 2013.

De Schrijver A., Devos Y., Van den Bulcke M., Cadot P., De Loose M., Reheul D., Sneyers M.Risk assessment of GM stacked events obtained from crosses between GM events (2007) Trends in Food Science and Technology, 18 (2), 101-109.

Huber D.M. 2007. What about glyphosate-induced manganese deficiency? Fluid Journal, Fall2007. Disponible en línea en: http://www.agweb.com/assets/import/files/58P20-22.pdf

Paganelli, A, Gnazzo V, Acosta H, López SL, Carrasco A E. 2010. Glyphosate-based herbicides produce teratogenic effects on vertebrates by impairing retinoic acid signaling. Chem. Res. Toxicol. 23(10). 1586-1595

	SI	NO	OBSERVACIONES

Richard S, Moslemi S, Sipahutar H, Benachour N, Seralini GE. 2005. Differential effects on glyphosate and Roundup on Human Placental Cells and Aromatase. Environ. Health Perspect.,113: 716-720.

Seralini GE, Clair E, Mesnage R, Gress S, Defarge N, Malatesta M, Hennequin D, Spiroux de Vendomois J. 2012 Long term toxicity of a Roundup herbicide and a Roundup-tolerant genetically modified maize. Food and Chemical Toxicology, 50(11):4221-4231

http://www.ncn.com.ar/08/noticiad.php?n=3419&sec=2&ssec=&s=noticiad
http://www1.hcdn.gov.ar/proyxml/expediente.asp?fundamentos=si&numexp=2007-D-2009
http://www.pagina12.com.ar/diario/sociedad/3-131014-2009-09-02.html
http://gmoreport.com/articles/may10/consequenceso_widespread_glyphosate_use.php
http://docs.google.com/viewer?a=v&q=cache:1ENuS4z8tmcJ:www.btny.purdue.edu/weedscience/2011/glyphosatesimpact11.pdf+Cotton+glyphosate+disease&hl=es&gl=es&pid=bl&srcid=ADGEESgD3yTiRA38hvJruJd6TW_OowCv6htgmfRLhzoSm1XoCyGAFxhQykNh4ocK2DvBM9iw-5gq0CrJfnDYKx4Vo8iGttfopZsJtiWOLqbbZQZAK4BDKx8qhuO8Qmhx9hr8Ux55U3Q&sig=AHIEtbR9iV8kdP7u8GW6hKTKiP9QOIFmQQ
http://www.btny.purdue.edu/weedscience/2010/GlyphosateMn.pdf

http://www.scribd.com/doc/57277946/RoundupandBirthDefectsv5

C O N A B I O

México D. F., a 25 de octubre de 2012
Of. DTAP/383/2012

MVZ. Octavio Carranza de Mendoza
Director General de Inocuidad Agroalimentaria, Acuícola y Pesquera
Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria
SAGARPA

Dr. Javier Trujillo Arriaga
Director General de Sanidad Vegetal
Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria
SAGARPA

Me refiero a su oficio B00.04.03.-8384 **del 26 de septiembre de 2012, recibido por esta Comisión Nacional el** 05 de octubre de 2012, por el que nos solicitan que les informemos si en los archivos, bases de dátos y/o estudios con los que cuenta la CONABIO existe información que permita establecer que los sitios de liberación propuestos en las solicitudes de liberación al ambiente **064, 065, 066, 067, 068, 069, 070, 071, 072, 074, 075 y 076 de 2012**, cumplen con los supuestos del artículo 87 fracciones I y II de la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados. Con base en el análisis realizado para atender su petición le informamos que:

Para la solicitud **064 de 2012**:

- No se encuentran sitios de colecta de especies del género *Gossypium* dentro de los sitios solicitados.

Para las solicitudes **065 y 072 de 2012**:

- Se encuentran sitios de colecta de las especies *G. davidsonii, G. thurberi y G. turneri* dentro del sitio solicitado Sur de Sonora (ver figura 4).

Para las solicitudes **066 y 069 de 2012**:

- No se encuentran sitios de colecta de especies del género *Gossypium* dentro del sitio solicitado.

Para la solicitud **067 de 2012**:

- No se encuentran sitios de colecta de especies del género *Gossypium* dentro de los sitios solicitados.

Para las solicitudes **068 y 076 de 2012**:

- No se encuentran sitios de colecta de especies del género *Gossypium* dentro del sitio solicitado.

Para la solicitud **070 de 2012**:

- No se encuentran sitios de colecta de especies del género *Gossypium* dentro del sitio solicitado.

Para la solicitud **071 de 2012**:

- No se encuentran sitios de colecta de especies del género *Gossypium* dentro de los sitios solicitados.

Para la solicitud **074 de 2012**:

- Se encuentran sitios de colecta de la especie *G. hirsutum* dentro del sitio solicitado Sur de Tamaulipas (ver figuras 22, 23 y 24).
- Dentro del sitio de liberación solicitado Sur de Tamaulipas se encuentra presente la distribución de la metapoblación de *G. hirsutum* Golfo Norte (ver figuras 22, 23 y 24).

Para la solicitud **075 de 2012**:

- Se encuentran sitios de colecta de la especie *G. thurberi* dentro del sitio solicitado Zonas Agrícolas del Norte de Sonora y sitios de colecta de las especies *G. davidsonii, G. thurberi y G. turneri* dentro del sitio solicitado Zonas Agrícolas del Sur de Sonora (ver figura 25).

C O N A B I O

A pesar de la información que le proporcionamos, esta Comisión Nacional no cuenta con la información y el conocimiento necesario como para aseverar que se cumplan o no los supuestos del 87[1] de la LBOGM.

En el documento anexo describimos el análisis realizado en el que se basa esta opinión, así como 27 figuras con mapas donde se observan no solamente los sitios de colecta más cercanos sino todos los registros que tenemos en las zonas referidas. Nuestro análisis se basó en los registros con los que cuenta la CONABIO al día de hoy, lo que no quiere decir que no existan otros en las zonas analizadas con los que no contemos.

Si requirieran de algún comentario adicional al respecto con mucho gusto se lo podemos proporcionar.

Sin otro particular les envío un cordial saludo.

Atentamente

Dra. Francisca Acevedo Gasman

FA/CSC

c.c.e.p. Dr. Francisco Barnés Regueiro. Presidente del Instituto Nacional de Ecología. INE.
c.c.e.p. Dr. José Sarukhán Kermez. Coordinador Nacional. CONABIO.
c.c.e.p. Dr. Pedro Brajcich. Director General del INIFAP.
c.c.e.p. MVZ. Enrique Sánchez Cruz. Director en Jefe del SENASICA. SAGARPA.
c.c.e.p. Lic. Roberto Aguilera Hernández. Director General Jurídico del SENASICA. SAGARPA.
c.c.e.p. Geog. Carlos Guerrero Elemen. Director General de Geografía y Medio Ambiente. INEGI.
c.c.e.p. Ing. Víctor Eduardo Sosa Cedillo. Coordinador General de Conservación y Restauración. CONAFOR.
c.c.e.p. Lic. Luis Alberto López Carbajal. Director General del Sector Primario y Recursos Naturales Renovables. SEMARNAT.
c.c.e.p. Dra. Patricia Koleff. Directora de Análisis y Prioridades. CONABIO.
c.c.e.p. Lic. Karina Sánchez Dorantes. Asesora Jurídica. CONABIO.
c.c.e.p. M. en C. Arturo Peláez Figueroa. Subdirección de Enlace y Transparencia. CONABIO. Turno SE 0733, SERVEXT 13287, 13288, 13289, 13290, 13291, 13292, 13293, 13294, 13295, 13296, 13297 y 13298.

[1] ***ARTÍCULO 87.-*** *Para la determinación de los centros de origen y de diversidad genética se tomarán en cuenta los siguientes criterios:*
I. Que se consideren centros de diversidad genética, entendiendo por éstos las regiones que actualmente albergan poblaciones de los parientes silvestres del OGM de que se trate, incluyendo diferentes razas o variedades del mismo, las cuales constituyen una reserva genética del material, y
II. En el caso de cultivos, las regiones geográficas en donde el organismo de que se trate fue domesticado, siempre y cuando estas regiones sean centros de diversidad genética sean centros de diversidad genética.

COMISIÓN NACIONAL PARA EL CONOCIMIENTO Y USO DE LA BIODIVERSIDAD
LIGA PERIFÉRICO - INSURGENTES SUR 4903, PARQUES DEL PEDREGAL
TLALPAN 14010 MÉXICO D.F. TEL. 5004 - 5000, FAX 5004 - 4931