Solicitud de liberación experimental de maíz con la tecnología BT11 X MIR162 X GA21 en el Estado de Chihuahua durante el ciclo PV - 2011

Presentada ante el:

SENASICA – SAGARPA

por

Syngenta Agro S.A. de C.V.

Consulta Pública en cumplimiento con el Artículo 33 de la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados y su Reglamento vigente

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

INFORMACIÓN PÚBLICA

(de acuerdo al Artículo 71 de la Ley de Bioseguridad de los Organismos Genéticamente Modificados)

Identificación del interesado o responsable de la actividad (Art. 71 fracción II):

I. Nombre, denominación o razón social del promovente y, en su caso, nombre del representante legal

Syngenta Agro S.A de C.V.

San Lorenzo 1009, 1er Piso

Col. Del Valle

C.P. 03100 México, D.F.

II. Domicilio para oír y recibir notificaciones, así como el nombre de la persona o personas autorizadas para recibirlas

Dr. Alvaro E. Munera Saldarriaga, Director de Cultivos de Campo

Q.A. Rocío Madrid Ayala, Gerente de Asuntos Regulatorios de Biotecnología

M. en C. Lydia González Trinidad, Coordinador Regulatorio de Biotecnología

San Lorenzo No. 1009, Col. Del Valle, C.P. 03100

México, D.F. Tel. 9183-9100

Finalidad y el lugar o lugares de la actividad (Art. 71 fracción III):

III. Modalidad de la liberación solicitada y las razones que dan motivo a la petición

La presente solicitud de permiso de liberación se plantea en **fase experimental de acuerdo a los artículos 3 fracción XVII,** 32 fracción I, 42 y 43 **de la LBOGM**, y a los artículos **5, 6, 7, 16 del Reglamento de la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados** cuyo único fin será recopilar información derivada del experimento.

Solicitamos la liberación experimental al ambiente de la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 (SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9) en híbridos de maíz, en campo bajo la responsabilidad jurídica de Syngenta Agro S.A. de C.V. en el Estado de Chihuahua, durante el ciclo agrícola Primavera-Verano (PV) 2011, para sembrar entre el 1 de Abril al 15 de Mayo.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Esta solicitud se presenta a la autoridad competente con el propósito de analizar los efectos de la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 en el manejo integrado de plagas por insectos lepidópteros y malezas asociadas al cultivo de maíz en Chihuahua, a través de parcelas experimentales en condiciones que permitan obtener datos específicos para México.

Los objetivos que se desean alcanzar con la liberación experimental solicitada son:

- Aquellos que pretenden responder sobre los posibles riesgos a la diversidad biológica y al medio ambiente de acuerdo a la Ley y el Reglamento en esta liberación son:

a) Monitoreo de la presencia de insectos no blanco y malezas en el cultivo de maíz.

b) Establecer las bases para un programa de Manejo Integral de plagas y malezas para la tecnología SYN-BTØ11 -1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 en maíz.

c) De acuerdo los análisis de riesgo y a los resultados de la liberación en fase experimental, verificar que las medidas de bioseguridad establecidas son pertinentes para posteriores liberaciones en fase experimental, e identificar las medidas que pudiesen ser aplicables en fase piloto.

- Aquellos que tienen que ver con:

a) Efectividad de la tecnología:

El objetivo principal del estudio es evaluar la efectividad biológica de las tecnologías BT11 x MIR162 x GA21 que incorporan la característica de tolerancia a especies de insectos plaga del cultivo y tolerancia al herbicida glifosato, bajo las condiciones de campo de la zona agrícola de Chihuahua durante el ciclo PV 2011.

Los objetivos secundarios son: a) evaluar el costo beneficio y rentabilidad del uso de la tecnología en el manejo agronómico del cultivo del maíz en la zona agrícola de Chihuahua; b) monitorear el efecto de la tecnología sobre la población de artrópodos presentes en la parcela experimental; y c) monitorear el efecto del herbicida glifosato sobre la tecnología y las malezas presentes en la parcela experimental.

b) Evaluación agronómica:
El objetivo principal del estudio es evaluar la adaptabilidad del germoplasma con tecnología a los ambientes de producción de maíz en el Estado de Chihuahua.

c) Control de maíz voluntario tolerante a glifosato en monocultivo de maíz en la zona agrícola de Chihuahua:
El objetivo principal del estudio es identificar formas de control del maíz voluntario tolerante a glifosato (GT) en el cultivo de maíz como monocultivo:

- Controlar maíz voluntario GT en cultivo de maíz convencional.
- Controlar maíz voluntario GT en cultivo de maíz GT.

d) Control de maíz voluntario tolerante a glifosato en cultivos de rotación al cultivo de maíz en la zona agrícola de Chihuahua: El objetivo principal del estudio es identificar formas de control del maíz voluntario tolerante a glifosato (GT) en cultivos de rotación al cultivo de maíz:

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- Controlar maíz voluntario GT en el cultivo de trigo, frijol y garbanzo.

Para cumplir con los objetivos planteados en la presente solicitud, es necesario importar **35 kg** de semilla de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 de acuerdo a los cálculos establecidos con base a los protocolos experimentales planteados..

IV. Señalar el órgano de la Secretaría competente, al que se dirige la solicitud

De acuerdo al artículo 12 fracción I de la LBOGM la autoridad competente responsable de la emisión del permiso solicitado es la SAGARPA, quién ante el Registro Federal de Trámites de la Comisión Federal de la Mejora Regulatoria[1] registró como responsable del trámite a:

Dirección General de Inocuidad Agroalimentaria, Acuícola y Pesquera del

Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria

Guillermo Pérez Valenzuela 127, Edificio Principal, Planta Baja

Colonia Del Carmen Coyoacán

CP 04100, México, D.F.

[1] http://www.cofemer.gob.mx/BuscadorTramites/DatosGenerales.asp?homoclave=SENASICA-04-030&modalidad=0&identificador=1418220&SIGLAS=SENASICA

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Descripción general de los OGMs (Art. 71 fracción I):

I. CARACTERIZACIÓN DEL OGM

- **Descripción general del maíz como cultivo**

El maíz es un pasto anual de porte alto (entre 2.5-4 m en promedio), es una planta monoica, ya que las inflorescencias masculinas y femeninas se encuentran en el mismo individuo. Posee un tallo erguido, rígido y sólido, está compuesto a su vez por tres capas: una epidermis exterior, impermeable y transparente, una pared por donde circulan las sustancias alimenticias y una médula de tejido esponjoso y blanco donde almacena reservas alimenticias, en especial azúcares. El tallo puede tener hasta 30-40 hojas dependiendo de la zona en la que se cultive y la variedad de que se trate, generalmente las variedades tropicales desarrollan más hojas comparado con las templadas. Algunas veces se desarrollan una o dos yemas laterales en la axila de las hojas en la mitad superior de la planta; estas terminan en una inflorescencia femenina la cual se desarrolla en una mazorca cubierta por hojas que la envuelven (totomoxtle); esta es la parte de la planta que almacena reservas. Cada mazorca puede medir dependiendo de la variedad entre 10-40 cm, consiste en un tronco u olote que está cubierta por filas de granos, entre ocho y treinta hileras (o carreras) (OCDE, 2003). La parte superior de la planta termina en una inflorescencia masculina o panícula; esta tiene una espiga central prominente y varias ramificaciones laterales con flores masculinas, todas las que producen abundantes granos de polen (Paliwal R.L. *et al*., 2001). El número de ramificaciones laterales varía considerablemente y una espiga puede llegar a tener hasta 30 o 40 espiguillas.

- **Descripción general de la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 en maíz**

Las plantas de maíz derivadas de la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 expresan cinco proteínas. Dos de ellas tienen carácter insecticida, otras dos de tolerancia a herbicidas y la última ha sido utilizada como marcador de selección.

El híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 fue producido combinando los eventos BT11, MIR162 y GA21 a través de mejoramiento convencional. Por consiguiente no se realizó ninguna modificación en el maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21, y como fue previsto, las plantas producen las cinco proteínas presentes en el maíz BT11, el maíz MIR162 y en el maíz GA21: Cry1Ab, PAT, Vip3Aa20, PMI y mEPSPS.

La proteína insecticida Cry1Ab es una forma trunca o incompleta de la endotoxina Cry1A(b). Esta proteína se produce de forma natural por la bacteria del suelo, *Bacillus thuringiensis ssp kurstaki* (Btk) cepa HD-1. Aunque el nombre científico de la proteína es Cry1A(b), la proteína también se le conoce con el nombre Btk. El gen que codifica la proteína Cry1A(b)[2] se aisló de la cepa Btk HD-1, y

[2] Al gen cry1Ab y a la proteína Cry1A(b) también se les denominaba Btk en los estudios regulatorios del evento BT11 en los años 90's, por lo que se le pide amablemente al lector que en el presente documento y sus anexos, cuando encuentre referencias hacia Btk, se refiera como Cry1A(b) y su respectivo gen. Por cuestiones de integridad de las fuentes citadas, no se

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

posteriormente se introdujo en plantas de maíz (*Zea mays*). Los eventos resultantes de la transformación se cruzaron con otras líneas siguiendo las técnicas tradicionales de mejoramiento de maíz con el fin de generar líneas homocigóticas, de trasladar el evento de transformación a las variedades comerciales de maíz así como de multiplicar el número de semillas. Las plantas de maíz derivadas de la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 producen la proteína Btk proporcionando una protección eficaz frente a los daños causados por las larvas del barrenador de maíz.

La segunda proteína expresada por las plantas de maíz derivadas de la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 es una enzima conocida como fosfinotricin-N-acetil transferasa, enzima codificado por el gen pat. El gen pat se aisló de otro microorganismo del suelo, *Streptomyces viridochromogenes*, y su expresión confiere resistencia al herbicida glufosinato. La utilización de este gen en el híbrido de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 se restringe al proceso de generación del evento parental SYN-BT-Ø11-1 en el cual pat es el marcador de selección; y al proceso de desarrollo de las líneas comerciales de maíz derivadas del evento parental SYN-BT-Ø11-1. Debido a la co-segregación del gen pat con el gen Btk, la resistencia a glufosinato se utiliza como herramienta de selección de las líneas que tienen un carácter insecticida hasta obtenerlo en homozigosis. Una vez obtenida la línea pura, la utilización del marcador no es necesaria.

La tercera proteína es codificada por el gen *vip3Aa20*, variante del gen *vip3Aa1* de *Bacillus thuringiensis* cepa AB88 (Lee, et al., 2003; Estruch, et al., 1996; Yu, et al., 1997) que codifica para una proteína insecticida vegetativa (Vip), altamente tóxica para una gran variedad de lepidópteros. El gen *vip3Aa20* fue creado sintéticamente para optimizar la expresión en maíz de la proteína Vip, difiriendo de la proteína nativa Vip3Aa1 presente en *B. thuringiensis* por dos aminoácidos, Ile por Met (129) y Gln por Lys (284). Estas sustituciones de aminoácidos no afectan la actividad insecticida de la proteína Vip3Aa20 hacia las plagas objetivo (lepidópteros).

La cuarta proteína PMI es una fosfomanosa isomerasa codificada por el gen *pmi* (también conocido como el gen *manA*) de la *Escherichia coli* (cepa K-12; Miles y Guest, 1984), y que ha sido empleada como un marcador de selección durante el proceso de regeneración de material vegetal posterior a la transformación (Negrotto et al., 2000). Las células de maíz que producen PMI pueden utilizar la manosa como fuente de carbono primaria, mientras que las células que carecen de PMI no proliferan en un medio de cultivo basado en manosa.

La quinta proteína es una enzima 5-enolpiruvil shikimato-3-fosfato sintasa doble mutada (mEPSPS), aislada del maíz (*Zea mays* L.). La 5-enolpiruvil shikimato3-fosfato sintasa (EPSPS) nativa es una enzima clave en la ruta del ácido shikímico para la biosíntesis de los aminoácidos aromáticos fenilalanina, tirosina y triptófano en plantas y microorganismos (Steinrucken y Amrhein, 1980). Las plantas de maíz transformadas con el gen *mepsps*, como expresión en el maíz genéticamente modificado, presentan tolerancia al glifosato (Spencer *et al*., 1998; Lebrun *et al*., 2003). El glifosato se une e inactiva específicamente a la EPSPS, interrumpiendo la síntesis de aminoácidos aromáticos y causando la muerte de la planta.

hicieron algunas modificaciones de nomenclatura, a forma de referencia de la evolución y estandarización de la nomenclatura de las proteínas Cry, se sugiere al lector revisar el documento: "Consensus Document On Safety Information On Transgenic Plants Expressing *Bacillus thuringiensis* - Derived Insect Control Proteins" de la OCDE, disponible en: http://appli1.oecd.org/olis/2007doc.nsf/linkto/env-jm-mono(2007)14

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Figure 904. 1–3. **Zea mays** Linnaeus, 玉蜀黍 yu shu shu. —1. Habit, showing terminal male inflorescence and lateral female inflorescence. —2. Raceme from male inflorescence. —3. Fruiting female inflorescence, enclosed in sheathing bracts. (FOC 650; FRPS 10(2): 287. 1997. —D. Erasmus; reproduced from N. L. Bor in C. C. Townsend, E. Guest & A. Al-Rawi (eds.), Fl. Iraq 9: pl. 215. 1968).

Figura 1: Esquema de la planta de maíz: 1) Hábito de la planta, planta de tallo erecto, mostrando la inflorescencia terminal masculina y la lateral femenina. 2) Racimo de la espiguilla de la inflorescencia masculina (panícula). 3) Fructificación de la inflorescencia femenina (mazorca) cubierta por las brácteas (totomoxtle). Figura tomada de: http://www.tropicos.org/Image/85235

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

a) Identificador único del evento de transformación, de organismos internacionales de los que México sea parte, cuando exista OGM.

Siguiendo la metodología aprobada por el grupo de armonización de la regulación de la biotecnología de la Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económico (OECD)[3], cuya nomenclatura estándar ha sido avalada por la Primera Reunión de las Partes que actúa como Conferencia de las Partes (COP-MOP1) en el Protocolo de Cartagena en Kuala Lumpur en 2004[4]; el identificador único para el maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 es: SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9.

b) Especies relacionadas con el OGM y distribución de éstas en México OGM

El maíz pertenece al género *Zea* y se reconocen las siguientes especies del mismo género (Trópicos, 2009).

Reino: *Plantae*

División: *Magnoliophyta*

Clase: *Liliopsida* Scop.

Subclase: *Commelinidae* Takht.

Orden: *Poales* Small

Familia: Poaceae Barnhart

Género *Zea*

Sección *ZEA*

***Poaceae Zea mays* L. Sp. Pl. 2: 971-972 1753**

***Poaceae Zea mays* subsp. *mays* L**. (maíz) Se han descrito de acuerdo a varios autores entre 42 y 59 variedades nativas de maíz (también denominadas razas) en México.

A continuación se enlistan las razas enlistadas por CONABIO (2006) y Turrent A., *et al.*, (2004): Ancho, Apachito, Arrocillo, Arrocillo Amarillo, Arrocillo, Azul, Blandito, Blando de Sonora, Bofo, Bolita, Cacahuacintle, Carmen, Celaya, Chalqueño, Chapalote, Chiquito, Clavillo, Comiteco, Complejo Chihuahua Blanco, Complejo Serrano Jalisco, Conejo, Cónico, Cónico Norteño, Coscomatepec, Cristalino Chihuahua, Cubano Amarillo, Dulce de Jalisco, Dulcillo Noroeste, Dzit-Bacal, Elotes Cónicos, Elotes Occidentales, Elotero de Sinaloa, Fasciado, Gordo, Harinoso, Harinoso de Ocho, Jala, Lady Finger, Maíz Dulce, Maizón, Mixteco, Motozinteco,

[3] Documento consenso sobre los lineamientos para la designación de identificadores únicos para plantas trasngénicas. Visitar: http://appli1.oecd.org/olis/2002doc.nsf/43bb6130e5e86e5fc12569fa005d004c/fd7dd780ba22d433c125721f00598ce1/$file/jt03217233.pdf. Ver páginas 10-14.

[4] Visitar: http://www.cbd.int/doc/?mtg=MOP-01

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Mushito, Nal-Tel, Nal-Tel de Altura, Negro Mixteco, Negro de Tierra Fría, Olotillo, Olotón, Olotón Imbricado, Onaveño, Palomero de Chihuahua, Palomero Toluqueño, Pepitilla, Ratón, Reventador, San Juan, Serrano Mixe, Serrano de Oaxaca, Tablilla, Tablilla de Ocho, Tabloncillo, Tabloncillo Perla, Tehua, Tepecintle, Tunicata, Tuxpeño Norteño, Tuxpeño, Vandeño, Xmejenal, Zamorano Amarillo, Zapalote Chico, Zapalote Grande

Poaceae Zea mays* subsp. *mexicana (Schrad.) H.H. Iltis Phytologia 23(2): 249 1972 (Teocintles anuales)

Raza Nobogame

Raza Mesa Central

Raza Durango

Raza Chalco

Poaceae Zea mays* subsp. *parviglumis H.H. Iltis & Doebley Amer. J. Bot. 67: 1001 1980 (Teocintle raza Balsas)

Poaceae Zea mays* subsp. *huehuetenangensis (H.H. Iltis & Doebley) Doebley Maydica 35: 148 1990 (Teocintle raza Huehuetenango)

Sección *LUXURIANTES* (Doebley & H.H. Iltis Amer. J. Bot. 67(10): 986 1980):

Poaceae Zea diploperennis H.H. Iltis, Doebley & R. Guzmán Science 203: 186 1979 (Teocintle perene)

Poaceae Zea luxurians (Durieu & Asch.) R.M. Bird Taxon 27(4): 363 1978 (antes denominado teocintle raza Guatemala)

Poaceae Zea nicaraguensis H.H. Iltis & B.F. Benz Novon 10(4): 382-389, f. 1-2 2000

Poaceae Zea perennis (Hitchc.) Reeves & Mangelsd. Amer. J. Bot. 29(10): 817 1942 (Teocintle perene)

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 1. Nombres Comunes para el teocintle (Sánchez G. *et al*., 1998)

Nombre Común	Región
Acece	Chalco, Amecameca, Texcoco (Méx.)
Acecintle	Amatlán (Mor.)
Acecentli	Paso Morelos (Gro.)
Acintle	Mazatlán-El Salado (Gro.)
Atzitzintle	Estado de Guerrero
Cocoxle	San Cristóbal Honduras (Oax.)
Cundaz	Copándaro, Patambicho (Mich.)
Chapule (*Zea diploperennis*)	Cuzalapa (Jal.)
Maicillo	Nabogame (Chih.), Durango
Maíz silvestre	Nabogame (Chih.)
Maíz chapulín	El Chino (Jal.)
Maíz tuscato	Colorines-Zuluapan (Méx.)
Maíz de pájaro	Guerrero, Michoacán, Naranjos de En medio (Jal.)
Maíz de huiscatote	Guerrero
Maíz de cuitzcatuto	Palmar Chico, Méx.
Maíz camalote	Tzitzio (Mich.)
Maíz de guajolote	Zacatongo El Tablillo (Jal.)
Maíz pata de mula	La Estancia (Jal.)
Maíz de coyote	El Bajío (Jalisco, Michoacán, Guanajuato)
Maíz de cuervo	Quexpan-Las Raíces (Jal.)
Maíz cimarrón	Sureste de Puebla
Maíz forrajero	Valle de Toluca
Maíz del Indio	Naranjos de Enmedio (Jal.)
Milpilla (para perennes y anuales)	Villa Purificación (Jal.), Amatlán de Cañas(Nay.)
Milpa de zorra	Malinalco (Méx.)
Milpa de rata	El Saucito (Jal.)
Milpa de tapacaminos	Villa Purificación (Jal.)

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Los parientes silvestres más cercanos del género *Zea*, son las especies del género *Tripsacum*, comprendido por dos secciones: *FASCICULATA* y *TRIPSACUM (*OCDE, 2003). A continuación se enlistan las especies del género (Trópicos, 2009):

Reino: *Plantae*

División: *Magnoliophyta*

Clase: *Liliopsida* Scop.

Subclase: *Commelinidae* Takht.

Orden: *Poales* Small

Familia: *Poaceae* Barnhart

Género: *Tripsacum* L.

Poaceae Tripsacum andersonii J.R. Gray Phytologia 33(3): 204, f. 1 1976

Poaceae Tripsacum australe H.C. Cutler & E.S. Anderson Ann. Missouri Bot. Gard. 28(4): 259, f. 2 1941

Poaceae Tripsacum bravum J.R. Gray Phytologia 33(3): 206, f. 3 1976

Poaceae Tripsacum cundinamarcae de Wet & Timothy Amer. J. Bot. 68(2): 274, f. 6 1981

Poaceae Tripsacum dactyloides (L.) L. Syst. Nat. (ed. 10) 1261 1759

Poaceae Tripsacum floridanum Porter ex Vasey Contr. U.S. Natl. Herb. 3(1): 6 1892

Poaceae Tripsacum intermedium de Wet & J.R. Harlan Amer. J. Bot. 69(8): 1255 1982

Poaceae Tripsacum jalapense de Wet & Brink Amer. J. Bot. 70(8): 1141, f. 3 1983

Poaceae Tripsacum lanceolatum Rupr. ex E. Fourn. Mexic. Pl. 2: 68 1886

Poaceae Tripsacum latifolium Hitchc. Bot. Gaz. 41(4): 294-295 1906

Poaceae Tripsacum laxum Nash N. Amer. Fl. 17: 81 1909

Poaceae Tripsacum maizar Hern.-Xol. & Randolph Folleto Técn. Of. Estud. Espec. México 4: 7 1950

Poaceae Tripsacum manisuroides de Wet & J.R. Harlan Amer. J. Bot. 69(8): 1255 1982

Poaceae Tripsacum peruvianum de Wet & Timothy Amer. J. Bot. 68(2): 275, f. 7, 8 1981

Poaceae Tripsacum pilosum Scribn. & Merr. Bull. Div. Agrostol., U.S.D.A. 24: 6, f. 1 1901

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Poaceae Tripsacum zopilotense Hern.-Xol. & Randolph Folleto Técn. Of. Estud. Espec. México 4: 22 1950

- ***Distribución de maíz:***

La distribución del maíz en México a nivel general, se presenta de acuerdo a la recopilación de reportes de colecta de maíces nativos (Turrent A., *et al.*, 2004).

- **Aguascalientes:** Celaya, Cónico, Cónico Norteño, Chalqueño, Elotes Cónicos
- **Baja California Sur:** Tabloncillo Perla, Tuxpeño
- **Campeche:** Clavillo, Dzit-Bacal, Nal-Tel
- **Chihuahua:** Apachito, Azul, Blandito, Bolita, Celaya, Cónico, Cónico Norteño, Cristalino de Chihuahua, Chalqueño, Dulcillo del Noroeste, Gordo, Harinoso de Ocho, Lady Finger, Maíz Dulce, Maizón, Palomero, Palomero de Chihuahua, Reventador, San Juan, Tabloncillo, Tabloncillo Perla, Tehua, Tuxpeño, Tuxpeño Norteño.
- **Chiapas:** Celaya, Clavillo, Comiteco, Cónico, Dzit-Bacal, Elotes Occidentales, Motozinteco, Nal-Tel, Nal-Tel de Altura, Olotillo, Olotón, Tabloncillo Perla, Tehua, Tepecintle, Tuxpeño, Vandeño, Zapalote Chico, Zapalote Grande.
- **Coahuila**: Celaya, Cónico Norteño, Elotes Occidentales, Ratón, Tehua, Tuxpeño, Tuxpeño Norteño.
- **Colima**: Jala, Reventador, Tabloncillo, Tabloncillo Perla, Tuxpeño, Vandeño.
- **Durango:** Blandito, Blandito de Sonora, Bofo, Bolita, Celaya, Cónico, Cónico Norteño, Cristalino de Chihuahua, Chalqueño, Dulcillo del Noroeste, Elotes Occidentales, Gordo, Pepitilla, Reventador, San Juan, Tablilla, Tabloncillo, Tabloncillo Perla, Tunicata, Tuxpeño,
- **Guerrero**: Ancho, Conejo, Elotes Cónicos, Elotes Occidentales, Mushito, Nal-Tel, Olotillo, Pepitilla, Reventador, Tabloncillo, Tepecintle, Tuxpeño, Vandeño.
- **Guanajuato:** Tuxpeño, Celaya, Cónico, Cónico Norteño, Chalqueño, Elotes Cónicos, Elotes Occidentales, Reventador, Maíz Dulce, Mushito, Fasciado
- **Hidalgo**: Arrocillo, Arrocillo Amarillo, Bolita, Cacahuacintle, Celaya, Cónico, Cónico Norteño, Chalqueño, Dzit-Bacal, Elotes Cónicos, Elotes Occidentales, Mushito, Olotillo, Olotón, Tuxpeño.
- **Jalisco**: Azul, Bolita, Bofo, Celaya, Complejo Serrano de Jalisco, Cónico, Cónico Norteño, Chalqueño, Dulce de Jalisco, Elotes Cónicos, Elotes Occidentales, Harinoso de Ocho, Jala, Maíz Dulce, Pepitilla, Reventador, San Juan, Tablilla de Ocho, Tabloncillo, Tabloncillo Perla, Tuxpeño, Vandeño, Zamora, Zamorano Amarillo.
- **México**: Ancho, Arrocillo Amarillo, Azul, Bolita, Cacahuacintle, Celaya, Cónico, Cónico Norteño, Chalqueño, Elotes Cónicos, Palomero, Palomero Toluqueño, Pepitilla, Tuxpeño.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Michoacán**: Cacahuacintle, Celaya, Conejo, Cónico, Cónico Norteño, Chalqueño, Dzit-Bacal, Elotes Cónicos, Elotes Occidentales, Maíz Dulce, Mushito, Olotillo, Palomero, Pepitilla, Reventador, Tabloncillo, Tuxpeño, Vandeño, Zamora, Zamorano Amarillo.

- **Morelos:** Ancho, Chalqueño, Olotillo, Pepitilla, Tabloncillo, Tuxpeño, Tuxpeño Norteño, Vandeño.

- **Nayarit:** Bofo, Celaya, Cónico, Cónico Norteño, Elotes Occidentales, Harinoso de Ocho, Jala, Maíz Dulce, Olotillo, Reventador, Tablilla de Ocho, Tabloncillo, Tabloncillo Perla, Tuxpeño, Vandeño.

- **Nuevo León:** Cónico Norteño, Tablilla de Ocho, Tabloncillo, Tuxpeño.

- **Oaxaca**: Bolita, Tuxpeño, Celaya, Cónico, Cónico Norteño, Chalqueño, Elotes Cónicos, Olotillo, Vandeño, Nal-Tel, Nal-Tel de Altura, Mushito, Tepecintle, Olotón, Conejo, Zapalote Chico, Zapalote Grande

- **Puebla:** Arrocillo, Arrocillo Amarillo, Bolita, Cacahuacintle, Celaya, Cónico, Cónico Norteño, Chalqueño, Elotes Cónicos, Elotes Occidentales, Mushito, Olotillo, Palomero, Pepitilla, Tuxpeño.

- **Quintana Roo:** Dzit-Bacal, Nal-Tel, Olotillo, Tepecintle, Tuxpeño

- **Querétaro**: Bofo, Celaya, Cónico, Cónico Norteño, Chalqueño, Elotes Cónicos, Fasciado, Onaveño, Tuxpeño

- **Sinaloa:** Blandito de Sonora, Chapalote, Dulcillo del Noroeste, Harinoso, Harinoso de Ocho, Lady Finger, Maíz Dulce, Onaveño, Reventador, San Juan, Tabloncillo, Tabloncillo Perla, Tuxpeño.

- **San Luis Potosí**: Celaya, Cónico, Cónico Norteño, Chalqueño, Dzit-Bacal, Elotes Cónicos, Elotes Occidentales, Harinoso de Ocho, Olotillo, Tabloncillo, Tuxpeño.

- **Sonora:** Blandito de Sonora, Chapalote, Dulcillo del Noroeste, Harinoso de Ocho, Lady Finger, Nal-Tel, Onaveño, Reventador, San Juan, Tabloncillo, Tabloncillo Perla, Tuxpeño.

- **Tabasco:** Nal-Tel, Olotillo, Tuxpeño, Vandeño, Zapalote Grande

- **Tamaulipas:** Dzit-Bacal, Carmen, Raton, Tuxpeño, Tuxpeño Norteño

- **Tlaxcala**: Arrocillo, Arrocillo Amarillo, Cacahuacintle, Cónico, Chalqueño, Elotes Cónicos, Palomero, Palomero Toluqueño.

- **Veracruz**: Arrocillo Amarillo, Bolita, Cacahuacintle, Celaya, Cónico, Cónico Norteño, Coscomatepec, Chalqueño, Dzit-Bacal, Elotes Cónicos, Elotes Occidentales, Mushito, Nal-Tel, Olotillo, Olotón, Palomero, Pepitilla, Tepecintle, Tuxpeño.

- **Yucatán**: Dzit-Bacal, Nal-Tel, Olotillo, Tepecintle, Tuxpeño, Xmejenal, Zapalote Chico.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Zacatecas**: Bofo, Bolita, Celaya, Cónico, Cónico Norteño, Chalqueño, Dulce de Jalisco, Dulcillo del Noroeste, Elotes Cónicos, Elotes Occidentales, Maíz Dulce, San Juan, Tablilla, Tablilla de Ocho, Tabloncillo

- ***Distribución de teocintles:***

De acuerdo a Sánchez González *et al*., 1998, se ha documentado la existencia de cincuenta poblaciones de teocintles en México, tomando en consideración los datos existentes a la fecha de la publicación. A continuación se enlistan las zonas de distribución conocidas:

- **Valle de Nobogame, Chihuahua.** Valle situado en la Sierra Madre Occidental al noroeste de Guadalupe y Calvo, al sur del estado de Chihuahua. El teocintle de la raza Nobogame se encuentra creciendo entre el maíz, así como a las laderas de los arroyos Nobogame, Tarahumara y Tejamanil. Adicionalmente existe evidencia de dos poblaciones en otras zonas del estado de Chihuahua, en la Barranca de Urique y en las cercanías del río Papigochic. Situación de las poblaciones a 1998: Estable

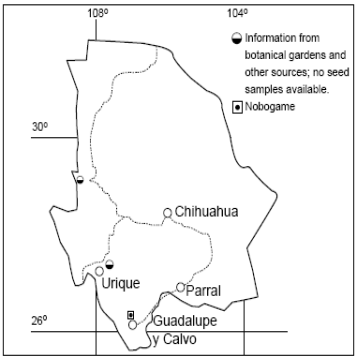


Figura 2: Distribución de teocintle raza Nobogame en Chihuahua. Tomada de: Sánchez- González J.J *et al.*, 1997.

- **Valle de Guadiana, Durango.** Valle del Altiplano Mexicano, en los alrededores de la Ciudad de Durango. Las poblaciones de la raza Mesa Central se encuentran en las localidades conocidas como “Hacienda de Dolores-Puente Dalila” y “Puente Gavilanes”. Situación de las poblaciones a 1998: En riesgo probable.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

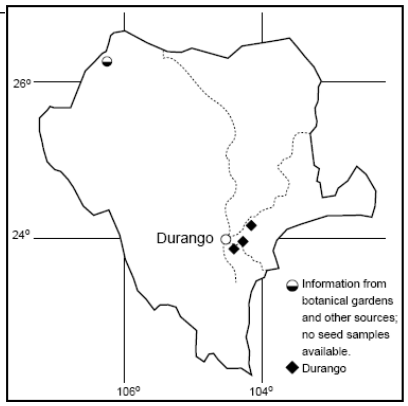


Figura 3: Distribución de teocintle en Durango. Tomada de: Sánchez- González J.J *et al.,* 1997.

- **Occidente de México.** En esta región se encuentran poblaciones de los teocintles perenes, *Z. perennis*, en el Nevado de Colima y *Z. diploperennis*, que se encuentra en la Sierra de Manantlán. También se distribuye el teocintle anual raza Balsas; en la Costa Sur, en el este del Lago de Chapala, en la Cuenca de los ríos Ameca y Atenguillo y en la zona de Lagos de Moreno.

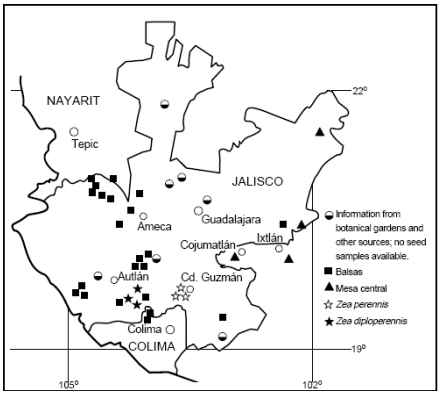
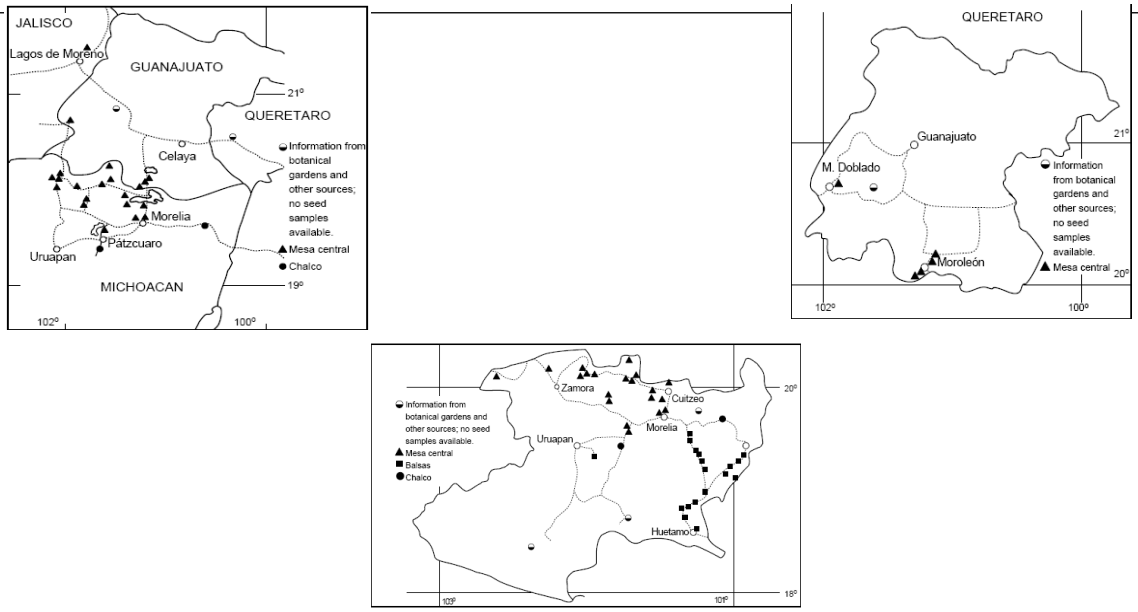


Figura 4: Distribución de teocintle en el occidente de México. Tomada de: Sánchez- González J.J *et al.,* 1997

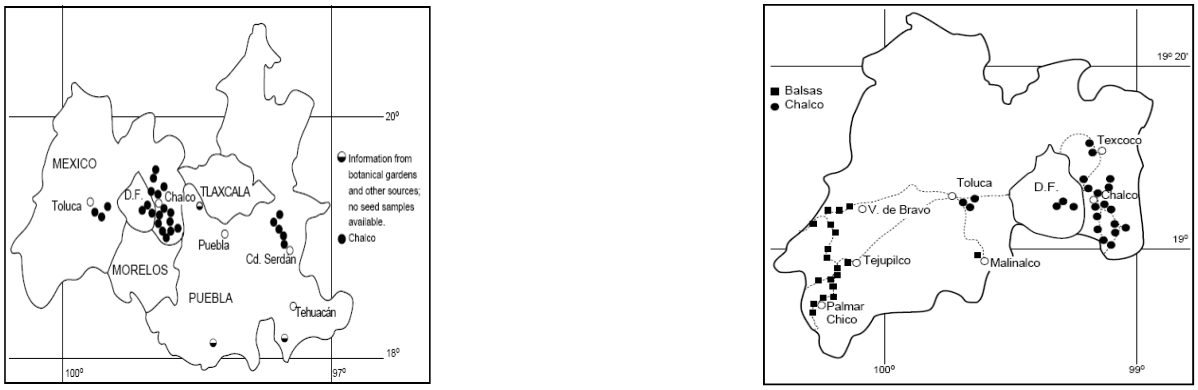
- **El Bajío.** Región del Altiplano Mexicano que comprende zonas de los estados de Guanajuato y Michoacán se distribuyen teocintles de las razas Balsas y Mesa Central. En Guanajuato se han identificado claramente dos poblaciones al noroeste del estado en Manuel Doblado y al sur en Yuriria, Moroleón-Uriangato y Pinícuaro. Existen reportes sin precisar localización exacta en Querétaro. En Michoacán se distribuyen en cinco zonas bien definidas. Situación de las poblaciones a 1998: Indeterminado, vulnerable.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.



Figuras 5 a, b y c: Distribución de teocintle en los estados del Bajío en México. Tomada de: Sánchez-González J.J *et al.,* 1997

- **Valle de México y sureste de Puebla.** Esta región forma parte de la porción sur del Altiplano Mexicano. En esta zona se distribuyen las razas Chalco y Balsas. Se encuentran distribuidos en el estado de México en los municipios de Los Reyes, Chalco, Amecameca, Texcoco, Teptlixpa, Ocoyoacac, Chapultepec y Toluca. En el Distrito Federal se encuentran en San Mateo, San Antonio Tecomil y Xochimilco. En Puebla se distribuyen en Cd. Serdán, San Salvador el Seco y en los Llanos de San Andrés y los Llanos de San Juan. Es importante destacar que en esta región *Zea mays* subsp. *mexicana* crece casi exclusivamente como maleza. Situación de las poblaciones a 1998: Estable, sin embargo las de Los Reyes y Chalco, en alto riesgo por la urbanización.



Figuras 6 a y b: Distribución de teocintle en el Valle de México, Puebla y Tlaxcala. Tomada de: Sánchez-González J.J *et al.,* 1997

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Cuenca del Balsas.** Zona comprendida entre la Sierra Madre del Sur y la Cordillera Neovolcánica. Se comprenden los estados de Morelos, parte de Jalisco, Michoacán, Guerrero, Puebla y Oaxaca. En esta Cuenca se encuentran las poblaciones más grandes de teocintle en México. Situación de las poblaciones a 1998: En riesgo

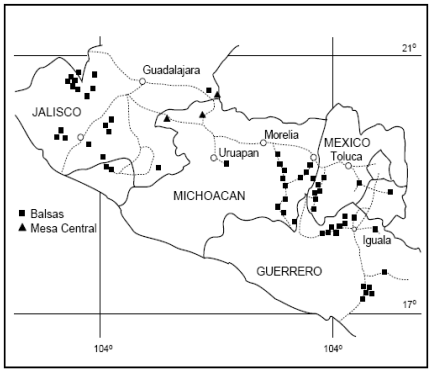


Figura 7: Distribución de teocintle en la Cuenca del Río Balsas. Tomada de: Sánchez- González J.J *et al.,* 1997

- **Guerrero:** sur de Chilpancingo y Tierra Colorada; norte de Iguala; ruta Teloloapan-Arcelia; Paso Morelos y en las cercanías de Ayutla.

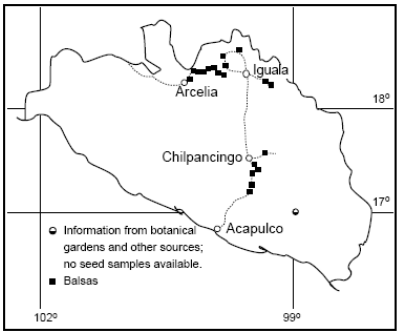


Figura 8: Distribución de teocintle en el estado de Guerrero. Tomada de: Sánchez- González J.J *et al.,* 1997

- **Michoacán:** cuenca del Río Cutzamala y suroeste de Zitácuaro.
- **Estado de México:** Valle Bravo en los Colorines; El Sitio, el Aguacate, Palmar Chico y Las Anonas; en Malinalco se encuentra una población aislada.
- **Morelos:** Tepoztlán, en los poblados de Amatlán y Huilotepec.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

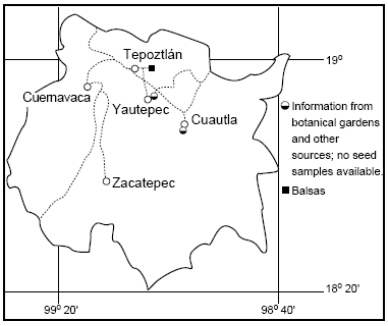


Figura 9: Distribución de teocintle en el estado de Morelos. Tomada de: Sánchez- González J.J *et al.,* 1997

- **Oaxaca.** Hasta el momento se conocen tres poblaciones; San Agustín Loxicha, San Pedro Juchatengo, y reportes pero no necesariamente colectas para la zona Mixe.

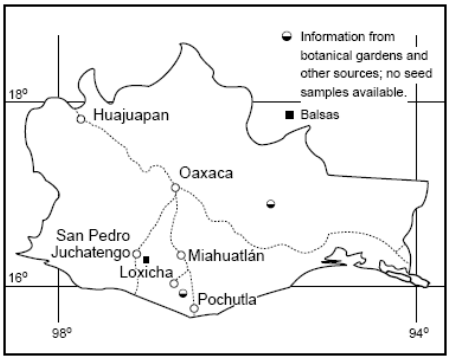


Figura 10: Distribución de teocintle en el estado de Oaxaca. Tomada de: Sánchez- González J.J *et al*., 1997.

- ***Distribución de Tripsacum***

De acuerdo a los reportes en la base de datos de Trópicos (2009), las especies del género *Tripsacum* se distribuyen en:

- ***Tripsacum andersonii***: Belice, Bolivia, Brasil, Colombia, Costa Rica, Ecuador, El Salvador, Guayana Francesa, Guatemala, Guyana, Honduras, Nicaragua, Panamá, Perú, Surinam, Venezuela, **México: Chiapas, Campeche y Veracruz**

- ***Tripsacum australe:*** Bolivia, Brasil, Colombia, Ecuador, Guayana Francesa, Guyana, Paraguay, Perú, Surinam, Venezuela. **No se distribuye en México**

- ***Tripsacum bravum:*** **México: Guerrero, Jalisco, Estado de México y Nayarit.**

- ***Tripsacum cundinamarcae:*** Colombia. **No se distribuye en México**

- ***Tripsacum dactyloides:*** Belice, Bolivia, Brasil, Colombia, Cuba, Costa Rica, Ecuador, Estados Unidos de Norteamérica, Guayana Francesa, Guatemala, Guyana, Honduras,

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

India, Nicaragua, Panamá, Paraguay, República Dominicana, Sudáfrica, Surinam, Venezuela, **México: Aguascalientes, Chiapas, Coahuila, Distrito Federal, Durango, Guerrero, Jalisco, Estado de México, Michoacán, Morelos, Nayarit, Nuevo León, Oaxaca, Puebla, San Luis Potosí, Tamaulipas y Yucatán.**

- ***Tripsacum floridanum:*** Cuba, Estados Unidos y **México: Tamaulipas**
- ***Tripsacum intermedium:*** Guatemala, Honduras y **México: Chiapas y Guerrero**
- ***Tripsacum jalapense:*** El Salvador, Guatemala y **México: Chiapas**
- ***Tripsacum lanceolatum:*** Estados Unidos, Guatemala, Honduras, Panamá y **México: Aguascalientes, Baja California, Baja California Sur, Chihuahua, Durango, Hidalgo, Jalisco, Michoacán, Oaxaca, Puebla, San Luis Potosí, Sinaloa, Sonora y Zacatecas.**
- ***Tripsacum latifolium:*** Belice, Bolivia, Cuba, Costa Rica, El Salvador, Estados Unidos de Norteamérica, Guatemala, Haití, Honduras, Islas Leenward, Nicaragua, Panamá, Puerto Rico, República Dominicana, Surinam, Trinidad, **México: Chiapas, Michoacán, Oaxaca, Puebla, y Yucatán.**
- ***Tripsacum laxum:*** Belice, Brasil, Colombia, Cuba, Costa Rica, El Salvador, Estados Unidos de Norteamérica, Filipinas, Guayana Francesa, Guatemala, Islas Vírgenes, Jamaica, Panamá, Puerto Rico, República Dominicana, Sri Lanka, **México: Chiapas, Colima, Guerrero, Jalisco, Michoacán, Morelos, Oaxaca, y Veracruz.**
- ***Tripsacum maizar:*** Costa Rica, Guatemala, **México: Chiapas, Colima, Guerrero, Jalisco, Estado de México, Michoacán, Nayarit, Oaxaca y San Luis Potosí.**
- ***Tripsacum manisuroides:*** **México: Chiapas**
- ***Tripsacum peruvianum:*** Ecuador y Perú. **No se distribuye en México**
- ***Tripsacum pilosum:*** Guatemala, Honduras**, México: Chiapas, Chihuahua, Colima, Durango, Guerrero, Jalisco, Michoacán, Morelos, Nayarit, Oaxaca y San Luis Potosí.**
- ***Tripsacum zopilotense:*** Guatemala, **México: Chiapas, Chihuahua, Guanajuato, Guerrero, Jalisco, Estado de México, Michoacán, Puebla, San Luis Potosí, Sinaloa, Tlaxcala y Zacatecas.**

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

c) Especificación de la existencia de especies sexualmente compatibles en México

Con el fin de poder identificar de forma más adecuada a las especies sexualmente compatibles del maíz, es importante tomar en consideración algunos elementos básicos de la biología reproductiva del cultivo, los niveles de ploidía de los parientes silvestres, así como sus aspectos biológico-morfológicos y la compatibilidad sexual entre ellos. A continuación se hace un resumen de toda esta información.

- **Biología reproductiva del maíz**

- **Morfología del maíz y reproducción sexual**

  La morfología y el desarrollo del maíz se han descrito en seis fases (tomado de Paliwal R.L. *et al*., 2001):

  - ***Plántula****: La semilla se siembra en suelo húmedo, absorbe agua y comienza a hincharse, la semilla empieza a germinar en dos o tres días. En el invierno o en condiciones de bajas temperaturas del suelo como en las tierras altas, el proceso se demora y la emergencia de la radícula puede ocurrir a los seis u ocho días, dependiendo de la temperatura del suelo. Cuando se inicia la germinación, la coleorriza se elonga y sale a través del pericarpio; después aparece la radícula a través de la coleorriza. Inmediatamente después de la emergencia de la radícula también emergen tres o cuatro raíces seminales. Al mismo tiempo o muy pronto después, la plúmula cubierta por el coleoptilo emerge en el otro extremo de la semilla; el coleoptilo es empujado hacia arriba por la rápida elongación del mesocotilo, el cual empuja al naciente coleoptilo hacia la superficie de la tierra. Cuando el extremo del coleoptilo surge a través de la superficie de la tierra, cesa la elongación del mesocotilo, emerge la plúmula a través del coleoptilo y esta aparece sobre la tierra. El maíz se siembra normalmente a una profundidad de 5 a 8 cm si las condiciones de humedad son adecuadas. Esto da lugar a una emergencia de las plántulas rápida y uniforme, en cuatro o cinco días después de la siembra.*

  - ***Sistema radicular:*** *Las raíces seminales se desarrollan a partir de la radícula de la semilla a la profundidad a la que ha sido sembrada. El crecimiento de esas raíces disminuye después que la plúmula emerge por encima de la superficie del suelo y virtualmente detiene completamente su crecimiento en la etapa de tres hojas de la plántula. Las primeras raíces adventicias inician su desarrollo a partir del primer nudo en el extremo del mesocotilo. Un grupo de raíces adventicias se desarrolla a partir de cada nudo sucesivo hasta llegar a entre siete y diez nudos, todos debajo de la superficie del suelo. Estas raíces adventicias se desarrollan en una red espesa de raíces fibrosas. El sistema de raíces adventicias es el principal sistema de fijación de la planta y además absorbe agua y nutrimentos. El sistema de raíces adventicias seminales constituye cerca del 52% y el sistema de nudos de las raíces es el 48% de la masa total de raíces de la planta de maíz. Algunas raíces adventicias o raíces de anclaje emergen a dos o tres nudos por encima de la superficie del suelo; en algunos cultivares de maíz también se pueden desarrollar en un número mayor de nudos. La principal función de estas raíces es mantener la planta erecta y evitar su acame en condiciones normales.*

  - ***Sistema caulinar-vegetativo:*** *Las plántulas de maíz son visibles sobre la superficie cuando tienen tres hojas si bien sus puntos de crecimiento están aún bajo tierra. En esta etapa la planta muestra un crecimiento vigoroso el cual se origina en un solo punto de*

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

crecimiento que es el meristemo apical; todas las partes del tallo del maíz, tanto vegetativas como reproductivas, se producen a partir de este meristemo. El tallo consiste de cuatro estructuras básicas: los internudos, las hojas, el profilo y la yema o meristemo apical, que colectivamente son conocidas como el fitómero.

Cuando la planta tiene seis hojas abiertas, el punto de crecimiento y el primordio de la espiga ya han sobrepasado la superficie del suelo. Los internudos comienzan a elongarse rápidamente y la planta pasa a través de un período de rápido crecimiento y elongación.

- ***Sistema caulinar-reproductivo:*** *El maíz es una planta monoica; desarrolla inflorescencias con flores de un solo sexo las que crecen siempre en lugares separados de la planta. La inflorescencia femenina o mazorca crece a partir de las yemas apicales en las axilas de las hojas y la inflorescencia masculina o panícula se desarrolla en el punto de crecimiento apical en el extremo superior de la planta. Inicialmente, ambas inflorescencias tienen primordios de flores bisexuales; durante el proceso de desarrollo los primordios de los estambres en la inflorescencia axilar abortan y quedan así solo las inflorescencias femeninas. Del mismo modo, los primordios de gineceos en la inflorescencia apical abortan y quedan entonces solo inflorescencias masculinas.*

  El desarrollo de la panícula precede al de la mazorca y después que todos los primordios foliares se han iniciado, el meristemo apical se elonga y se transforma en un meristemo reproductivo masculino que se transformará a su vez en la panícula. Los internudos inician una fase de rápida elongación empujando el punto de crecimiento hacia arriba; si en este momento se disecta longitudinalmente una planta, se notarán los primordios de las yemas laterales en la axila de cada hoja. Muchas de estas no se desarrollarán y normalmente una o dos yemas laterales en la mitad superior de la planta llegarán a ser inflorescencias femeninas funcionales, o sean las mazorcas. El número de granos por fila en cada mazorca se determina en esta etapa temprana del desarrollo, pero el número de óvulos funcionales que se desarrollarán como granos se determina más tarde, aproximadamente una semana después de la emergencia de los estigmas. La mazorca superior muestra dominancia apical y sobrepasa a todas las mazorcas ubicadas inferiormente. En ese momento, el extremo de la mazorca aparece en la axila de la hoja que sostiene esa mazorca.

  El extremo de la panícula aparece después por encima del verticilo de hojas. El pedúnculo de la panícula crece vigorosamente en esta etapa, llevando la panícula al extremo, por encima de toda la planta. La panícula es una estructura ramificada que está formada por una espiga central. El número de ramificaciones laterales varía considerablemente y una espiga puede llegar a tener hasta 30 o 40 espiguillas.

  La formación de la yema axilar que genera la mazorca está cubierta con 12 a 14 hojas modificadas (totomoxtle). La formación que sostiene la mazorca se llama comúnmente caña y tiene nudos e internudos cortos aunque varía en longitud según las diversas razas o variedades de maíz.

- ***Granos de polen y estigmas:*** *El polen de maíz es una estructura trinuclear; tiene una célula vegetativa, dos gametos masculinos y numerosos granos de almidón; su gruesa pared tiene dos capas, la exina y la intina y es bastante resistente. A causa de las diferencias de desarrollo entre las florecillas superiores e inferiores en las espiguillas*

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

masculinas y la maduración asincrónica de las espigas, el polen cae continuamente de cada espiga por un período de una semana o más.

Los estigmas son la prolongación del canal del estilo de los óvulos maduros en la mazorca. Dependiendo de la longitud de la mazorca y de las hojas que las cubren, los estilos pueden crecer hasta 30 centímetros o más para llegar al extremo de las hojas de cobertura o totomoxtle. El desarrollo de las flores femeninas y de los óvulos en la mazorca es acropétalo, desde la base hacia arriba. Sin embargo, y debido probablemente a la fertilización más temprana, el desarrollo del grano comienza a cinco centímetros por encima de la base de la mazorca. El desarrollo de los estilos continúa por varios días y los estigmas aparecen en tres a cuatro días; permanecen receptivos y continúan creciendo por varios días más después de su emergencia por encima de las hojas de cobertura hasta que son polinizados, una vez que han sido polinizados se separan del óvulo y se secan.

Los estilos son húmedos y pegajosos y el grano de polen germina inmediatamente después de alojarse. El largo tubo polínico necesita 24 horas para recorrer todo el estigma y alcanzar el óvulo para fertilizarlo. El proceso de polinización y fertilización en el maíz tropical ocurre durante los días más cálidos del período de crecimiento. A causa de la variabilidad del tiempo en la temporada lluviosa en los trópicos, la duración del período de polinización es mayor que bajo condiciones de irrigación pero el tiempo cálido y húmedo no afecta negativamente ni la polinización ni la fertilización. Sin embargo, el tiempo cálido y seco afecta adversamente a los estambres los cuales se secan fácilmente dañando el crecimiento del tubo polínico y la fertilización.

La planta de maíz no presenta verdadera protandria -anteras que alcanzan la madurez antes que el gineceo- ya que el gineceo madura y los estilos son receptivos antes de aparecer fuera de las hojas de cobertura. Las anteras de las espiguillas de la parte superior de la espiga central salen fuera de las florecillas y comienzan a dejar caer polen antes que los estigmas emerjan por encima de las hojas de cobertura. Bajo condiciones óptimas para el crecimiento de la planta, el intervalo entre la antesis y la salida de los estigmas es de uno o dos días.

- ***Frutos y Semillas:*** *El grano o fruto del maíz es un cariópside. La pared del ovario o pericarpio está fundida con la cubierta de la semilla o testa y ambas están combinadas conjuntamente para conformar la pared del fruto. El fruto maduro consiste de tres partes principales: la pared, el embrión diploide y el endospermo triploide. La parte más externa del endospermo en contacto con la pared del fruto es la capa de aleurona. La estructura del endospermo del maíz es muy variable y le da al grano distintas apariencias.*

- **Polinización y dispersión del polen**

El polen del maíz es relativamente grande de 90-100 □m de diámetro y de forma esférica (Luna S.V. *et al*., 2001), se dispersa principalmente por viento (OCDE, 2003). El grano de polen al estar rodeado por una doble película compuesta de exina e intina, se encuentra relativamente bien protegido, sin embargo a temperaturas por arriba de 35°C al momento de la liberación del polen, puede provocar que los granos

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

colapsen y se presente una baja producción de granos. Una planta de maíz puede producir más de 2 millones de granos de polen/día, resultando en un total de 6-25 millones de granos de polen/planta dependiendo de la variedad de que se trate (OGTR, 2008).

Los reportes de Luna y colaboradores en el 2001, llevados a cabo en Nayarit sobre la viabilidad del polen, indicaron que la producción de semilla puede disminuir hasta cero por ciento después de que el polen ha sido expuesto a condiciones atmosféricas debido a la deshidratación, ya que el 80 % del polen pierde viabilidad dentro de la primera hora de exposición, también observaron que con una alta humedad relativa se puede prevenir la pérdida de viabilidad ya que con altos índices de humedad relativa, la viabilidad del polen después de una hora de exposición ambiental, únicamente decrece en 58%, mientras que en condiciones de baja humedad relativa, la viabilidad decrece hasta un 96% en la primera hora. En el estudio que llevaron a cabo Baltazar B. *et al.*, en 2005 observaron similarmente que entre el 68-84% del polen se deshidrata después de haber estado en contacto con la atmósfera durante una hora. El polen viable es blanco y esférico, mientras que el no viable es colapsado y de coloración amarillenta.

En otros estudios se ha observado que la viabilidad del polen es relativamente insensible a la radiación solar y que decrece más conforme se pierde humedad (OGTR, 2008).

El maíz normalmente sufre polinización cruzada, con una tasa de autofecundación de 5% (OGTR, 2008). Durante la polinización cruzada en condiciones normales, el polen es liberado de las anteras principalmente por las mañanas, en la antesis el polen se encuentra parcialmente deshidratado y continua deshidratándose de acuerdo se mueve por la atmósfera hasta que es interceptado por el estigma (Luna *et al*., 2001). La dehiscencia es continua durante una semana o más para cada planta, comenzando aproximadamente de uno a tres días antes de la emergencia de los estigmas.

A pesar del corto período en el que el grano individual del polen se mantiene viable, la dispersión espacial tanto en la dehiscencia del polen como en la emergencia de los estigmas dentro de un campo, provoca que la polinización cruzada entre un campo donador y uno receptor puede ocurrir en una ventana de tiempo de siete días.

La velocidad de dispersión horizontal del polen de maíz, se encuentra en el rango de 21-32 cm/s, dependiendo de qué tan deshidratado se encuentre el grano. En plantas en las que las espigas están a una altura de 2.5 m y los estigmas se encuentran alrededor de un metro de altura, se requiere una distancia de dispersión de 1.5 m para que se lleve a cabo la polinización entre plantas adyacentes, pudiendo tomar cinco segundos bajo condiciones ideales. El movimiento vertical del polen en condiciones de turbulencia puede extender la distancia de dispersión únicamente en áreas en las que la topografía lo favorece y limita la dispersión horizontal (Bannert *et al*., 2007).

La polinización mediada por insectos no ha sido reportada, aunque hay reportes de abejas visitando la espiga, no se ha reportado que también lo hagan en las inflorescencias femeninas, por lo que la polinización del maíz mediada por abejas se ha descartado completamente (OGTR, 2008).

- **Reproducción asexual del maíz**

No existen reportes de que en condiciones naturales el maíz se pueda reproducir por vía asexual, éste proceso únicamente se presenta bajo condiciones muy especiales de cultivo de tejidos *in vitro*. (OECD, 2003 y OGTR, 2008).

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Niveles de Ploidía de maíz y sus parientes silvestres (OECD, 2003).**

Género *Zea*

Zea mays subsp. *mays (2n = 20)*

Zea mays subsp. *mexicana (2n = 20))*

raza Nobogame

raza Mesa Central

raza Durango

raza Chalco

Zea mays subsp. *parviglumis* (raza Balsas) (2n = 20)

Zea mays subsp. *huehuetenangensis* (raza Huehuetenango) (2n = 20?)

Zea diploperennis (teocintle perenne) (2n = 20)

Zea luxurians (2n = 20)

Zea nicaraguensis (2n = 20)

Zea perennis ((2n = 40)

Género *Tripsacum*

T. andersonii (2n = 64)

T. australe (2n = 36)

T. bravum (2n = 36, 72)

T. cundinamarce (2n = 36)

T. dactyloides (2n = 72)

T. floridanum (2n = 36)

T. intermedium (2n = 72)

T. manisuroides (2n = 72)

T. latifolium (2n = 36)

T. peruvianum (2n = 72, 90, 108)

T. zopilotense (2n = 36, 72)

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

En la siguiente tabla se enlistan las principales características biológico-reproductivas del maíz y sus parientes silvestres.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 2. Comparación morfológica del maíz y sus parientes silvestres tomada de: Paliwal R.L. *et al*., 2001

Aspecto de la planta	Maíz	Teocintle	Tripsacum
Hábito	Anual	Anual y perenne con rizomas	Perenne con rizomas
Multiplicación	Por semillas	Por semillas y vegetativa	Vegetativa y por semillas
Sistema radicular	Estacional	Persistente y estacional	Persistente
Sistema caulinar	Tallo principal, pocos macollos	Con macollos y ramificado	Macollos abundantes y ramificado
Hojas	Anchas	Similar al maíz	Angostas a medio angostas
Inflorescencia lateral	Femenina	Predominantemente femeninas y algunas mezcladas	Mezclada
Inflorescencia terminal	Masculina, grande y dominante	Masculina, media	Mezclada
Espiguillas femeninas	Apareadas	Simples	Simples
Espiguillas masculinas	Apareadas	Apareadas	Apareadas
Mazorca	Muchas filas, cubierta	Dos filas, cubierta	Dos filas, descubierta
Fruto	Desnudo, no dehiscente	Con cubierta rígida, cupulado, dehiscente	Con cubierta rígida, dehiscente
Reproducción	Sexual	Sexual	Apomíctica y sexual
Semilla	Sin latencia	Latencia en algunos casos	Latencia
Hábito	Anual	Anual y perenne con rizomas	Perenne con rizomas
Multiplicación	Por semillas	Por semillas y vegetativa	Vegetativa y por semillas
Sistema radicular	Estacional	Persistente y estacional	Persistente
Sistema caulinar	Tallo principal, pocos macollos	Con macollos y ramificado	Macollos abundantes y ramificado
Hojas	Anchas	Similar al maíz	Angostas a medio angostas
Inflorescencia lateral	Femenina	Predominantemente femeninas y algunas mezcladas	Mezclada
Inflorescencia terminal	Masculina, grande y dominante	Masculina, media	Mezclada
Espiguillas femeninas	Apareadas	Simples	Simples
Espiguillas masculinas	Apareadas	Apareadas	Apareadas
Mazorca	Muchas filas, cubierta	Dos filas, cubierta	Dos filas, descubierta
Fruto	Desnudo, no dehiscente	Con cubierta rígida, cupulado, dehiscente	Con cubierta rígida, dehiscente
Reproducción	Sexual	Sexual	Apomíctica y sexual
Semilla	Sin latencia	Latencia en algunos casos	Latencia

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

En las siguientes figuras se puede observar esquemáticamente las diferencias en la arquitectura de la planta del maíz y el teocintle.

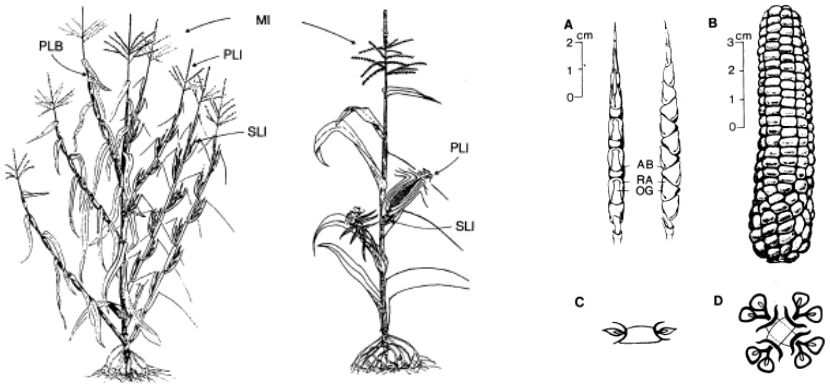


Figura 11: Esquemas de la arquitectura de la planta y de la mazorca del maíz y del teocintle. MI=Inflorescencia principal; PLI= Inflorescencia lateral primaria ; PLB=Ramificación lateral primaria; SLI=Inflorescencia lateral secundaria; A=mazorca de teocintle ; AB= capa de abscisión ; RA= internudo del raquis; OG= gluma exterior; B=mazorca de maíz; C= corte transversal de la mazorca de teocintle, mostrando el segmento del raquis y una semilla por lado; D= corte transversal de la mazorca de maíz mostrando el raquis con cuatro pares de semillas para formar ocho líneas o carreras. Figuras tomadas de Doebley *et al.* 1990

- **Cruzas intra-específicas (OCDE, 2003)**

Como ya se mencionó anteriormente el maíz es una planta principalmente de polinización cruzaba (también llamada abierta). Hasta el siglo XX el maíz había evolucionado mediante variedades de polinización abierta, derivadas de una mezcla de individuos heterócigos y heterogéneos, desarrolladas por selección de las personas de diferentes civilizaciones existentes en América.

Ya se mencionó también que el polen del maíz es altamente promiscuo, y que la germinación ocurre casi inmediatamente a la polinización, para completar la fertilización casi un día después. Por todo esto, el maíz se entrecruza muy fácilmente, excepto por algunas variedades "reventadoras" y algunos híbridos que contienen alguno de los factores de incompatibilidad denominado "factor gametofítico" ga o las series alélicas Ga en el cromosoma cuatro (Kermicle J.L., 2006).

- **Cruzas inter-específicas[5] (OECD, 2003; OGTR, 2008)**

Existe compatibilidad sexual entre maíz y todos los teocintles anuales, siendo conocido que pueden formar híbridos fértiles, es decir que no hay compatibilidad con Z. *perennis* y tampoco existen evidencias de introgresión natural entre Z. *diploperennis* y maíz (Kato A y Sánchez J citados por Turrent A. *et al*., 2004).

[5] Debido a que varias publicaciones tienden a discutir las cruzas entre maíz y teocintle de forma general, en ocasiones es difícil de distinguir entre las intraespecíficas e interespecíficas dentro del género, por lo que es probable que se consideren juntas.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

En las áreas de México y Guatemala en las que hay cercanía geográfica, el maíz y el teocintle anual (Zea *mays* subsp. *mexicana* (2n = 20), raza Nobogame, raza Mesa Central, raza Durango y raza Chalco; Zea *mays* subsp. *parviglumis* (raza Balsas) (2n = 20)) pueden hibridizar. Se han reportado frecuencias de un híbrido F1 para la cruza (maíz x teocintle) por cada 500 plantas de maíz , en la región de Chalco en el Valle de México (Wilkes G., 1977). Se ha reportado en particular la hibridización espontánea entre Z. *mays* ssp. *mays* y los teocintles de *mexicana* y *parviglumis* (Ellstrand *et al*. 2007) siendo más común la introgresión con la subespecie *mexicana* (Fukunaga *et al*. 2005).

Los estudios de Kermicle *et al*. en 1990, mostraron que existe incompatibilidad fisiológica entre teocintle y maíz cuando el primero actúa como receptor de polen y el segundo como donador, esto es en la dirección opuesta en la que normalmente las cruzas son exitosas. Sin embargo, esta incompatibilidad se presentó entre algunas poblaciones de maíz y cierto tipo de teocintle (razas Chalco y Mesa Central), resultando en baja e inconsistente aptitud (en inglés "fitness") de alguno de los híbridos, previendo así una alta tasa de introgresión (Evans M.M.S., *et al* 2001). Determinaron también que la incompatibilidad entre teocintle y maíz esta bajo el control del gen Tcb 1 (teosinte crossing barrier 1) localizado en el brazo corto del cromosoma 4. Debido a la ausencia de polinización recíproca, Evans y su grupo sugieren que el gen Tcb1 podría jugar un rol significativo en el aislamiento reproductivo entre las poblaciones de maíz y teocintle simpátricas en México y Guatemala (ssp. *huehuetenangensis)*.

- **Cruzas inter-genéricas (OGTR, 2008)**

  - Aunque es extremadamente difícil de conseguir en condiciones naturales, las especies del género *Tripsacum* (*T. dactyloides, T. floridanum, T. lanceolatum, y T. pilosum*) pueden cruzar con el maíz, siempre y cuando el donador del polen sea *Tripsacum* y se reduzca el tamaño de los estilos del maíz. También se sabe que dependiendo de la especie de *Tripsacum q*ue se emplee como parental y los eventos que ocurran en las retrocruzas, se pueden obtener al menos 54 combinaciones de cromosomas. Con esto se puede lograr cierto éxito en la fertilización obteniéndose que los híbridos resultantes poseen un alto grado de esterilidad y son genéticamente inestables (Mangelsdorf, 1974).

    Los estudios de Galinat en 1988 (Citado por OECD, 2003) identificaban que, dado que los géneros *Tripsacum* y *Zea* poseen números cromosómicos diferentes (ver sección de Niveles de Ploidía de maíz y sus parientes silvestres), la adición de un cromosoma extra del *Tripsacum* en el genoma del maíz podría ocurrir en una baja frecuencia y consecuentemente la tasa de cruzamiento podría reducirse drásticamente. Sin embargo, a pesar de estos argumentos Eubanks 1995, 1998 (Citado por OECD, 2003) desarrolló un método asistido bajo condiciones muy controladas (es decir no espontáneo ni en condiciones naturales en campo) para introducir genes de *Tripsacum* en maíz. El método se basa en cruzar *Tripsacum dactyloides* con *Zea diploperennis* a fin de obtener un híbrido denominado tripsacorn, que se usa como puente para posteriormente generar híbridos de maíz tripsacorn. El uso de éste híbrido puente es con fines de mejoramiento agronómico de maíz a fin de conferir resistencia a plagas, enfermedades, tolerancia a sequía, apomixis, totipotencialidad, perenialismo, adaptaciones a condiciones de suelo adversas o de atmósferas enriquecidas en dióxido de carbono así como y uniformidad agronómica al maíz.

    Otras cruzas entre el género *Tripsacum* y teocintles de las subespecies de *Z. mays* no han sido exitosas (OGTR, 2008).

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- La tribu *Maydeae* también incluye otros cinco géneros asiáticas (*Coix*, *Sclerachne*, *Polytoca*, *Chionachne* y *Trilobachne*) de los cuales solo existen reportes de que se hayan obtenido cruzas experimentales entre *Z. mays* con *Coix lachryma-jobi* (Harada *et al*. 1954, citado por OGTR, 2008). En este caso las semillas híbridas se obtuvieron únicamente en un 6% cuando *Coix* fue usado como parental femenino. No existen reportes actuales de hibridización espontánea (Búsqueda en literatura científica al 08/04/09).

- El maíz también se ha cruzado experimentalmente con otros miembros de la sub-familia *Panicoideae*: un único híbrido intergenérico entre *Saccharum officinarum* – tribu *Andropogonae* (2n = 80) y maíz fue obtenido con dos cromosomas B adicionales, usando maíz como el polen donador. (Janaki Ammal *et al.* 1972, citado por OGTR, 2008). El individuo obtenido, cuyas células contenían números cromosómicos variables entre 52 – 58, sobrevivió bajo condiciones no naturales con cuidados especiales.

- Otras cruzas intergenéricas experimentales no espontáneas, en las que se involucren al maíz se han llevado a cabo con miembros de la sub-familia *Pooideae*. (Kynast *et al*. 2001, citado por OGTR, 2008). Algunos ejemplos incluyen:

    - Maíz como donador de polen con trigo (*Triticum aestivum*) hexaploide (2n = 42)

    - Cruzas controladas con avena (*Avena sativa*) hexaploide (2n = 42). Los híbridos resultantes únicamente pueden sobrevivir después de rescate embrionario.

    - Cruzas experimentales asistidas con varios cereales, entre los que se encontraron cebada (*Hordeum vulgare*; 2n = 14) y centeno (*Secale cereale*; 2n = 14) como parentales femeninos, empleando maíz como donador de polen. En los tres casos no se obtuvieron híbridos fértiles.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

d) Descripción de los hábitats donde el OGM puede persistir o proliferar en el ambiente de liberación

La modificación genética insertada en el OGM no cambia en nada el patrón de distribución geográfica o las necesidades agronómicas del maíz para desarrollarse, en comparación con su contraparte no modificada, por lo que las únicas áreas en las que el OGM se podrá desarrollar son aquellas áreas agrícolas en las que se maneje y se permita el desarrollo del cultivo.

A continuación se describe el ambiente propicio para el cultivo del maíz convencional no genéticamente modificado:

El maíz es una planta anual cuyo ciclo de vida depende de la variedad y el ambiente en que dicha variedad se desarrolle. El maíz no puede sobrevivir a temperaturas por debajo de los cero grados durante más de seis a ocho horas después de que se encuentra en la fase de 5 a 7 hojas, el daño por heladas dependen del rango de la temperatura por debajo de los cero grados, las condiciones del suelo, los residuos, la duración de las bajas temperaturas, el viento, la humedad relativa y el estado de desarrollo de la planta. Heladas ligeras durante la primavera tardía puede provocar que se "quemen" las hojas, sin embargo la extensión del daño usualmente no es tan grande como para lograr daño permanente, sin embargo el cultivo del maíz posee en estas condiciones una apariencia irregular debido a que el daño foliar por heladas permanece hasta la madurez.

El maíz típicamente crece en regiones templadas debido al nivel de humedad y a los días libres de heladas necesarios para alcanzar la madurez. El número de días libres de heladas indican la latitud a la que las variedades de maíz podrán desarrollarse. El maíz que posee madurez relativa de 100 a 115 días, es el que normalmente se siembra en la franja maicera de los Estados Unidos.

En las regiones tropicales la madurez relativa del maíz se modifica debido a los efectos de la altitud. Las variedades nativas de maíz de los trópicos generalmente poseen características diferentes a la de los cultivares modernos en cuanto a que las primeras poseen de tres a cinco mazorcas y vástagos axilares, mientras que en los segundos se suprimen las mazorcas bajas y los vástagos (OECD, 2003).

De acuerdo a Paliwel, para el caso de los países tropicales, la clasificación de los ambientes del maíz se basa en las mayores regiones climáticas que corresponden a las latitudes en que el mismo es cultivado. Los países o regiones comprendidas entre la línea ecuatorial y los 30° N y 30° S constituyen el ambiente tropical y el maíz cultivado en esa zona se conoce como maíz tropical. Las regiones que están entre los 30° y 34° Norte y Sur son clasificadas como ambientes subtropicales. En estas regiones se cultiva un gran rango de genotipos, tropicales o subtropicales, los últimos derivados de la introgresión de germoplasma tropical y templado.

El ambiente tropical se divide en tres categorías basadas en la altitud:

- tierras tropicales bajas, entre el nivel del mar y los 1,000 msnm,
- tierras tropicales medias, entre 1,000 y 1,600 msnm,
- tierras tropicales altas, a más de 1,600 msnm.

La mayor parte del germoplasma subtropical es cultivado en ambientes de altitud media y de ese modo ligado al ambiente subtropical. En consecuencia, los genotipos de maíz se clasifican en:

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

a) tropicales de tierras bajas;

b) sub-tropicales de tierras bajas y de media altitud, y

c) tropicales de tierras altas

Algunas características adicionales que influyen sobre la adaptación y la aceptación de los genotipos de maíz en un ambiente específico son:

a) la clase de madurez - tardía, intermedia, temprana y extra temprana, dependiendo del período de crecimiento y de la disponibilidad de humedad;

b) el tipo de grano preferido por los agricultores y los consumidores - duro, dentado o harinoso; y

c) el color del grano - blanco o amarillo.

Esta clasificación se encuentra en la siguiente tabla, la cual indica las distintas clases de madurez de germoplasma en los ambientes más importantes de las tierras bajas tropicales y sus tipos de granos. Una clasificación similar del maíz que crece en los ambientes subtropicales y de altitud media se presenta en la Tabla 4.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 3. **Maíces de tierras bajas tropicales y su madurez**. Adaptada de Paliwel

Clases de madurez	Días a la madurez	Tipo de grano
Extra-temprana	80 - 90	Blanco duro o blanco dentado
		Amarillo duro
Temprana	90 - 100	Blanco duro
		Blanco dentado
		Amarillo duro
		Amarillo dentado
Intermedia	100 - 110	Blanco duro
		Blanco dentado
		Amarillo duro
		Amarillo dentado
Tardía	110 - 130	Blanco duro
		Blanco dentado
		Amarillo duro
		Amarillo dentado

Tabla 4. Ambientes subtropicales y de altitud media con las áreas correspondientes a clases de madurez para varios tipos de grano. Adaptada de Paliwel

Clases de madurez	Tipos de grano
Extra-temprana	No se siembra
Temprana	Blanco o amarillo, duro o dentado
Intermedia	Blanco duro, blanco dentado o amarillo duro o amarillo dentado
Tardía	Blanco duro, blanco dentado o amarillo duro o amarillo dentado

El CIMMYT publicó los estudios de Hartkamp, A.D., *et al* del 2000 en los que se refinaron la clasificación de los mega-ambientes del cultivo del maíz aplicando técnicas estadísticas de

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

multivariación a datos agroclimáticos, datos espaciales agroclimáticos y tecnología del Sistema de Información Geográfica (GIS) para clasificar los mega-ambientes del maíz en doce grandes mega-ambientes identificando también las subdivisiones basadas en precipitación.

Tabla 5. **Mega ambientes y sus subdivisiones de acuerdo a la precipitación**. Adaptada de Hartkamp, A.D., *et al,* 2000.

Nombre	Duración del día (h)	Temperatura media (°C)	Precipitación (mm)
Trópico bajo muy seco	11-12.5	≥24	<200
Trópico bajo húmedo	11-12.5	≥24	≥200 y <600
Trópico bajo lluvioso	11-12.5	≥24	≥600 y <2,000
Trópico bajo con exceso de lluvia	11-12.5	≥24	≥2,000
Trópico de media altitud muy seco	11-12.5	>18 y <24	<200
Trópico de media altitud húmedo	11-12.5	>18 y <24	≥200 y <600
Trópico de media altitud lluvioso	11-12.5	>18 y <24	≥600 y <2,000
Trópico de media altitud con exceso de lluvia	11-12.5	>18 y <24	≥2,000
Trópico alto muy seco	11-12.5	≤18	<200
Trópico alto húmedo	11-12.5	≤18	≥200 y <600
Trópico alto lluvioso	11-12.5	≤18	≥600 y <2,000
Trópico alto con exceso de lluvia	11-12.5	≤18	≥2,000
Trópico no ecuatorial/subtrópico bajo muy seco	12.5-13.4	≥24	<200
Trópico no ecuatorial/subtrópico bajo húmedo	12.5-13.4	≥24	≥200 y <600
Trópico no ecuatorial/subtrópico bajo lluvioso	12.5-13.4	≥24	≥600 y <2,000
Trópico no ecuatorial/subtrópico bajo con exceso de lluvia	12.5-13.4	≥24	≥2,000
Trópico no ecuatorial/subtrópico de media altitud muy seco	12.5-13.4	>18 y <24	<200
Trópico no ecuatorial/subtrópico de media altitud húmedo	12.5-13.4	>18 y <24	≥200 y <600

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Trópico no ecuatorial/subtrópico de media altitud lluvioso	12.5-13.4	>18 y <24	≥600 y <2,000
Trópico no ecuatorial/subtrópico de media altitud con exceso de lluvia	12.5-13.4	>18 y <24	≥2,000
Trópico no ecuatorial/subtrópico alto muy seco	12.5-13.4	≤18	<200
Trópico no ecuatorial/subtrópico alto húmedo	12.5-13.4	≤18	≥200 y <600
Trópico no ecuatorial/subtrópico alto lluvioso	12.5-13.4	≤18	≥600 y <2,000
Trópico no ecuatorial/subtrópico alto con exceso de lluvia	12.5-13.4	≤18	≥2,000
Subtrópico de invierno caliente seco	≤11	≥24	<200
Subtrópico de invierno caliente húmedo	≤11	≥24	≥200 y <600
Subtrópico de invierno caliente lluvioso	≤11	≥24	≥600 y <2,000
Subtrópico de invierno caliente con exceso de lluvia	≤11	≥24	≥2,000
Subtrópico de invierno templado seco	≤11	>18 y <24	<200
Subtrópico de invierno templado húmedo	≤11	>18 y <24	≥200 y <600
Subtrópico de invierno templado lluvioso	≤11	>18 y <24	≥600 y <2,000
Subtrópico de invierno templado con exceso de lluvia	≤11	>18 y <24	≥2,000
Subtrópico de invierno frío seco	≤11	≤18	<200
Subtrópico de invierno frío húmedo	≤11	≤18	≥200 y <600
Subtrópico de invierno frío lluvioso	≤11	≤18	≥600 y <2,000
Subtrópico de invierno frío con exceso de lluvia	≤11	≤18	≥2,000
Templado muy seco/subtrópico seco bajo	≥13.4	≥24	<200
Templado/subtrópico caliente húmedo	≥13.4	≥24	≥200 y <600
Templado/subtrópico caliente lluvioso	≥13.4	≥24	≥600 y <2,000
Templado/subtrópico caliente con exceso de lluvia	≥13.4	≥24	≥2,000
Templado muy seco/subtrópico templado seco	≥13.4	>18 y <24	<200
Templado/subtrópico templado húmedo	≥13.4	>18 y <24	≥200 y <600

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Templado/subtrópico templado lluvioso	≥13.4	>18 y <24	≥600 y <2,000
Templado/subtrópico templado con exceso de lluvia	≥13.4	>18 y <24	≥2,000
Templado muy seco/subtrópico frío seco	≥13.4	≤18	<200
Templado/subtrópico frío húmedo	≥13.4	≤18	≥200 y <600
Templado/subtrópico frío lluvioso	≥13.4	≤18	≥600 y <2,000
Templado/subtrópico frío con exceso de lluvia	≥13.4	≤18	≥2,000

En los trópicos los suelos de Oxisoles, Ultisoles, Alfisoles e Inceptisoles son los mejores para la producción de maíz, sin embargo el cultivo se adapta muy bien a un amplia variedad de suelos en los trópicos, desde arenas hasta arcillas pesadas (OECD, 2003).

- **Efectos de la sequía**

A nivel mundial la disminución en rendimiento promedio debido a sequía es alta, particularmente en los trópicos. La lluvia es un factor limitante en la producción comercial de maíz y en muchos casos la irrigación es necesaria. El maíz es particularmente susceptible al estrés hídrico al momento de la floración, momento en el que se establece el rendimiento final, especialmente en aquellos casos en los que la floración coincide con niveles de evotransporación elevados (verano y canícula). El estrés hídrico en estos momentos puede llegar a reducir el rendimiento en grano entre un 6-8% por cada día bajo estrés (OGTR, 2008).

- **Efectos de inundaciones (anegación)**

En zonas importantes de siembra en Asia y América, se presentan pérdidas significativas debido a la inundación de los sembradíos. Las plantas que se desarrollan por períodos prolongados en suelos anegados, presentan cierre de los estomas, reducción de crecimiento foliar, clorosis, reducción de crecimiento radicular, mortalidad radicular y finalmente la muerte de la planta. El daño a las raíces se debe principalmente a la intoxicación debida a la acumulación de compuestos como el ácido láctico, productos de la respiración anaeróbica. Los cultivares tropicales y sub-tropicales son más susceptibles al anegamiento cuando se encuentran en etapas vegetativas tempranas previas al desarrollo de la espiga (OGTR, 2008).

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

e) Descripción taxonómica del organismo receptor y donador de la construcción genética OGM

- **Descripción taxonómica del organismo receptor:**

Esta información ya se describió anteriormente (ver sección *b) Especies relacionadas con el OGM y distribución de éstas en México*), sin embargo para beneficio del lector, se presenta de nuevo:

Reino: *Plantae*

División: *Magnoliophyta*

Clase: *Liliopsida* Scop.

Subclase: *Commelinidae* Takht.

Orden: *Poales* Small

Familia: *Poaceae* Barnhart

Género *Zea*

Sección *ZEA*

***Poaceae Zea mays* L. Sp. Pl. 2: 971-972 1753**

***Poaceae Zea mays* subsp. *mays* L**. (maíz) Se han descrito de acuerdo a varios autores entre 42 y 59 variedades nativas de maíz (también denominadas razas) en México.

A continuación se enlistan las razas enlistadas por CONABIO (2006) y Turrent A., *et al.*, (2004): Ancho, Apachito, Arrocillo, Arrocillo Amarillo, Arrocillo, Azul, Blandito, Blando de Sonora, Bofo, Bolita, Cacahuacintle, Carmen, Celaya, Chalqueño, Chapalote, Chiquito, Clavillo, Comiteco, Complejo Chihuahua Blanco, Complejo Serrano Jalisco, Conejo, Cónico, Cónico Norteño, Coscomatepec, Cristalino Chihuahua, Cubano Amarillo, Dulce de Jalisco, Dulcillo Noroeste, Dzit-Bacal, Elotes Cónicos, Elotes Occidentales, Elotero de Sinaloa, Fasciado, Gordo, Harinoso, Harinoso de Ocho, Jala, Lady Finger, Maíz Dulce, Maizón, Mixteco, Motozinteco, Mushito, Nal-Tel, Nal-Tel de Altura, Negro Mixteco, Negro de Tierra Fría, Olotillo, Olotón, Olotón Imbricado, Onaveño, Palomero de Chihuahua, Palomero Toluqueño, Pepitilla, Ratón, Reventador, San Juan, Serrano Mixe, Serrano de Oaxaca, Tablilla, Tablilla de Ocho, Tabloncillo, Tabloncillo Perla, Tehua, Tepecintle, Tunicata, Tuxpeño Norteño, Tuxpeño, Vandeño, Xmejenal, Zamorano Amarillo, Zapalote Chico, Zapalote Grande.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Poaceae Zea mays* subsp. *mexicana (Schrad.) H.H. Iltis Phytologia 23(2): 249 1972 (Teocintles anuales)

raza Nobogame

raza Mesa Central

raza Durango

raza Chalco

Poaceae Zea mays* subsp. *parviglumis H.H. Iltis & Doebley Amer. J. Bot. 67: 1001 1980 (Teocintle raza Balsas)

Poaceae Zea mays* subsp. *huehuetenangensis (H.H. Iltis & Doebley) Doebley Maydica 35: 148 1990 (Teocintle raza Huehuetenango)

Sección *LUXURIANTES* (Doebley & H.H. Iltis Amer. J. Bot. 67(10): 986 1980):

Poaceae Zea diploperennis H.H. Iltis, Doebley & R. Guzmán Science 203: 186 1979 (Teocintle perene)

Poaceae Zea luxurians (Durieu & Asch.) R.M. Bird Taxon 27(4): 363 1978 (antes denominado teocintle raza Guatemala)

Poaceae Zea nicaraguensis H.H. Iltis & B.F. Benz Novon 10(4): 382-389, f. 1-2 2000

Poaceae Zea perennis (Hitchc.) Reeves & Mangelsd. Amer. J. Bot. 29(10): 817 1942 (Teocintle perene).

Los parientes silvestres más cercanos del género *Zea*, son las especies del género *Tripsacum*, comprendido por dos secciones: *FASCICULATA* y *TRIPSACUM (*OCDE, 2003). A continuación se enlistan las especies del género (Trópicos, 2009):

Reino: *Plantae*

División: *Magnoliophyta*

Clase: *Liliopsida* Scop.

Subclase: *Commelinidae* Takht.

Orden: *Poales* Small

Familia: *Poaceae* Barnhart

Género: *Tripsacum* L.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Poaceae Tripsacum andersonii J.R. Gray Phytologia 33(3): 204, f. 1 1976

Poaceae Tripsacum australe H.C. Cutler & E.S. Anderson Ann. Missouri Bot. Gard. 28(4): 259, f. 2 1941

Poaceae Tripsacum bravum J.R. Gray Phytologia 33(3): 206, f. 3 1976

Poaceae Tripsacum cundinamarcae de Wet & Timothy Amer. J. Bot. 68(2): 274, f. 6 1981

Poaceae Tripsacum dactyloides (L.) L. Syst. Nat. (ed. 10) 1261 1759

Poaceae Tripsacum floridanum Porter ex Vasey Contr. U.S. Natl. Herb. 3(1): 6 1892

Poaceae Tripsacum intermedium de Wet & J.R. Harlan Amer. J. Bot. 69(8): 1255 1982

Poaceae Tripsacum jalapense de Wet & Brink Amer. J. Bot. 70(8): 1141, f. 3 1983

Poaceae Tripsacum lanceolatum Rupr. ex E. Fourn. Mexic. Pl. 2: 68 1886

Poaceae Tripsacum latifolium Hitchc. Bot. Gaz. 41(4): 294-295 1906

Poaceae Tripsacum laxum Nash N. Amer. Fl. 17: 81 1909

Poaceae Tripsacum maizar Hern.-Xol. & Randolph Folleto Técn. Of. Estud. Espec. México 4: 7 1950

Poaceae Tripsacum manisuroides de Wet & J.R. Harlan Amer. J. Bot. 69(8): 1255 1982

Poaceae Tripsacum peruvianum de Wet & Timothy Amer. J. Bot. 68(2): 275, f. 7, 8 1981

Poaceae Tripsacum pilosum Scribn. & Merr. Bull. Div. Agrostol., U.S.D.A. 24: 6, f. 1 1901

Poaceae Tripsacum zopilotense Hern.-Xol. & Randolph Folleto Técn. Of. Estud. Espec. México 4: 22

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

A continuación se presenta el árbol filogenético del maíz y sus parientes silvestres:

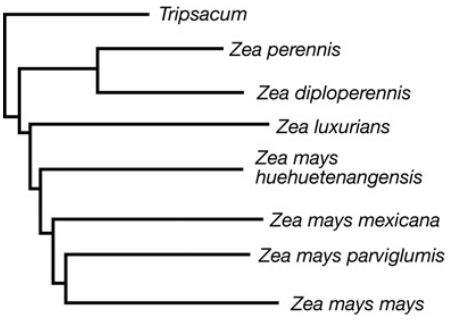


Figura 12: Filogenia del género *Zea*, mostrando a todas las especies de *Tripsacum* en un solo grupo. Figura tomada de Vollbrecht E., *et al,* 2005.

- **Descripción taxonómica de los organismos donadores del evento SYN-BT-Ø11-1**

Para el desarrollo del OGM SYN-BT-Ø11-1, se emplearon genes de diversas especies, se enlistan a continuación de acuerdo a la importancia de elemento genético a fin de obtener el fenotipo esperado.

- **Organismo donador del gen Cry1Ab**:

Dominio: *Eubacteria*

Phylum: *Firmicutes*

Clase: *Bacilli*

Orden: *Bacillales*

Familia: *Bacillaceae*

Género: *Bacillus*

Especie: *thuringiensis* (*Bacillus thuringiensis* Berliner 1915)[6]

Subespecie (o serovariedad): *Bacillus thuringiensis* serovar *kurstaki*

Cepa: HD-1[7]

Usos de *Bacillus thuringiensis* (OCDE, 2007)

[6] Revisión de la taxonomía: http://www.bergeys.org/outlines/bergeysoutline_5_2004.pdf

[7] Visitar: http://www.uniprot.org/taxonomy/29339

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Bacillus thuringiensis es una bacteria común capaz de sobrevivir en el ambiente por períodos largos de tiempo debido a que produce endoesporas altamente resistentes a condiciones ambientales adversas. Una vez que las esporas se encuentran en el suelo, pierden su capacidad de germinar a células vegetativas, a menos de que se encuentren en medios enriquecidos en los nutrientes necesarios, como por ejemplo suelos muy ricos o los que se encuentren disponibles en el interior de los organismos que ingieren las esporas. Se ha observado que las esporas de algunas serovariedades de *B. thuringiensis* pueden persistir en el campo con una no significativa reducción en su número durante siete años.

Todos los miembros del género *Bacillus* son de forma alargada (bastones), células Gram positivas que producen una única endoespora por célula. Las células poseen flagelos alrededor de ella y son aeróbicos o anaeróbicos facultativos. La esporulación no es reprimida por la exposición al aire. Las especies *B. thuringiensis* se caracterizan por la formación de uno o más cristales paraesporales de proteínas, paralelos a la espora.

Los cristales paraesporales consisten principalmente en las δ-endotoxinas insecticidas, algunas proteínas dan estructura de andamiaje y las toxinas Cyt. Las δ-endotoxinas en los cristales se encuentran usualmente como protoxinas inactivas, que son convertidas por acción enzimática dentro del ambiente digestivo del intestino del insecto. Estas toxinas Cry junto con otras producidas por los aislados bacterianos de *B. thuringiensis* son las responsables de la actividad insecticida de los productos comercializados para contender contra plagas de lepidópteros, dípteros y coleópteros.

Los aislados de *B. thuringiensis* han sido usados para el control de insectos durante décadas.

La primera descripción de una bacteria de *Bacillus thuri*ngiensis fue en 1901 por el microbiólogo japonés S.Ishiwata, que la aisló de una larva de gusanos de seda enfermos, Ishiwata lo nombró como bacilos Sottokin. Una década después el microbiólogo alemán E. Berliner, aisló un microorganismo similar de una población granero de larvas Ephestia kuehniella en Thuringia Alemania. Berliner nombró a la bacteria *Bacillus thuringiensis* y dado que Ishiwata no describió formalmente al organismo, el crédito nomenclatural se le atribuye a Berliner. El primer producto comercial a base de *B. thuringiensis* fue producido en Francia en 1938. Un aislado fue registrado por primera vez para uso insecticida en Estados Unidos en 1961. Las preparaciones microbianas de varios aislados de *B. thuringiensis* son usados en una amplia variedad de granos, forrajes, frutas, vegetales, tubérculos, cultivos para fibras y tabaco. Adicionalmente se usan para el control de plagas forestales, particularmente especies de palomillas gitanas y lagartas, (Lymantria dispar L.) y Euproctis pseudoconspersa (Strand) (Lepidoptera: Lymantriidae), así como para el control de mosquitos y moscas negras.

Cuando se aplican las toxinas de *B. thuringiensis* como insecticida microbiano, las toxinas tienen un período relativamente corto de persistencia entre 1 - 4 días, debido a la degradación por la exposición a la luz UV, sin embargo estudios llevados a cabo en bosques asperjados con Bt, mostraron toxicidad hacia lepidópteros por al menos 30 días después de la aspersión.

Las esporas de *B. thuringiensis* persisten en el ambiente por períodos prolongados de tiempo y han sido aislados de una amplia muestra de suelos alrededor del mundo.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Típicamente *B. thuringiensis* no se encuentra de forma natural en números elevados, excepto en suelos previamente tratados. Sin embargo números significativos de varias cepas de *B. thuringiensis* se han encontrado en varios y diferentes tipos de suelos en Dinamarca, incluyendo áreas en las que productos comerciales no han sido usados. En Estados Unidos se encontró en 17% de los suelos muestreados en 12 estados y se reportó que se encontró en una amplia variedad de suelos: cultivados, rocosos e incluso en suelos de bosques "vírgenes".

Las células de *B.thuringiensis* pueden mantener su presencia en el ambiente a través de la germinación y replicación en altos números en hospederos adecuados que no son dañados por su presencia. Se ha demostrado que muchos animales excretan B. thuringiensis en sus heces, entre los que se incluyen; ratas de campo, venados, algunos mamíferos silvestres, roedores y mamíferos insectívoros. Estos mamíferos incluso pueden incluir a los humanos que dado que se ha encontrado que B. thuringiensis es parte común de la flora microbiana en los lodos de las plantas de tratamiento de aguas residuales. El mismo proceso fue observado en invertebrados habitantes del suelo, demostrando que B.thuringiensis germinó en tres especies de gusanos de tierra y un tipo de larvas de moscas grúas sin que les haya dañado.

El gen cry1Ab presente en la línea SYN-BT-Ø11-1 de maíz es una versión modificada del gen originalmente aislado de *B. thuringiensis ssp. kurstaki* (Btk). Cuando ciertos lepidópteros ingieren dichos cristales, estos se solubilizan bajo las condiciones de alcalinidad del tracto digestivo del insecto, las proteínas resultantes son activadas por medio de la acciones de las proteasas presentes en el tracto digestivo del insecto, con un resultado tóxico para el insecto. Esta es la razón por la cual se les denomina endotoxinas. Dichos fragmentos dañan específicamente las células del epitelio intestinal alterando el equilibrio osmótico de la larva. Las células se dilatan y lisan, provocando la muerte de la larva (Höfte y Whiteley, 1989).

Diversas formulaciones de *B. thuringiensis* se han venido utilizando durante más de tres décadas como pesticidas biológicos. Diferentes variedades del microorganismo han mostrado especificidad para lepidópteros, dípteros y/o coleópteros. La proteína que viene codificada por el gen Btk HD-1 es específica para lepidópteros.

Sin embargo se debe mencionar que la serovariedad *kurstaki* se encuentra de forma natural en México y se reporta como cepa entomopatógena natural, encontrándose también depositada una cepa de la serovariedad *kurstaki* en la Colección Nacional de Cepas Microbianas y Cultivos Celulares del CINVESTAV-IPN (CINVESTAV, IPN) [8]

- **Organismo donador del gen *pat*:**

Dominio: *Bacteria*

Phyllum: *Actinobacteria*

[8] Visitar: http://www.conabio.gob.mx/remib/cgi-bin/remib_checklist.cgi?nombres=137;lengua=EN y http://www.conabio.gob.mx/remib/cgi-bin/remib_checklist.cgi?nombres=135;lengua=EN

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Orden: *Actinomycetales*

Suborden: *Streptomycineae*

Familia: *Streptomycetaceae*

Género: *Streptomyces*

Especie: S. *viridochromogenes* (*Streptomyces viridochromogenes* (Krainsky 1914) Waksman and Henrici 1948)[9]

Cepa: Tu494

La bacterias del género *Streptomyces* son el género más grande de las Actinobacteria son bacterias Gram positivas, formadoras de esporas con genomas de alto porcentaje de G-C. Se encuentran naturalmente en el suelo y en vegetación en descomposición, produce esporas y es responsable de un olor "terregoso" producido por metabolitos secundarios volátiles.

Este microorganismo se caracteriza por la producción del enzima fosfinotricin-acetil-transferasa. La producción del enzima le permite autoprotegerse del tripéptido natural, fosfinotricil-alanil-alanina (bialafos), también producido por el mismo microorganismo. La L-Fosfinotricina (Ptt) es el componente herbicida de este tripéptido natural (Wehrmann *et al*., 1996). El gen que codifica dicha enzima ha recibido la denominación de gen *pat*.

Se ha conseguido sintetizar un análogo del Ptt que se comercializa como el herbicida glufosinato de amonio, cuyo nombre comercial es Basta (en Europa) y Finale (en los Estados Unidos). Este producto inhibe la actividad enzimática de la glutamina-sintetasa de las plantas, conduciendo a la acumulación de amoníaco en los tejidos de la misma y finalmente, cuyos resultados son letales.

La expresión del gen *pat*, modificado tal como se ha descrito anteriormente para su uso en el maíz, protege al maíz del herbicida glufosinato de amonio. La enzima que codifica dicho gen cataliza la acetilación de la fosfinotricina, lo que impide que el herbicida inhiba a la enzima glutamina-sintetasa. Por consiguiente, la aplicación del producto Basta permite la selección de plantas individuales que expresan el gen *pat* y que, por tanto, también portan el gen *Btk* situado en el mismo fragmento de ADN. Una vez que el gen de la enzima Pat queda establecido como carácter homocigótico en el maíz, la utilización del producto Basta como herramienta selectiva deja de ser necesaria.

- **Organismo donador del promotor CaMV35S:**

Grupo: VII Virus de ADN de doble cadena y con capacidad de retrotranscripción (dsDNA-RT)

[9] Para revisión de la Taxonomía Visitar: http://www.bergeys.org/outlines/bergeysoutline_5_2004.pdf y http://www.uniprot.org/taxonomy/1938 y para características microbiológicas de la cepa visitar. http://www.dsmz.de/microorganisms/wink_pdf/DSM40110.pdf

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Familia: *Caulimoviridae*

Género: *Caulimovirus*

Especie: Virus del mosaico de la Coliflor.

Los Caulimoviruses poseen partículas isométricas de aproximadamente 45-50 nm de diámetro y que sedimentan a una velocidad de 215-245 S. Las partículas contienen una única molécula de ADN de doble cadena (dsDNA) de un tamaño (7.8-8.0 kbp) y que equivale al 17% del total del peso de la partícula viral. Los Caulimoviruses son trasmitidos de forma natural por áfidos y se inoculan vía la savia de la planta, el rango de huéspedes es relativamente restringido.[10]

- **Organismo donador del terminador nos:**

Dominio: *Bacteria*

Phylum: *Proteobacteria*

Clase: *Alpha Proteobacteria*

Orden: *Rhizobiales*

Familia: *Rhizobiaceae*

Género: *Agrobacterium*

Especie: *A. tumefaciens* (*Agrobacterium tumefaciens* Smith & Townsend, 1907)

La bacteria *Agrobacterium tumefaciens* es el agente causal natural de la enfermedad de la agalla de la corona (formación de tumores) en aproximadamente 140 plantas dicotiledóneas. Es un bacilo Gram negativo que se encuentra presente de forma cotidiana en el suelo. Los síntomas que produce en la plantas son causados por la inserción de una pequeña porción de ADN (t-DNA o ADN de transferencia) en las células de la planta, que es incorporada por ésta en el genoma en forma semi-aleatoria.

A. tumefaciens pertenece a la familia *Rhizobiaceae*, en la que se incluyen bacterias fijadoras de nitrógeno simbiontes de algunas leguminosas.

- **Descripción taxonómica de los organismos donadores del evento SYN-IR162-4**

Para el desarrollo del OGM SYN-IR162-4, se emplearon genes de diversas especies, se enlistan a continuación de acuerdo a la importancia de elemento genético a fin de obtener el fenotipo esperado.

- **Organismo donador del gen *vip3Aa20***

Dominio: *Eubacteria*

[10] Visitar: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ICTVdb/Ictv/index.htm

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Phylum: *Firmicutes*

Clase: *Bacilli*

Orden: *Bacillales*

Familia: *Bacillaceae*

Género: *Bacillus*

Especie: *thuringiensis* (*Bacillus thuringiensis* Berliner 1915)[11]

Cepa: AB88

Usos de *Bacillus thuringiensis* (OCDE, 2007)

Por favor referirse al apartado anterior sobre *Bacillus thuringiensis* y/o al documento que se encuentra en la siguiente liga:
http://www.olis.oecd.org/olis/2007doc.nsf/LinkTo/NT00002DF6/$FILE/JT03230592.PDF

- **Organismo donador del gen *pmi*:**

Dominio: *Bacteria*

Phyllum: *Proteobacteria*

Orden: *Gammaproteobacteria*

Suborden: *Enterobacteriales*

Familia: *Enterobacteriaceae*

Género: *Escherichia*

Especie: *E. coli*

Cepa: K12

Las cepas de *Escherichia coli* se han utilizado durante los últimos 60 años en el estudio de la fisiología y genética bacteriana. La cepa K12 de tipo silvestre se utilizó históricamente en los primeros estudios sobre conjugación y recombinación (Swartz, 1996). La utilización y el estudio de la cepa K12 siguieron predominando debido a su utilización en el estudio de recombinación, generación y mapeo mediante la conjugación de un gran número de mutantes en rutas metabólicas, que contribuyeron a los estudios de genética y fisiología bacteriana. En un estudio de cepas de *E. coli* que incluía representantes de la cepa K12, la amplificación de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) demostró la ausencia de genes de virulencia definida presentes en aislados patógenos de este género (Kuhnert et al., 1997). Los autores concluyeron que las cepas K12 comúnmente utilizadas

[11] Revisión de la taxonomía: http://www.bergeys.org/outlines/bergeysoutline_5_2004.pdf

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

en el laboratorio están desprovistas de factores virulentos y deben ser consideradas no patógenas. De forma similar, en un estudio más directo del potencial patógeno de las cepas K12 llevado a cabo en un modelo de ratón BALB/c e intestino de polluelo, se llegó a la conclusión de que las cepas K12 no poseen mecanismos patógenos reconocidos y deben ser consideradas no patógenas (Chart et al., 2000). De acuerdo con estos estudios y con el hecho de que la cepa K12 de *E. coli* ha sido ampliamente utilizada en investigaciones y en muchos laboratorios durante décadas sin que hubiera causado daños, la cepa K12 de *E. coli* se reconoce en general como segura.

- **Organismo donador de los genes *ZmUbiInt* e *iPEPC9*[12]**:

El organismo donante y el organismo receptor son la misma especie vegetal: *Zea mays* subsp. *mays* L. No se conoce ninguna patogenicidad. Puede decirse que el maíz tiene milenios de consumo humano en la prehistoria y más de 500 años de historia documentada de consumo, sin riesgos para la salud, en el mundo.

Literalmente, miles de productos alimentarios, para pienso e industriales dependen de ingredientes basados en el maíz. El maíz y los productos procesados del maíz no plantean un riesgo para la salud humana, para los animales domésticos o para las especies salvajes. El maíz es uno de los más importantes cereales alimenticios producidos en el mundo. Los seis más importantes países productores de maíz son: Estados Unidos (37,5% de la producción mundial), China Continental (21,6%), Brasil (6,4%), México (3,3%), Francia (2,5%) y Argentina (2,2%).

Históricamente, el grano de maíz se utilizó por los pueblos indígenas del Hemisferio Occidental. Los alimentos tradicionales incluyen el atole, las tortillas y la masa (una gran diversidad de platillos derivados) de América Latina, la arepa de Colombia y la sémola de maíz del Sudeste de Estados Unidos. En el siglo XIX, la harina de maíz molido completa fue proporcionada por pequeños molinos dispersos a través de todo el país. La urbanización llevó al desarrollo de sistemas de molienda que proporcionaban una harina de bajo contenido en grasas con una vida prolongada en almacén. Hoy en día, la mayor parte de los productos de harina de maíz se obtienen por el sector de la molienda en seco, que genera también productos alimentarios e industriales.

La alta productividad del maíz, su excelente sabor, su alto contenido en energía y su alto contenido nutricional le hacen ser el grano preferido para los animales. La alta concentración de almidón en el maíz también le hace la fuente preferida de energía.

El maíz se utiliza tanto ensilado como en grano.

En la UE, un 72% del grano de maíz se utiliza como pienso y un 8% para productos alimentarios. Asimismo, un 20% de la cosecha se emplea para producción de almidón. El almidón se utiliza en un 53% para productos alimentarios y en un 47% para productos no alimentarios, tales como papel, plásticos, cosméticos, entre otros.

Muchos de los procesos implicados en la producción de estos piensos y subproductos del maíz reducen significativamente el contenido total en proteínas por debajo del nivel del

[12]Visitar: http://www.tropicos.org/Name/25510055

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

10% encontrado en el grano o en gran medida elimina, degradan o desnaturalizan las proteínas constituyentes debido a extremos de temperatura y presión.

Productos alimentarios del maíz

El maíz se utiliza como elemento de alimentación básico por personas de todo el mundo, sobre todo en áreas de agricultura de subsistencia. En muchas áreas se realiza la molienda a mano tradicional o la molienda de piedras a pequeña escala. La harina de maíz obtenida se suele utilizar por las poblaciones locales y se emplea para preparar tortillas, panes, bocadillos y productos fermentados. Estos alimentos tradicionales se preparan mezclando el maíz con sorgo o mijo, así como con leguminosas diversas, dependiendo de su disponibilidad.

El maíz ha sido el cereal tradicional para la preparación de tortillas en México y América Central. Básicamente, una mezcla de maíz para alimentos amarillo y blanco se cocina en agua de cal durante un pequeño período de tiempo, se lava varias veces y se muele en un molino de piedra hasta obtener un producto denominado masa. La masa puede moldearse en tortillas, que se cocinan sobre una plancha caliente. Posteriormente, la masa puede enrollarse de varias formas y freírse a fondo o extruírse bajo condiciones de alta presión y calor en trozos de maíz o de tortilla de varias formas, tamaños y sabores.

Muchos productos alimentarios de maíz se obtienen a partir de variedades especiales de maíz para alimentos, tales como el maíz amarillo y blanco con sus endospermos duros y redondos; el maíz dulce con altos niveles de azúcares solubles y niveles reducidos de almidón en sus endospermos y el maíz palomero con endospermo pequeño, redondo y duro. El maíz semiblando destinado preferiblemente para piensos de animales y la molienda húmeda del maíz no suelen utilizarse para preparación de alimentos. El almidón es un producto primario del maíz. El almidón del maíz producido mediante la molienda húmeda está esencialmente libre de proteínas. Literalmente, miles de alimentos se obtienen utilizando almidones de maíz nativo y modificado y edulcorantes de maíz.

- **Organismo donador del terminador CaMV35S:**

Grupo: VII Virus de ADN de doble cadena y con capacidad de retrotranscripción (dsDNA-RT)

Familia: *Caulimoviridae*

Género: *Caulimovirus*

Especie: Virus del mosaico de la Coliflor.

Los Caulimoviruses poseen partículas isométricas de aproximadamente 45-50 nm de diámetro y que sedimentan a una velocidad de 215-245 S. Las partículas contienen una única molécula de ADN de doble cadena (dsDNA) de un tamaño (7.8-8.0 kbp) y que equivale al 17% del total del peso de la partícula viral. Los Caulimoviruses son

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

trasmitidos de forma natural por áfidos y se inoculan vía la savia de la planta, el rango de huéspedes es relativamente restringido.[13]

- **Organismo donador del terminador nos:**

Dominio: *Bacteria*

Phylum: *Proteobacteria*

Clase: *Alpha Proteobacteria*

Orden: *Rhizobiales*

Familia: *Rhizobiaceae*

Género: *Agrobacterium*

Especie: *A. tumefaciens* (*Agrobacterium tumefaciens* Smith & Townsend, 1907)

La bacteria *Agrobacterium tumefaciens* es el agente causal natural de la enfermedad de la agalla de la corona (formación de tumores) en aproximadamente 140 plantas dicotiledóneas. Es un bacilo Gram negativo que se encuentra presente de forma cotidiana en el suelo. Los síntomas que produce en la plantas son causados por la inserción de una pequeña porción de ADN (t-DNA o ADN de transferencia) en las células de la planta, que es incorporada por ésta en el genoma en forma semi-aleatoria.

A. tumefaciens pertenece a la familia *Rhizobiaceae*, en la que se incluyen bacterias fijadoras de nitrógeno simbiontes de algunas leguminosas.

- **Descripción taxonómica de los organismos donadores del evento MON-ØØØ21-9**

Para el desarrollo del OGM MON-ØØØ21-9 , se emplearon genes de diversas especies, se enlistan a continuación de acuerdo a la importancia de elemento genético a fin de obtener el fenotipo esperado.

- **Organismo donador del gen *m-epsps***:

El organismo donante y el organismo receptor son la misma especie vegetal: *Zea mays* subsp. *mays* L. No se conoce ninguna patogenicidad. Puede decirse que el maíz tiene milenios de consumo humano en la prehistoria y más de 500 años de historia documentada de consumo, sin riesgos para la salud, en el mundo.

- **Usos de Organismo donador del gen:**

Literalmente, miles de productos alimentarios, para pienso e industriales dependen de ingredientes basados en el maíz. El maíz y los productos procesados del maíz no plantean un riesgo para la salud humana, para los animales domésticos o para las especies salvajes.

[13] Visitar: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ICTVdb/Ictv/index.htm

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

El maíz es uno de los más importantes cereales alimenticios producidos en el mundo. Los seis más importantes países productores de maíz son: Estados Unidos (37,5% de la producción mundial), China Continental (21,6%), Brasil (6,4%), México (3,3%), Francia (2,5%) y Argentina (2,2%).

Históricamente, el grano de maíz se utilizó por los pueblos indígenas del Hemisferio Occidental. Los alimentos tradicionales incluyen el atole, las tortillas y la masa (una gran diversidad de platillos derivados) de América Latina, la arepa de Colombia y la sémola de maíz del Sudeste de Estados Unidos. En el siglo XIX, la harina de maíz molido completa fue proporcionada por pequeños molinos dispersos a través de todo el país. La urbanización llevó al desarrollo de sistemas de molienda que proporcionaban una harina de bajo contenido en grasas con una vida prolongada en almacén. Hoy en día, la mayor parte de los productos de harina de maíz se obtienen por el sector de la molienda en seco, que genera también productos alimentarios e industriales.

La alta productividad del maíz, su excelente sabor, su alto contenido en energía y su alto contenido nutricional le hacen ser el grano preferido para los animales. La alta concentración de almidón en el maíz también le hace la fuente preferida de energía.

El maíz se utiliza tanto ensilado como en grano.

En la UE, un 72% del grano de maíz se utiliza como pienso y un 8% para productos alimentarios. Asimismo, un 20% de la cosecha se emplea para producción de almidón. El almidón se utiliza en un 53% para productos alimentarios y en un 47% para productos no alimentarios, tales como papel, plásticos, cosméticos, entre otros.

Muchos de los procesos implicados en la producción de estos piensos y subproductos del maíz reducen significativamente el contenido total en proteínas por debajo del nivel del 10% encontrado en el grano o en gran medida elimina, degradan o desnaturalizan las proteínas constituyentes debido a extremos de temperatura y presión.

Productos alimentarios del maíz

El maíz se utiliza como elemento de alimentación básico por personas de todo el mundo, sobre todo en áreas de agricultura de subsistencia. En muchas áreas se realiza la molienda a mano tradicional o la molienda de piedras a pequeña escala. La harina de maíz obtenida se suele utilizar por las poblaciones locales y se emplea para preparar tortillas, panes, bocadillos y productos fermentados. Estos alimentos tradicionales se preparan mezclando el maíz con sorgo o mijo, así como con leguminosas diversas, dependiendo de su disponibilidad.

El maíz ha sido el cereal tradicional para la preparación de tortillas en México y América Central. Básicamente, una mezcla de maíz para alimentos amarillo y blanco se cocina en agua de cal durante un pequeño período de tiempo, se lava varias veces y se muele en un molino de piedra hasta obtener un producto denominado masa. La masa puede moldearse en tortillas, que se cocinan sobre una plancha caliente. Posteriormente, la masa puede enrollarse de varias formas y freírse a fondo o extruírse bajo condiciones de alta presión y calor en trozos de maíz o de tortilla de varias formas, tamaños y sabores.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Muchos productos alimentarios de maíz se obtienen a partir de variedades especiales de maíz para alimentos, tales como el maíz amarillo y blanco con sus endospermos duros y redondos; el maíz dulce con altos niveles de azúcares solubles y niveles reducidos de almidón en sus endospermos y el maíz palomero con endospermo pequeño, redondo y duro. El maíz semiblando destinado preferiblemente para piensos de animales y la molienda húmeda del maíz no suelen utilizarse para preparación de alimentos. El almidón es un producto primario del maíz. El almidón del maíz producido mediante la molienda húmeda está esencialmente libre de proteínas. Literalmente, miles de alimentos se obtienen utilizando almidones de maíz nativo y modificado y edulcorantes de maíz.

- **Organismo donador del promotor de la actina**[14]

Reino: *Plantae*

División: *Magnoliophyta*

Clase: *Liliopsida* Scop.

Subclase: *Commelinidae* Takht.

Orden: *Poales* Small

Familia: *Poaceae* Barnhart

Subfamilia: *Ehrhartoideae* Link

Tribu: *Oryzeae* Dumort.

Subtribu: *Oryzinae* Griseb.

Género: *Oryz*a L**.**

Especie: *Oryza sativa* L. 1753

Nombre común: arroz

- **Usos de Organismo donador del promotor de la actina:**

El arroz es un cultivo cuyo uso como alimento data de muchos siglos atrás, su origen se encuentra en Asia cuando los pobladores de los deltas de los ríos asiáticos domesticaron al arroz silvestre. La productividad de los cultivos de arroz de las tierras húmedas permitió el crecimiento de la población, lo que conllevó el desarrollo de la sociedad y de la civilización.

Durante siglos, el arroz ha marcado la cultura y los hábitos alimenticios. Gracias a su diversidad de variedades, el arroz ofrece una amplia gama de sabores, aunque sea simplemente hervido o al vapor. El arroz se combina tradicionalmente con pescado, carne o legumbres tales como alubias y lentejas, según la zona. Por ejemplo, la combinación de arroz y pescado en los países asiáticos ha generado el término asociaciones "arroz-pescado", mientras que el plato típico de Colombia es el "arroz con frijoles". El arroz y las legumbres (por ejemplo, alubias, lentejas y garbanzos) caracterizan las cocinas del mundo

[14] Visitar: http://www.tropicos.org/name/25509797

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

desde Cajun a México, de Oriente Medio al sur de Europa. Este plato básico sigue siendo el sustento principal en muchos países.
De procedencia asiática, el arroz (*Oryza sativa* L.) se cultiva actualmente en 113 países y en todos los continentes, salvo en la Antártida. Casi todas las culturas tienen su propio estilo de comer arroz y que estas diferentes recetas, de hecho, forman parte del patrimonio cultural mundial (FAO 2003).

- **Organismo donador del terminador nos:**

Dominio: *Bacteria*

Phylum: *Proteobacteria*

Clase: *Alpha Proteobacteria*

Orden: *Rhizobiales*

Familia: *Rhizobiaceae*

Género: *Agrobacterium*

Especie: *A. tumefaciens* (*Agrobacterium tumefaciens* Smith & Townsend, 1907)

La bacteria *Agrobacterium tumefaciens* es el agente causal natural de la enfermedad de la agalla de la corona (formación de tumores) en aproximadamente 140 plantas dicotiledóneas. Es un bacilo Gram negativo que se encuentra presente de forma cotidiana en el suelo. Los síntomas que produce en la plantas son causados por la inserción de una pequeña porción de ADN (t-DNA o ADN de transferencia) en las células de la planta, que es incorporada por ésta en el genoma en forma semi-aleatoria.

A. tumefaciens pertenece a la familia *Rhizobiaceae*, en la que se incluyen bacterias fijadoras de nitrógeno simbiontes de algunas leguminosas.

f) País y localidad donde el OGM fue colectado, desarrollado o producido OGM

El híbrido de maíz con la tecnología SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9 fue desarrollado mediante el cruzamiento entre los eventos BT11, MIR162 y GA21 por Syngenta Seeds, Inc. – Field Crops – en 7500 Olson Memorial Highway Golden Valley MN USA quien posee los derechos sobre el maíz SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9.

g) Referencia documental sobre origen y diversificación del organismo receptor OGM

- **Origen del maíz:**

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Los estudios de Vavilov sobre los centros de origen de los cultivos indican que la región de Mesoamérica (Centro Primario VII) es uno de los centros más importantes en los que se originaron diversos cultivos, entre ellos el maíz.

Por su parte Harlan en 1971, redefine a los centros y no centros de domesticación de cultivos, sin embargo a la zona de Mesoamérica la mantiene como un centro de origen de la agricultura.

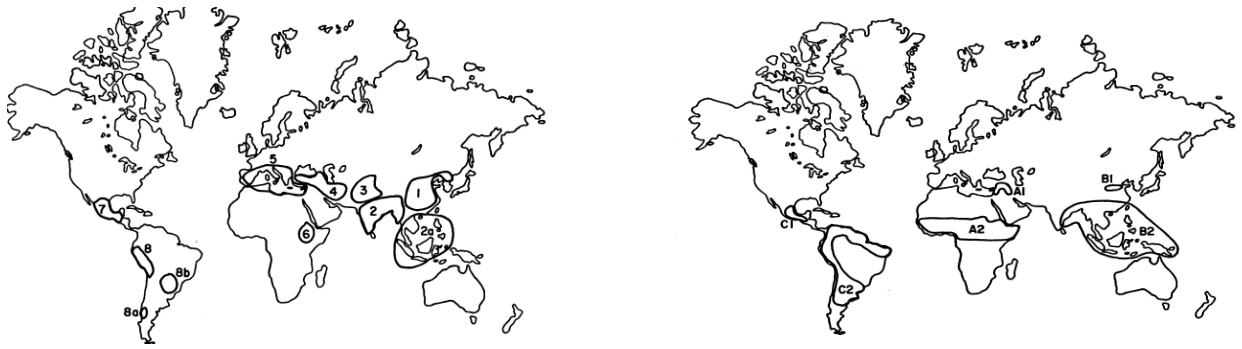


Figura 13: Mapa de los Centros de Origen de Vavilov y de los Centros de domesticación de cultivos (origen de la agricultura) de Harlan. Mesoamérica es identificada en ambos. Figuras tomadas de Harlan J.R. 1971.

Se ha especulado sobre el origen del maíz y a lo largo de la historia, se pueden reconocer cuatro teorías que han tratado de explicar el origen del cultivo (OECD, 2003).

- **Hipótesis de la descendencia a partir del Teocintle:** Esta teoría es la más antigua y propone que el maíz fue domesticado a partir del teocintle por selección humana. Esta teoría cuenta con mucha evidencia genética, molecular, arqueológica, antropológica y filogenética de soporte, por lo que actualmente es la que se mantiene vigente (Doebley J. 2004). Los estudios con marcadores microsatelitales e isoenzimas indican que el teocintle Balsas (Zea *mays* ssp. *parviglumis*) es el antecesor del maíz (Piperno *et al*, 2001) y que las poblaciones de los estados de Guerrero, Michoacán y México son las que filogenéticamente muestran más evidencia de haber sido las originarias del maíz (Matsuoka Y., *et al*, 2002), concordando esto con las evidencias arqueológicas más recientes (Piperno DR. *et al*., 2009)

- **Hipótesis tripartita**. La principal afirmación de esta hipótesis es que en el pasado existió un "maíz silvestre", extinto en el presente. Este maíz en teoría debió haber dado origen al maíz debido a cruzas con *Tripsacum*, y cruzas posteriores del teocintle con el "maíz silvestre". Dado que al momento no existe mayor evidencia, esta hipótesis ha perdido credibilidad con el tiempo.

- **Hipótesis del ancestro común.** Esta hipótesis propone que el maíz, el teocintle y Tripsacum fueron originados de un ancestro común vía evolución divergente, en consecuencia para que esta teoría funcione se debería encontrar al igual que en la hipótesis anterior un "maíz silvestre", con lo que esta postulación es inaceptable.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Hipótesis de la transmutación sexual catastrófica.** En esta hipótesis se propone que la mazorca del maíz evolucionó de la inflorescencia lateral masculina terminal del teocintle debido a una transmutación sexual epigenética en la que se involucró una condensación primaria de las ramas del teocintle. Sin embargo evidencias genéticas sobre los caracteres que mantienen separados al maíz del teocintle, hacen que esta teoría sea insostenible.

- **Diversificación del maíz:**

Como ya se mencionó en el apartado anterior el maíz fue domesticado alrededor de 9000 años atrás en el México mesoamericano a partir del teocintle (*Zea mays* ssp. *parviglumis*) (Doebley J, 2004). La evidencia molecular ha sugerido un evento único de domesticación que redujo la diversidad presente en maíz comparada al teocintle. Seguido de la domesticación, las mutaciones generaron nuevos alelos, mientras que, mediante recombinación se crearon nuevas combinaciones de alelos. Además gracias al flujo génico post-domesticación con teocintle, se incrementó, la base genética existente del maíz. La variación de las poblaciones de maíz domesticadas pudo haber sido reducidas o reestructuradas por deriva génica y selección, ambas natural y artificial llevadas a cabo por agricultores primitivos. Todos estos eventos resultaron en una gran cantidad de variedades nativas adaptadas a condiciones ambientales específicas así como usos deseados por el hombre (Vollbrecht E., *et al* 2005)

Durante la dispersión del cultivo de maíz, las diferentes variedades fueron adquiriendo características genéticas y morfológicas diferentes. Grupos de plantas que comparten características fueron clasificadas bajo el término de "razas", los miembros de una raza poseen similitudes no solo morfológicas, sino también fenotípicas, de distribución geográfica, genética, fisiológica citológica y agronómica (Vigouroux Y. *et al*., 2008).

Uno de los estudios clásicos de la diversidad del maíz en México fue el realizado por Wellhausen y colaboradores entre (1951 y 1957) (citados por Aragón F. *et al*, 2006) en los que reportaron el origen, las características y la distribución de las razas de maíz tomando en cuenta las siguientes características:

1. Distribución geográfica,

2. Caracteres vegetativos de la planta,

3. Caracteres de la espiga,

4. Caracteres de la mazorca y

5. Caracteres fisiológicos, genéticos y citológicos.

Propusieron cinco grupos raciales para las colectas de maíz de México, determinados en función de la evaluación y caracterización morfológica, y cultural:

- **Razas Indígenas Antiguas**

  Se cree que estas razas se originaron del ancestro del maíz, y difieren entre ellas por su desarrollo independiente en diferentes localidades y medios ecológicos.

  Las razas de este grupo: Arrocillo Amarillo, Chapalote, Palomero Toluqueño y Nal-Tel, tienen en común las siguientes características: Endospermo tipo maíz palomero, mazorcas pequeñas y son reventadoras.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Razas Exóticas-Precolombinas**

Estas razas fueron introducidas a México en épocas precolombinas de Centro y Sudamérica. Las razas de este grupo son: Cacahuacintle, Harinoso de Ocho, Olotón y Maíz Dulce. Se caracterizan por tener granos largos, grano harinoso de color blanco y suave, excepto para algunos genotipos de maíz dulce.

- **Razas Mestizas-Prehistóricas**

Se cree que estas razas son producto del cruzamiento de las razas Indígenas- Antiguas y las Exóticas Precolombinas con la introgresión de teocintle. Son Prehistóricas porque no se tiene evidencia histórica de su origen. Componen este grupo trece razas: Cónico, Reventador, Tabloncillo, Tehua, Tepecintle, Comiteco, Jala, Zapalote Chico, Zapalote Grande, Pepitilla, Olotillo, Tuxpeño y Vandeño.

- **Razas Modernas Incipiente**

Estas razas se han desarrollado desde la época de la conquista y aun no han alcanzado condiciones de uniformidad racial. Este grupo está conformado por cinco razas: Bolita, Chalqueño, Celaya, Cónico Norteño y Tablita.

- **Razas No Bien Definidas**

Estas razas son de reciente colecta y no se ha realizado una caracterización adecuada para clasificarlas. Componen este grupo 11 razas: Conejo, Mushito, Complejo Serrano de Jalisco, Zamorano Amarillo, Maíz Blando de Sonora, Onaveño, Dulcillo del Noroeste, Cristalino de Chihuahua, Blando de Sonora, Elotero de Sinaloa y Azul. Otros investigadores, han descrito y caracterizado nuevas razas de maíz: Azul, Apachito, Tuxpeño Norteño, Bofo, Onaveño, Coscomatepec, San Juan y Carmen.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

h) Secuencia génica detallada del evento de transformación, incluyendo tamaño del fragmento insertado, sitio de inserción de la construcción genética, incluyendo las secuencias de los oligonucleótidos que permitan la amplificación del sitio de inserción OGM

Híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 (SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9)

El híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 (SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9) es un hibrido F1 resultado de la cruza convencional de la línea de maíz con la tecnología BT11 (SYN-BTØ11-1) resistente a lepidópteros, por la línea de maíz con la tecnología MIR162 (SYN-IR162-4) también resistente a lepidópteros, y por la línea de maíz con la tecnología GA21 (MON-ØØØ21-9) tolerante a herbicidas a base de glifosato. Asimismo, y para corroborar la herencia de los rasgos dada la cruza convencional, se realizaron análisis Southern para confirmar la integridad de los insertos de las líneas parentales de maíz BT11, MIR162 y GA21 en el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21, encontrándose que estos se heredaron sin ninguna modificación no esperada.

A continuación se expone lo referente a los eventos parentales del híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21, objeto de esta solicitud:

Evento parental SYN-BT-Ø11-1

El evento original de transformación BT11 se utilizó como donante de polen para dos programas de retrocruzamiento con dos líneas puras que se deseaba convertir con el gen Btk. A lo largo del programa de retrocruzamiento se fueron seleccionando plantas individuales portadoras del locus transgénico lo más parecidas posible a la línea parental recurrente. Las conversiones finales incluyeron cuatro o más retrocruzamientos seguidos hasta conseguir la homozigosis. Las líneas convertidas se evaluaron mediante un conjunto de sondas de 50 a 60 RFLP que se seleccionaron por su buena distribución por todo el genoma. Los genotipos de las líneas puras convertidas se compararon con los de sus líneas parentales recurrentes (las líneas puras no convertidas).

La comparación de genotipos de las líneas puras convertidas con los genotipos de las líneas puras recurrentes dio como resultado la identidad de los mismos, excepto por lo que se refiere a las tres sondas situadas sobre un pequeño segmento del brazo largo del cromosoma 8. Ambas líneas convertidas difieren de la línea parental en este segmento. No se observaron otras regiones genómicas que mostraran diferencias significativas entre las líneas puras convertidas y las líneas puras recurrentes. Estas tres sondas mapean a unos 10 centiMorgans (cM) una de otra en la posición aproximada de la sonda de conocida públicamente (UMC30a), que en el año 1995 fue situada en la posición de 117 del mapa de sondas RFLP del cromosoma 8 distribuido por la Universidad de Missouri, CO.

Una serie de 95 descendientes BC4 fueron caracterizados con varias sondas RFLP que mapeaban alrededor de la región del cromosoma 8 identificada previamente. El tamaño del segmento de ADN proveniente de la planta donante era variable entre las plantas BC4. Cinco descendientes BC4 no contenían los alelos provenientes de la planta donante detectados con las dos sondas RFLP mas próximas al gen Btk (Z1B3 y UMC150a) conteniendo sin embargo la secuencia incorporada Btk. Estas dos sondas se encuentran a una distancia de 15 cM en el cromosoma 8. Por lo tanto se puede asegurar que el lugar de inserción esta dentro de este fragmento de 15 cM delimitado por las sondas Z1B3 y UMC150a cerca de la posición 117. De este experimento se concluyó que el locus transgénico del evento de transformación SYN-BT-Ø11-1 se localiza en el brazo largo del cromosoma 8.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Evento parental SYN-IR162-4

El evento MIR162 se produjo a través de la transformación mediada por *Agrobacterium* de embriones de maíz inmaduros derivados de una línea patentada de *Zea mays* con el vector portador de los genes de interés *vip3Aa* y el gen *pmi*. El material genético introducido potencialmente estaba contenido entre las regiones del límite izquierdo (LB) y límite derecho (RB) del plásmido.

El vector que se usó para la transformación contenía dos casetes de expresión de genes. El primer casete contenía la secuencia de codificación para la proteína Vip3Aa19 derivada de la proteína Vip3Aa1 de *Bacillus thuringiensis* cepa AB88. El otro casete tenía el gen *manA* (*pmi*) de Escherichia coli.

La cantidad de sitios de inserción del plásmido, el número de copias que se insertaron de los genes *vip3Aa19* y *pmi* dentro del genoma del evento de maíz MIR162 y la ausencia de los demás componentes del plásmido, se determinaron mediante el análisis Southern blot del ADN genómico.

Evento parental MON-ØØØ21-9

El inserto completo se encuentra en el genoma nuclear del maíz, las zonas flanqueantes hacia 5’ y 3’ del material insertado se secuenciaron, la organización del mismo se describe en la siguiente sección.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

i) Descripción de las secuencias flanqueantes, número de copias insertadas, y los resultados de los experimentos que comprueben los datos anteriores, así como la expresión de mensajeros del evento de transformación genética, incluyendo la demostración de los resultados OGM

Híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 (SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9)

Dado que el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 fue producido mediante el cruzamiento convencional de los eventos parentales de maíz BT11 (SYN-BTØ11-1), MIR162 (SYN-IR162-4) y GA21 (MON-ØØØ21-9), utilizando técnicas tradicionales de cultivo, la información antes requerida no es pertinente. Sin embargo y como se mencionó anteriormente, para corroborar la herencia de los rasgos, se realizaron análisis Southern para confirmar la integridad de los insertos de los eventos parentales de maíz BT11, MIR162 y GA21 en el híbrido de maíz BT11 x MIR162 x GA21.

Asimismo, a continuación se expone lo referente a los eventos parentales del híbrido de maíz BT11 x MIR162 x GA21, objeto de esta solicitud:

Evento parental BT11

La constitución genética del evento de transformación SYN-BT-Ø11-1 se caracterizó en detalle en lo que se refiere a número de copias, estabilidad generacional, ausencia del gen de la beta-lactamasa (*amp*), y diseño de las secuencias introducidas del vector. Se demostró que el locus transgénico consiste en una única copia del fragmento vector que porta en sí mismo tanto el gen *Bt* como el gen *pat*, pero no el gen *amp*, y que fue mapeado sobre el brazo largo del cromosoma 8. Por otro lado, se demostró que el locus transgénico es estable a lo largo de sucesivas generaciones y que se comporta como un carácter monogenético mendeliano dominante.

- **Estudios de secuenciación**

En el evento de transformación SYN-BT-Ø11-1 se llevó a cabo una secuenciación del ADN insertado y de las zonas flanqueantes del genoma del maíz en las que se insertó la secuencia de interés después de la transformación, empleando técnicas de secuenciación más actuales que las empleadas en la primera ocasión en la que se realizó dicho experimento, ambas secuencias fueron comparadas.

Se analizaron las uniones entre el inserto y el ADN parental de la planta. En el extremo 5´ se secuenciaron aproximadamente 350 pb del ADN de la planta adyacente al inserto, y en el extremo 3´, 540 pb. Ambas secuencias flanqueantes fueron comparadas con secuencias disponibles en bases de datos en busca de posibles homologías. El análisis por BLAST de ambos extremos reveló homología con una repetición en tándem de *Zea mays* llamada *knob-associated*, de 180 pb. Los *knobs* son componentes de la heterocromatina del maíz, un tipo de cromatina que no se expresa (Alberts y col., 1994). Las repeticiones de 180 pb fueron caracterizadas (Peacock y col., 1981, Dennis y col., 1984), y puede concluirse que la inserción del fragmento NotI en el genoma de maíz no disrumpe ningún marco abierto de lectura.

- **Número de copias insertadas**

Los datos de los análisis de hibridación de Southern demostraron que en el híbrido de maíz con la tecnología SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9 existe copias únicas de los genes *cry1Ab, pat* y del origen de replicación ColE1 derivado del plásmido pZO1502 presentes en el maíz

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

derivado del evento de transformación SYN-BT-Ø11-1. Como era de esperarse, el híbrido de maíz con la tecnología SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9 contiene insertadas dos copias del promotor CaMV35 correspondientes a las dos copias presentes en el plásmido pZO1502. El híbrido de maíz con la tecnología SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9 no contiene ninguna secuencia del esqueleto del plásmido de transformación pZO1502.

Asimismo, los estudios de Southern blot para el evento parental BT11 demostraron que el inserto es estable a lo largo de varias generaciones.

- **Estudios de los RNA mensajeros**

Dado que en los estudios de Southern blot se observa una sola banda debido a un solo inserto, no se esperan cambios en los patrones de los RNA mensajeros transcritos.

Evento parental MIR162

Los datos de los análisis Southern y la secuencia de ADN demostraron la presencia de copias únicas de los genes *vip3Aa20* y *pmi* en el genoma del evento MIR162. Además, el evento MIR162 no contenía ninguna secuencia de estructura del plásmido de transformación pNOV1300. El análisis de secuencia de la inserción completa de T-ADN en el evento MIR162 confirmó que se mantuvo la integridad total de la inserción y la contigüidad de los elementos funcionales. Se identificaron dos cambios en dos nucleótidos individuales. Ambos fueron dentro de la secuencia para el gen vip3Aa, recibiendo este gen el nombre de vip3Aa20 dentro del MIR162. Sólo uno de estos cambios dio a lugar a un cambio de aminoácido, la metionina en la posición 129 cambió a isoleucina. Aunque se encontraron pequeños truncamientos en las secuencias, en ambos bordes del inserto, estos no afectan la expresión de los genes *vip3Aa20* y *pmi.*

- **Estudios de secuenciación**

El análisis de la secuencia completa del inserto T-ADN confirmó la integridad y la contigüidad de los elementos funcionales; además, la secuenciación reveló cambios en sólo dos nucleótidos dentro de la secuencia codificante del gen *vip3Aa20* del inserto dentro del evento de maíz MIR162, comparada con la secuencia presente dentro del plásmido(*vip3Aa19*) usado en la transformación. Sólo uno de los cambios en los nucleótidos resultó en una modificación de aminoácido, la metionina cambió a isoleucina en la posición 129. Aunque pequeños truncamientos fueron observados en ambos bordes de la unión con el genoma del maíz, estos no afectaron la expresión de ninguno de los dos genes presentes en el evento MIR162.

- **Número de copias insertadas**

Los datos de los análisis de hibridación de Southern y la secuenciación demostraron que en el maíz con la tecnología SYN-IR162-49 existen copias únicas de los genes *vip3Aa20* y *pmi*, dos copias del promotor poliubiquitina de maíz (*ZmUbiInt*), además de una copia del terminador CaMV 35S y *NOS.* El evento de maíz con la tecnología SYN-IR162-4 no contiene ninguna secuencia del esqueleto del plásmido de transformación pNOV1300.

© 2010 Sy

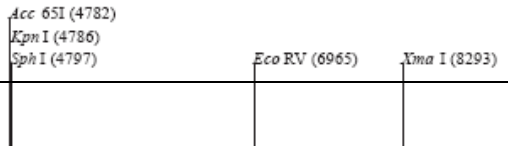


Figura 14. Mapa del T-ADN del plásmido pNOV1300 del evento parental MIR162

- **Estudios de los RNA mensajeros**

Dado que en los estudios de Southern blot se observa una sola banda debido a un solo inserto, no se esperan cambios en los patrones de los RNA mensajeros transcritos, así como el análisis de las secuencias flanqueantes mostró que no se han interrumpido genes funcionales del maíz y no se han generado nuevos marcos de lectura.

Evento parental GA21

- **Estudios de secuenciación y número de copias insertadas**

El evento MON-ØØØ21-9, considerando el material genético insertado y las regiones flanqueantes se secuenciaron. El estudio demostró que el inserto comprende seis regiones contiguas derivadas del fragmento de restricción Not I de 3.49 kb, derivado del plásmido pDPG434, empleado para la transformación del evento GA21 (copias 1-6).

- Copia 1: Contiene el promotor de la actina de arroz con una deleción de 696 pb hacia 5', también contiene el primer exón e intrón de la actina, el péptido de tránsito optimizado, el gen *mepsps* y el terminador Nos.
- Copias 2, 3 y 4: Son copias intactas del fragmento de restricción Not I de 3.49 kb derivado del plásmido pDPG434.
- Copia 5: Contiene el promotor de la actina de arroz intacto, el primer exón e intrón de la actina, el péptido de tránsito optimizado y las primeras 288 pb del gen *mepsps* que termina en un codón de paro y no posee el terminador NOS.
- Copia 6: Contiene el promotor y el primer exón truncado de la actina. No posee ningún elemento adicional del plásmido pDPG434.

Adicionalmente se llevaron a cabo ensayos de análisis de hibridación de Southern con el fin de demostrar la ausencia de copias adicionales del inserto o del esqueleto del plásmido en el genoma.

- **Estudios de los RNA mensajeros**

El análisis detallado del extremo 3' del inserto de GA21 (copia 5 antes mencionada), estableció la presencia del promotor completo de la actina de arroz, el péptido de tránsito y un fragmento trunco

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

del gen *mepsps*, pero no la secuencia del terminador nos. La versión trunca del gen *mepsps* termina en un codón de término de la traducción (ANZFA, 2000).

Con el fin de caracterizar mejor esta zona del inserto, se llevaron a cabo análisis de hibridación de Northern a partir de una muestra compuesta de hojas de plantas de maíz GA21 y de su línea isogénica. Se empleó una sonda específica del gen epsps cuyo transcrito esperado era de 1.8 kb, mismo que fue detectado, demostrando que se encuentra el transcrito estable para la versión completa del gen mepsps. El transcrito hipotético de tamaño esperado de 0.7 kb que debería observarse en el caso de que la copia 5 fuera funcional, no fue detectada, esto indica que la versión truncada no produce un transcrito estable funcional (EFSA, 2007). Adicionalmente mediante western blot se demostró que existe una banda única de la proteína mEPSPS de tamaño completo y esperado.

Por otro lado, tomando como base los estudios de secuenciación, se llevaron a cabo estudios bioinformáticos con el fin de identificar los posibles marcos de lectura (ORF por sus siglas en inglés, Open Reading Frames) que se pudieran haber creado dentro del inserto de GA21.

Un posible marco de lectura abierto se definió bajo las posibles siguientes combinaciones:

1. Que comience con un ATG y termine con alguno de los tres codones de término y
2. Que codifique para una proteína de un tamaño mínimo de 50 aminoácidos
3. Fragmentos del casete en el maíz GA21 o entre el fragmento insertado y el ADN vegetal o
4. Que comience con un ATG creado de una mutación con relación a la transformación

De estos, dos se encontraron dentro de la secuencia de ADN hacia el extremo 3'. Debido a la proximidad de estos posibles ORFs con el primer exón de la actina de arroz, se examinaron para conocer su homología con alérgenos o toxinas. No se encontró homología alguna. Los otros dos posibles ORFs se identificaron hacia el extremo 5' del inserto, dentro de la zona flanqueante, fueron analizados al igual que los anteriores y no se encontró homología alguna en la base de datos empleada.

El análisis bioinformático se llevó a cabo para evaluar los posibles ORFs que se pudiesen haber creado en el inserto del maíz GA21. Usando un criterio de búsqueda conservador se puede concluir que los cinco posibles ORFs encontrados en el empalme del inserto con el ADN vegetal no muestran homologías significativas a algunas proteínas y alérgenos conocidos.

Además, se respondió a la búsqueda de posibles ORFs creados en el inserto, entre y dentro de los fragmentos insertados. Esto reveló un posible ORF creado en el empalme entre los fragmentos 5 y 6.
Del análisis de los datos se concluye que los ORF carecen de componentes necesarios para transcribir y que los ORFs no muestran homología a proteínas y alérgenos conocidos o proteínas toxicas (EFSA, 2007).

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

j) Mapa de la construcción genética, tipo de herencia de los caracteres producto de los genes insertados, expresión de las proteínas y localización de las mismas OGM

Híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 (SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9)

Dado que el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 fue producido mediante el cruzamiento convencional de los eventos parentales de maíz BT11 (SYN-BTØ11-1), MIR162 (SYN-IR162-4) y GA21 (MON-ØØØ21-9), utilizando técnicas tradicionales de cultivo, la información antes requerida no es pertinente. Sin embargo y como se mencionó anteriormente, para corroborar la herencia de los rasgos, se realizaron análisis moleculares para confirmar la integridad de los insertos de los eventos parentales de maíz BT11, MIR162 y GA21, así como la expresión de las proteínas, en el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA2. Asimismo, a continuación se expone lo referente a los eventos parentales del híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21, objeto de esta solicitud:

Evento parental BT11

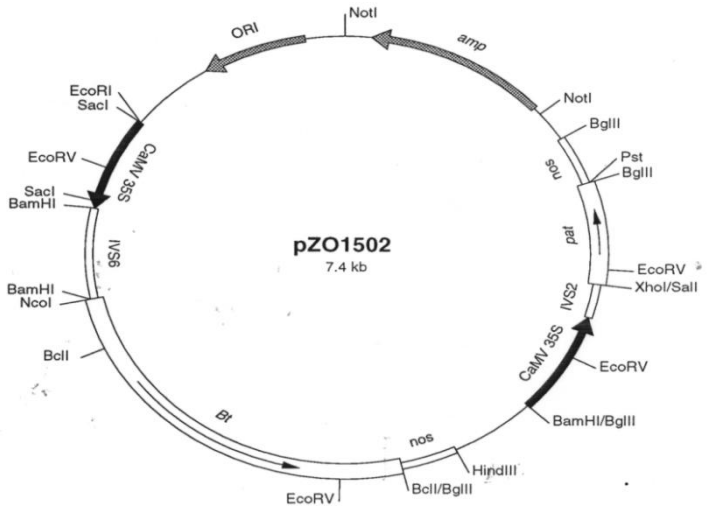


Figura 15. Mapa del plásmido pZO1502 en el que se resumen los sitios clave de restricción, los elementos genéticos que constituyen las regiones génicas para la planta de los genes Bt y pat, y la organización general del plásmido, incluyendo la localización del gen (amp) de la beta-lactamasa y el origen de replicación (ORI).

- **Plásmido pZO1502**

  El plásmido pZO1502 está constituido por los fragmentos de ADN que contienen 35S-1/intron/Btk HD-1/NOS y 35S-2/intron/PAT/NOS insertados en la secuencia reconocida por el enzima de restricción *Bgl* II del plásmido pZO997. Ambos fragmentos de ADN han sido insertados en la misma

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

dirección de transcripción respecto del plásmido. El pZO997 se construyó mediante la conversión de los sitios *Bsp* HI (a nivel de los pares de bases 1526 y 2534) del plásmido pZO930 a los sitios *Not*I. Este cambio de secuencia se realizo mediante la incorporación de un fragmento de ADN que contiene la secuencia reconocida por el enzima de restricción *Not*I. El plásmido pZO930 es una variación del plásmido de referencia pUC18 (Yanisch-Perron *et al*., 1985) al cual se le ha modificado el sitio de restricción *Eco* O 109I seguido de una ligación para introducir la secuencia reconocida por el enzima de restricción *Bgl* II.

El mantenimiento y multiplicación del plásmido pZO1502 se realizo en la bacteria *E. coli* utilizando como gen marcador *bla*, el cual confiere a *E. coli* resistencia al antibiótico ampicilina cuando se encuentra bajo el control de un promotor procarionte (bacteriano). La región del plásmido que codifica para el gen *bla* es eliminada durante la preparación de los fragmentos de ADN destinados a ser introducidos en la planta de maíz. Como consecuencia, el maíz SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9 no son portadoras del gen *bla*. Esto ha sido confirmado con los análisis de Southern realizados con el ADN aislado de las plantas transgénicas resultantes del evento SYN-BT-Ø11-1 en comparación con el maíz SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9.

- **Tipo de Herencia de los caracteres insertados**

Para determinar si los genes cry1Ab y PAT fueron insertados en más de un locus en el genoma del evento SYN-BT-Ø11-1, la segregación de ambos fue seguida a lo largo de varias generaciones. Ocho plantas F1 fueron identificadas conteniendo ambos genes. Fueron autocruzadas a fin de obtener una población S1. La población S1 fue evaluada para la resistencia al barrenador europeo y tolerancia a glufosinato o sensibles a ambos. Las proporciones de segregación se presentan en la tabla siguiente y son consistentes con la tasa esperada de 3:1 para un locus único dominante. Las plantas S1 fueron autocruzadas de nuevo. Se colectó semilla de 96 plantas resistentes a insectos y tolerantes a herbicida y fueron analizadas (diseño de 30 plantas por surco). Se obtuvieron 2320 plantas y se infestaron en tres ocasiones con barrenador europeo, las hojas fueron "pintadas" con glufosinato. Se emplearon 134 plantas de las líneas HA y HP como controles negativos que fueron tratados de la misma forma. Se identificaron los porcentajes de líneas homócigas y heterócigas.

De estos estudios se concluyó que el gen *cry1Ab* se hereda como un locus único en el maíz SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9 (ajustándose a una proporción 3:1 en las poblaciones S1 y S2 heteróciga), también se concluyó que el gen *pat* se hereda como un locus sencillo en el maíz SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9 y finalmente que los genes *cry1Ab* y *pat* están cercanamente relacionados.

Tabla 6: Segregación de los genes cry1Ab y PAT en poblaciones S1 y S2 de maíz SYN-BT-Ø11-1. Fuente de datos: Estudio H. Northrup King Co., 1995

Planta parental F1 inicial	Población S1	Población S2 Homocigota	Población S2 Heterocigoto	X2	p

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

1	**25:10**	**101:0 (4)***	**57:25 (3)***	**1.33**	**.25**
2	**25:8**	**18:0 (1)**	**57:25 (7)**	**0.03**	**.80**
3	**17:7**	**18:0 (1)**	**131:45 (4)**	**0.00**	**1.00**
4	**12:10**	**49:0 (2)**	**81:27 (1)**	**2.71**	**.10**
5	**24:11**	**163:0 (6)**	**24:3 (8)**	**0.50**	**.50**
6	**29:7**	**331:0 (13)**	**187:56 (9)**	**0.50**	**.50**
7	**23:11**	**137:0 (7)**	**173:61 (10)**	**0.16**	**.65**
8	**26:8**	**164:0 (8)**	**164:52 (11)**	**0.14**	**.70**
Total	**181:72 (p=0.2)**	**1017:0 (43)**	**983:320 (53)**	**0.14**	**.70**
	Controles negativos HA y HP			**0:134**	

*Número de plantas S1 que contribuyeron con semilla para la prueba de progenie para S2.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Evento parental MIR162

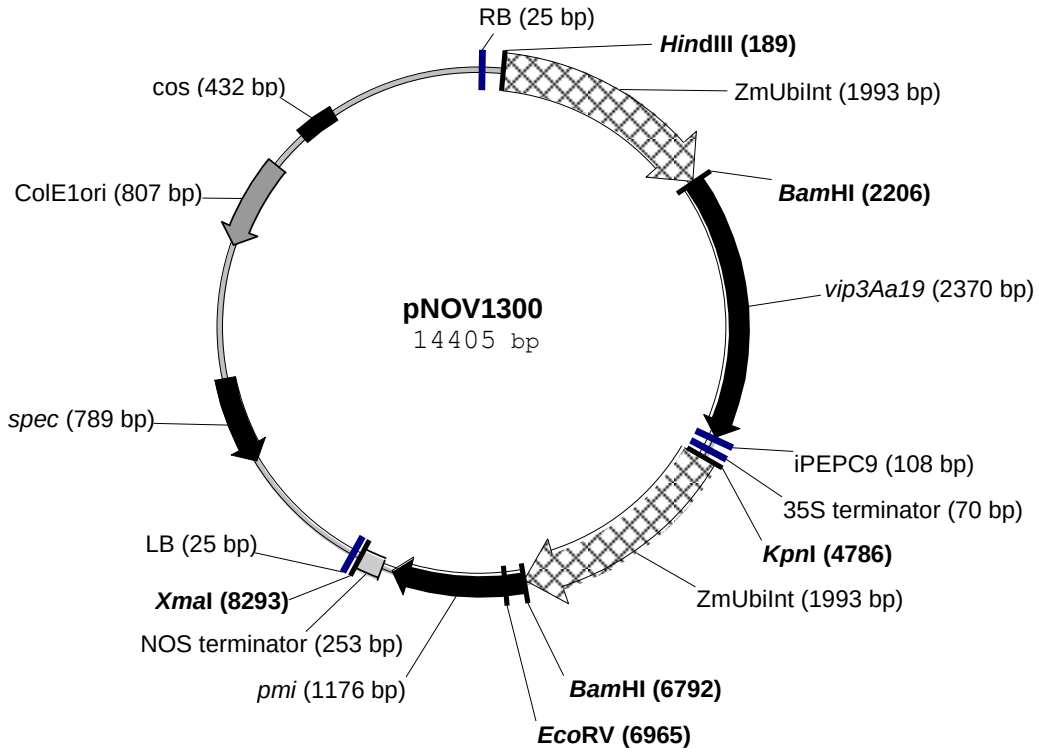


Figura 16. Mapa del plásmido pNOV1300 usado para desarrollar el evento de maíz MIR162

- **Plásmido pNOV1300**

El protocolo utilizado en la obtención del plásmido pNOV1300 sigue procedimientos patrón de biología molecular, descritos por Sambrook y col. (1989). Los genes *vip3Aa19* y *pmi* fueron cortados utilizando enzimas de restricción disponibles comercialmente, introducidos en los vectores cortados y ligados al vector de *Agrobacterium* para crear la construcción final pNOV1300. El plásmido pNOV1300 se empleó para transformar las plantas de maíz. El T-DNA del pNOV1300 contiene el gen *vip3A*(a) precedido por el promotor de la ubiquitina de maíz con un intrón, y terminado por la señal de poliadenilación del 35S. También se encuentra el gen *pmi* (fosfomanosa-isomerasa) precedido por el promotor de la ubiquitina de maíz con un intrón y terminado por la señal de poliadenilación de la nopalina sintasa (*nos*) de *Agrobacterium tumefaciens*.

- **Tipo de Herencia de los caracteres insertados**

La segregación de la progenie del maíz MIR162 se evaluó y se llevaron a cabo análisis estadísticos que confirmaron que la proporción en que se heredan los genes *vip3Aa* y *pmi* es Mendeliana tal como se esperaba, demostrando así que la inserción tuvo lugar en el genoma nuclear del maíz.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Los análisis de ADN por hibridación de Southern de múltiples generaciones de plantas derivadas del evento MIR162 en el maíz BT11 x MIR162 x GA21 demostraron dos cosas: que hay un sitio único de inserción y que el material insertado se mantiene estable a lo largo de varias generaciones.

Tabla 7. Segregación del gen *vip3Aa* en entrecruzas del evento MIR162

	Esperada		Observada[a]		
Generación	**Positivo**	**Negativo**	**Positivo**	**Negativo**	**Chi cuadrada**
BC1F1 (1:1)	20.5	20.5	21	20	0.000†
BC2F1 (1:1)	48.5	48.5	45	52	0.371†
BC4F1 (1:1)	143.5	143.5	148	139	0.223†

a. Se analizó la presencia del gen *vip3Aa* en las plantas por TaqMan® PCR.
† No significativo a p=0.05

Tabla 8. Segregación del gen *pmi* en entrecruzas del evento MIR162

	Esperada		Observada[a]		
Generación	**Positivo**	**Negativo**	**Positivo**	**Negativo**	**Chi cuadrada**
BC1F1 (1:1)	20.5	20.5	21	20	0.000†
BC2F1 (1:1)	48.5	48.5	45	52	0.371†
BC4F1 (1:1)	143.5	143.5	148	139	0.223†

a. Se analizó la presencia del gen *pmi* en las plantas por TaqMan® PCR.
† No significativo a p=0.05

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Evento parental GA21

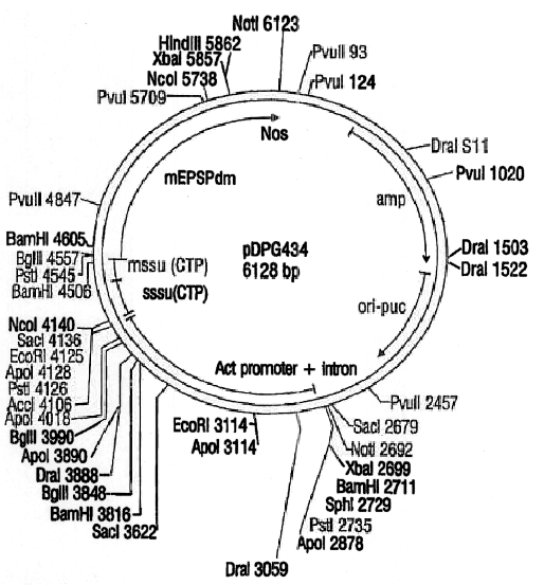


Figura 17: Mapa del plásmido pDPG434 en el que se resumen los elementos genéticos que estaban presentes previo a la restricción con NotI (Spencer et al., 1998).

- **Plásmido pDPG434**

El plásmido **pDPG434** es derivado de un vector pSK, que se usa habitualmente en biología molecular y deriva del plásmido pUC (Short et al. 1998), fue el utilizado en el evento de transformación. Este plásmido pDPG434 contiene el gen endógeno aislado de la línea donante de maíz AT-824 (suspensión de células) de la enzima 5-enol-piruvilshikimato-3-fosfato sintasa (proteína denominada mepsps), modificado por mutagénesis, denominado *mepsps* , e insertado dentro de la línea mejorada de maíz NL054B. Antes de la transformación, el plásmido vector fue tratado con la endonucleasa de restricción NotI para remover del fragmento los genes *bla, lac* y el origen de replicación *ColE1*. La expresión constitutiva del gen *mepsps* fue controlada por el promotor del gen actina1 del arroz, modulado por el primer intrón y exón del gen actina1 del arroz, el péptido de transición optimizado (PTO) derivado de maíz y girasol y la señal de poliadenilación del gen de la nopalina sintasa de *Agrobacterium tumefaciens*.

El plásmido pDPG434 también contenía el gen de la beta-lactamasa (*bla*), utilizado como un marcador para selección de células bacterianas transformadas. El gen *bla* codifica para la enzima beta-lactamasa, que confiere resistencia a algunos antibióticos beta-lactámicos, incluida la penicilina de espectro moderado y ampicilina. Este gen sin un promotor vegetal no se expresa en células vegetales. Otros componentes genéticos incorporados incluyeron un gen no funcional *lacZ*, que codifica parte de la enzima beta-galactocidasa; y el origen de repetición derivado del plásmido de *E. coli*.

- **Tipo de Herencia de los caracteres insertados**

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

La segregación de la progenie del maíz MON-ØØØ21-9 se evaluó y se llevaron a cabo análisis estadísticos que confirmaron que la proporción en que se hereda el gen *mepsps* es Mendeliana tal como se esperaba, demostrando así que la inserción tuvo lugar en el genoma nuclear del maíz.

Los análisis de ADN por hibridación de Southern de múltiples generaciones de plantas derivadas del evento GA21 demostraron dos cosas: que hay un sitio único de inserción y que el material insertado se mantiene estable a lo largo de varias generaciones.

Tabla 9. Segregación del gen epsps en maíz MON-ØØØ21-9. Fuente de datos: Monsanto Co. *et al.,* 1997.

Generación[1]	Observada	Esperada	X^2
BC0F1	64:52	58:58	1.04a
BC1F1	180:165	172.5:172.5	0.57a
BC2F1	55:62	58.5:58.5	0.31a
BC3F1	108:77	92.5:92.5	4.86b
BC4F1	77:76	76.5:76.5	0.00a
BC5F1	60:40	50:50	3.61a
BC5F2	731:262	744.75:248.25	0.94a

Notas: 1: Datos expresados como plantas tolerantes: plantas susceptibles al herbicida glifosato

a: no significativa a p=0.05 (X^2=3.84, 1df)

b: Significativa a p=0.05 (X^2=3.84, 1df), no significativa a p=0.01 (X^2=6.63)

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Localización y expresión de las proteínas en el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21

Se obtuvieron híbridos de maíz BT11xMIR162xGA21 por cruzamiento convencional entre líneas portadoras cada una de ellas de los eventos BT11, MIR162 y GA21. Estos híbridos, por lo tanto, expresan las cinco proteínas transgénicas: Cry1Ab, PAT, Vip3Aa20, PMI y mEPSPS.

Para estudiar la estabilidad de los genes heredados en el híbrido de maíz BT11 x MIR162 x GA21, se comparó la expresión de las cinco proteínas en varios tejidos del híbrido de maíz BT11 x MIR162 x GA21 con respecto a las proteínas expresadas individualmente en plantas isogénicas derivadas de los eventos genéticamente modificados parentales: BT11, MIR162, y GA21. Asimismo, se empleó una planta no transgénica *quasi* isogénica como control (en lo sucesivo híbrido no transgénico). Todas las concentraciones de las proteínas expresadas se cuantificaron por ensayo inmunoenzimático (ELISA; Tijssen, 1985).

Las plantas de maíz utilizadas en este estudio se cultivaron de acuerdo con las prácticas agronómicas estándar locales bajo un diseño de bloques al azar en una estación de investigación de Syngenta Seeds, ubicada en Bloomington, IL, EE.UU. Se recolectaron cuatro plantas por híbrido de maíz de cada uno de los cinco bloques por repetición a diferentes etapas de desarrollo. De estas plantas, se analizaron las hojas, las raíces, plantas enteras en antesis y las semillas en fase de madurez fisiológica por ensayo inmunoenzimático (ELISA) en Syngenta Biotechnology, Inc., Research Triangle Park, Carolina del Norte, EE.UU., para comparar las concentraciones de las proteínas expresadas en los híbridos de maíz antes mencionados. Cinco muestras de polen por replica por híbrido fueron recolectados en el campo, y se analizaron por ELISA de la misma manera. Además, se analizaron las hojas en la etapa de verticilo para la expresión de las proteínas Cry1Ab y Vip3Aa20 por ELISA para comparar las concentraciones de estas proteínas insecticidas a diferentes tiempos de ingesta de los insectos blanco.

En general, las concentraciones medidas para las proteínas Cry1Ab, PAT, Vip3Aa20, PMI y mEPSPS fueron similares entre los diferentes tejidos de los eventos individuales de maíz BT11, MIR162, y GA21 y el híbrido de maíz con combinación de genes BT11 x MIR162 x GA21. Respecto del análisis estadístico, se observaron seis diferencias significativas entre las concentraciones medidas en los tejidos de la planta de maíz con respecto de las 25 comparaciones estadísticas, sin embargo, a pesar de estos seis casos de diferencias significativas, no hay evidencia en los datos que sugieran cambios inesperados en la expresión de las proteínas en el híbrido de maíz con combinación de genes como resultado de la combinación de los eventos parentales individuales a través del mejoramiento convencional.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 10. Rangos de concentración de las proteínas medidas en los tejidos de los eventos parentales individuales y en el híbrido de maíz con combinación de genes en base seca (µg/g DW)

a. Las proteínas Cry1Ab y PAT se expresan en el evento BT11.
b. Las proteínas Vip3Aa20 y PMI se expresan en el evento MIR162.
c. La proteína mEPSPS se expresa en el evento GA21.
d. Híbrido = BT11 x MIR162 x GA21; las cinco proteínas se expresan.

Tipo de Tejido (Etapa)	Híbrido	Cry1Ab[a]	PAT[a]	Vip3Aa20[b]	PMI [b]	mEPSPS [c]
Hojas (Verticilo)	**Evento**	117.26—180.55	N/A	172.10—202.72	N/A	N/A
	Híbrido[d]	123.06—173.32	N/A	159.34—213.99	N/A	N/A
Hojas (Antesis)	**Evento**	30.22—40.12	0.51—0.81	112.36—154.79	6.03—7.41	30.39—40.44
	Híbrido	21.86—40.39	0.48—0.97	116.71—187.47	6.39—8.76	28.86—39.59
Raíces (Antesis)	**Evento**	10.33—15.53	0.35—0.79	9.54—51.60	1.45—3.65	11.81—18.98
	Híbrido	9.17—14.45	0.31—0.47	19.07—38.45	1.54—3.18	10.68—15.44
Polen (Antesis)	**Evento**	0.06—0.07	<LOQ—<LOD	103.72—111.18	4.25—5.30	65.79—116.33
	Híbrido	0.05—0.15	<LOQ—<LOD	138.53—173.94	4.41—5.30	103.15—144.19
Semillas (Madurez)	**Evento**	4.35—10.67	<LOQ—<LOQ	56.41—108.27	1.11—2.58	5.35—8.76
	Híbrido	4.85—10.64	<LOQ—<LOQ	59.18—102.10	1.21—2.61	3.53—8.57
Planta Completa (Antesis)	**Evento**	16.15—22.72	0.66—1.08	64.92—102.64	3.56—4.42	35.65—62.96
	Híbrido	13.91—20.42	0.65—0.86	67.56—86.51	3.52—4.22	36.64—54.73

N/A indica que en ciertos casos las proteínas no se analizaron.

k) Descripción del método de transformación OGM

Híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 (SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9)

El híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 (SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9) es un hibrido F1 resultado de la cruza convencional de la línea de maíz BT11 (SYN-BTØ11-1) resistente a lepidópteros y tolerantes al herbicidas glufosinato de amonioidas, por la línea de maíz MIR162 (SYN-IR162-4) resistente también a lepidópteros, y por la línea de maíz GA21 (MON-ØØØ21-9) tolerante a herbicidas; a continuación se describen los métodos empleados para el desarrollo de cada evento parental.

Evento parental BT11

El evento SYN-BT-Ø11-1 fue desarrollado mediante transformación directa de protoplastos de la línea endogámica de maíz H8540 y posterior regeneración en un medio selectivo. Para la transformación se empleó un plásmido único denominado ZO1502, que contenía una copia sintética trunca del gen cry1Ab que codifica para la endotoxina Cry1Ab y una copia sintética del gen pat, empleado como marcador de selección por conferir tolerancia al glufosinato de amonio. Previo a la transformación, el plásmido fue

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

restringido con la enzima de restricción NotI con el fin de remover el gen *bla*[15] de la beta lactamasa que se empleó como marcador de resistencia en las etapas tempranas del desarrollo del plásmido, con el fin de que el fragmento empleado en la transformación únicamente contuviera los genes cry1Ab y pat.

El material transformado se regeneró, y se cruzó con las líneas comerciales pertenecientes a Syngenta. En cada una de las etapas de cruces, las líneas se sometieron a evaluación tanto molecular como en el campo para asegurar que las propiedades insecticidas de las líneas seleccionadas se mantuvieran intactas.

Evento parental MIR162

El maíz MIR162 fue producido por medio la transformación genética vía *Agrobacterium tumefaciens* (Negrotto y col., 2000; Hoekema y col., 1983), utilizando embriones inmaduros de *Zea mays*, línea NP2500xNP2499. Usando este método, elementos genéticos dentro de los extremos izquierdo y derecho del T-DNA del plásmido de transformación pNOV1300 son eficientemente transferidos e integrados dentro del genoma de la célula de la planta, mientras que los elementos externos a estos extremos generalmente no son transferidos. La replicación del pNOV1300 en *A. tumefaciens* cepa LBA4404 (licenciada de Japan Tobacco), se hizo posible vía recombinación homóloga con un "acceptor vector" (también llamado pSB1) que lleva el origen de replicación para múltiples hospederos (Komari y col., 1996). La cepa LBA4404 de A. tumefaciens lleva un plásmido Ti desarmado (Ooms y col., 1982), de donde el T-DNA ha sido borrado. Este plásmido Ti lleva los genes vir que codifican por proteínas que se requieren para transferir la región del T-DNA del plásmido pNOV1300 a las células de la planta para integración al genoma del maíz.

Evento parental GA21

El evento MON-ØØØ21-9 fue desarrollado mediante transformación por aceleración de micropartículas (biobalística) donde el ADN se precipita en partículas microscópicas de oro que son luego puestas sobre un macroportador y aceleradas a alta velocidad hacia las células vegetales embrigénicas de maíz en donde el ADN es depositado e incorporado al cromosoma. Con la posterior regeneración en un medio selectivo. Para la transformación se empleó un plásmido único denominado pDPG434, que contenía una copia sintética trunca del gen *m*-epsps que codifica para la proteína EPSPS. Previo a la transformación, el plásmido fue restringido con la enzima de restricción NotI con el fin de remover el gen *bla* de la beta lactamasa que se empleó como marcador de resistencia en las etapas tempranas del desarrollo del plásmido, con el fin de que el fragmento empleado en la transformación únicamente contuviera el gen *m*-epsps.

l) Descripción, número de copias, sitios de inserción y expresión de las secuencias irrelevantes para la expresión de la modificación genética y en su caso, la identificación de los efectos no esperados OGM.

[15] El gen *bla* también es denominado *amp* por conferir resistencia a la ampicilina.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 (SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9)

Dado que el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 fue producido mediante el cruzamiento convencional de los eventos parentales de maíz BT11 (SYN-BTØ11-1), MIR162 (SYN-IR162-4) y GA21 (MON-ØØØ21-9), utilizando técnicas tradicionales de cultivo, la información antes requerida no es pertinente. Sin embargo, el material genético heredado en el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 no contiene ningún fragmento adicional no intencional perteneciente al esqueleto de los plásmidos pZO1502 del evento parental BT11; pNOV1300 del evento parental MIR162; y pDPG434 del evento parental GA21, o ninguna otra secuencia genética no deseada, por lo que no se identifican efectos no esperados. Asimismo, a continuación se expone lo referente a los eventos parentales del híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21, objeto de esta solicitud:

Evento parental BT11

El material genético insertado en el evento SYN-BT-Ø11-1 no contiene ningún fragmento adicional no intencional perteneciente al esqueleto del plásmido pZO1502 o ninguna otra secuencia genética no deseada, por lo que no se identifican efectos no esperados.

Evento parental MIR162

En el caso del evento MIR162, esta punto tampoco aplica pues no se insertó ninguna secuencia no esperada.

Evento parental GA21

En el caso del evento GA21, esta punto tampoco aplica pues no se insertó ninguna secuencia no esperada.

m) Secuencia de aminoácidos y de las proteínas novedosas expresadas por el OGM, tamaño del producto del gen, expresión de copias múltiples OGM

Híbrido de maíz BT11 x MIR162 x GA21 (SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9)

Las secuencias de las proteínas novedosas expresadas en el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21, son las mismas que se expresan individualmente en los eventos parentales **(Para mayor información por favor de consultar y el apartado** i*) Descripción de las secuencias flanqueantes, número de copias insertadas, y los resultados de los experimentos que comprueben los datos anteriores, así como la expresión de mensajeros del evento de transformación genética, incluyendo la demostración de los resultados*). A continuación se expone lo referente a cada uno de los eventos parentales:

Evento parental BT11

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

El gen cry1Ab presente como unicopia en el evento SYN-BT-Ø11-1 es una versión sintética y modificada del gen completo inicialmente aislado de *Bacillus thuringiensis var. kurstaki* cepa HD-1. El fragmento tiene un tamaño de 1.8 Kb. Las modificaciones sufridas por el cry1Ab incluyen modificaciones y truncaje de la secuencia del ADN diseñados con el fin de mejorar su expresión en plantas. Dichas modificaciones no tuvieron como resultado cambios en la secuencia de aminoácidos.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Figura 18. Secuencia nucleotídica del gen cry1Ab y la predicción de la secuencia de la proteína Cry1Ab expresada en el maíz SYN-BT-Ø11-1.

```
                 ----------------------------------------

         10        20        30        40        50        60
          |         |         |         |         |         |
ATGGACAACAACCCAAACATCAACGAATGCATTCCATACAACTGCTTGAGTAACCCAGAA
 M  D  N  N  P  N  I  N  E  C  I  P  Y  N  C  L  S  N  P  E

         70        80        90       100       110       120
          |         |         |         |         |         |
GTTGAAGTACTTGGTGGAGAACGCATTGAAACCGGTTACACTCCCATCGACATCTCCTTG
 V  E  V  L  G  G  E  R  I  E  T  G  Y  T  P  I  D  I  S  L

        130       140       150       160       170       180
          |         |         |         |         |         |
TCCTTGACACAGTTTCTGCTCAGCGAGTTCGTGCCAGGTGCTGGGTTCGTTCTCGGACTA
 S  L  T  Q  F  L  L  S  E  F  V  P  G  A  G  F  V  L  G  L

        190       200       210       220       230       240
          |         |         |         |         |         |
GTTGACATCATCTGGGGTATCTTTGGTCCATCTCAATGGGATGCATTCCTGGTGCAAATT
 V  D  I  I  W  G  I  F  G  P  S  Q  W  D  A  F  L  V  Q  I

        250       260       270       280       290       300
          |         |         |         |         |         |
GAGCAGTTGATCAACCAGAGGATCGAAGAGTTCGCCAGGAACCAGGCCATCTCTAGGTTG
 E  Q  L  I  N  Q  R  I  E  E  F  A  R  N  Q  A  I  S  R  L

        310       320       330       340       350       360
          |         |         |         |         |         |
GAAGGATTGAGCAATCTCTACCAAATCTATGCAGAGAGCTTCAGAGAGTGGGAAGCCGAT
 E  G  L  S  N  L  Y  Q  I  Y  A  E  S  F  R  E  W  E  A  D

        370       380       390       400       410       420
          |         |         |         |         |         |
CCTACTAACCCAGCTCTCCGCGAGGAAATGCGTATTCAATTCAACGACATGAACAGCGCC
 P  T  N  P  A  L  R  E  E  M  R  I  Q  F  N  D  M  N  S  A
```

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

```
        430       440       450       460       470       480
          |         |         |         |         |         |
TTGACCACAGCTATCCCATTGTTCGCAGTCCAGAACTACCAAGTTCCTCTCTTGTCCGTG
 L  T  T  A  I  P  L  F  A  V  Q  N  Y  Q  V  P  L  L  S  V

        490       500       510       520       530       540
          |         |         |         |         |         |
TACGTTCAAGCAGCTAATCTTCACCTCAGCGTGCTTCGAGACGTTAGCGTGTTTGGGCAA
 Y  V  Q  A  A  N  L  H  L  S  V  L  R  D  V  S  V  F  G  Q

        550       560       570       580       590       600
          |         |         |         |         |         |
AGGTGGGGATTCGATGCTGCAACCATCAATAGCCGTTACAACGACCTTACTAGGCTGATT
 R  W  G  F  D  A  A  T  I  N  S  R  Y  N  D  L  T  R  L  I

        610       620       630       640       650       660
          |         |         |         |         |         |
GGAAACTACACCGACCACGCTGTTCGTTGGTACAACACTGGCTTGGAGCGTGTCTGGGGT
 G  N  Y  T  D  H  A  V  R  W  Y  N  T  G  L  E  R  V  W  G

        670       680       690       700       710       720
          |         |         |         |         |         |
CCTGATTCTAGAGATTGGATTAGATACAACCAGTTCAGGAGAGAATTGACCCTCACAGTT
 P  D  S  R  D  W  I  R  Y  N  Q  F  R  R  E  L  T  L  T  V

        730       740       750       760       770       780
          |         |         |         |         |         |
TTGGACATTGTGTCTCTCTTCCCGAACTATGACTCCAGAACCTACCCTATCCGTACAGTG
 L  D  I  V  S  L  F  P  N  Y  D  S  R  T  Y  P  I  R  T  V

        790       800       810       820       830       840
          |         |         |         |         |         |
TCCCAACTTACCAGAGAAATCTATACTAACCCAGTTCTTGAGAACTTCGACGGTAGCTTC
 S  Q  L  T  R  E  I  Y  T  N  P  V  L  E  N  F  D  G  S  F

        850       860       870       880       890       900
          |         |         |         |         |         |
CGTGGTTCTGCCCAAGGTATCGAAGGCTCCATCAGGAGCCCACACTTGATGGACATCTTG
 R  G  S  A  Q  G  I  E  G  S  I  R  S  P  H  L  M  D  I  L

        910       920       930       940       950       960
          |         |         |         |         |         |
AACAGCATAACTATCTACACCGATGCTCACAGAGGAGAGTATTACTGGTCTGGACACCAG
 N  S  I  T  I  Y  T  D  A  H  R  G  E  Y  Y  W  S  G  H  Q

        970       980       990      1000      1010      1020
          |         |         |         |         |         |
ATCATGGCCTCTCCAGTTGGATTCAGCGGGCCCGAGTTTACCTTTCCTCTCTATGGAACT
 I  M  A  S  P  V  G  F  S  G  P  E  F  T  F  P  L  Y  G  T
```

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

```
      1030      1040      1050      1060      1070      1080
         |         |         |         |         |         |
ATGGGAAACGCCGCTCCACAACAACGTATCGTTGCTCAACTAGGTCAGGGTGTCTACAGA
 M  G  N  A  A  P  Q  Q  R  I  V  A  Q  L  G  Q  G  V  Y  R

      1090      1100      1110      1120      1130      1140
         |         |         |         |         |         |
ACCTTGTCTTCCACCTTGTACAGAAGACCCTTCAATATCGGTATCAACAACCAGCAACTT
 T  L  S  S  T  L  Y  R  R  P  F  N  I  G  I  N  N  Q  Q  L

      1150      1160      1170      1180      1190      1200
         |         |         |         |         |         |
TCCGTTCTTGACGGAACAGAGTTCGCCTATGGAACCTCTTCTAACTTGCCATCCGCTGTT
 S  V  L  D  G  T  E  F  A  Y  G  T  S  S  N  L  P  S  A  V

      1210      1220      1230      1240      1250      1260
         |         |         |         |         |         |
TACAGAAAGAGCGGAACCGTTGATTCCTTGGACGAAATCCCACCACAGAACAACAATGTG
 Y  R  K  S  G  T  V  D  S  L  D  E  I  P  P  Q  N  N  N  V

      1270      1280      1290      1300      1310      1320
         |         |         |         |         |         |
CCACCCAGGCAAGGATTCTCCCACAGGTTGAGCCACGTGTCCATGTTCCGTTCCGGATTC
 P  P  R  Q  G  F  S  H  R  L  S  H  V  S  M  F  R  S  G  F

      1330      1340      1350      1360      1370      1380
         |         |         |         |         |         |
AGCAACAGTTCCGTGAGCATCATCAGAGCTCCTATGTTCTCATGGATTCATCGTAGTGCT
 S  N  S  S  V  S  I  I  R  A  P  M  F  S  W  I  H  R  S  A

      1390      1400      1410      1420      1430      1440
         |         |         |         |         |         |
GAGTTCAACAATATCATTCCTTCCTCTCAAATCACCCAAATCCCATTGACCAAGTCTACT
 E  F  N  N  I  I  P  S  S  Q  I  T  Q  I  P  L  T  K  S  T

      1450      1460      1470      1480      1490      1500
         |         |         |         |         |         |
AACCTTGGATCTGGAACTTCTGTCGTGAAAGGACCAGGCTTCACAGGAGGTGATATTCTT
 N  L  G  S  G  T  S  V  V  K  G  P  G  F  T  G  G  D  I  L

      1510      1520      1530      1540      1550      1560
         |         |         |         |         |         |
AGAAGAACTTCTCCTGGCCAGATTAGCACCCTCAGAGTTAACATCACTGCACCACTTTCT
 R  R  T  S  P  G  Q  I  S  T  L  R  V  N  I  T  A  P  L  S

      1570      1580      1590      1600      1610      1620
         |         |         |         |         |         |
CAAAGATATCGTGTCAGGATTCGTTACGCATCTACCACAAACTTGCAATTCCACACCTCC
 Q  R  Y  R  V  R  I  R  Y  A  S  T  T  N  L  Q  F  H  T  S
```

```
      1630      1640      1650      1660      1670      1680
         |         |         |         |         |         |
ATCGACGGAAGGCCTATCAATCAGGGTAACTTCTCCGCAACCATGTCAAGCGGCAGCAAC
 I  D  G  R  P  I  N  Q  G  N  F  S  A  T  M  S  S  G  S  N

      1690      1700      1710      1720      1730      1740
         |         |         |         |         |         |
TTGCAATCCGGCAGCTTCAGAACCGTCGGTTTCACTACTCCTTTCAACTTCTCTAACGGA
 L  Q  S  G  S  F  R  T  V  G  F  T  T  P  F  N  F  S  N  G

      1750      1760      1770      1780      1790      1800
         |         |         |         |         |         |
TCAAGCGTTTTCACCCTTAGCGCTCATGTGTTCAATTCTGGCAATGAAGTGTACATTGAC
 S  S  V  F  T  L  S  A  H  V  F  N  S  G  N  E  V  Y  I  D

      1810      1820      1830      1840
         |         |         |         |
CGTATTGAGTTTGTGCCTGCCGAAGTTACCTTCGAGGCTGAGTAC
 R  I  E  F  V  P  A  E  V  T  F  E  A  E  Y
```

Evento parental MIR162

El gen sintético vip3Aa19 presente en el plásmido pNOV1300 codifica la proteína Vip3Aa19 que difiere en un único aminoácido (posición 284) con respecto a la proteína Vip3Aa1 codificada por el gen nativo vip3Aa1 de B. thuringiensis cepa AB88 (Estruch y col., 1996). El gen sintético codifica una glutamina en la posición 284 en lugar del residuo lisina codificado por el gen nativo (Long, 2007). La secuenciación del inserto de MIR162 reveló posteriormente un cambio adicional de un aminoácido inducido posiblemente por la transformación genética. La proteína modificada se la denominó proteína Vip3Aa20[16] (Accession number DQ539888). El gen *vip3Aa20* codifica una isoleucina en la posición 129 en lugar de la metionina codificada por el gen *vip3Aa19*. Esta misma proteína es la que se expresa en el algodón VipCotton (evento COT102), el cual ha sido desregulado por el USDA en EEUU. Afortunadamente, esta diferencia de aminoácidos entre Vip3Aa19 y Vip3Aa20 (posición 129) ocurre fuera del core tríptico de la proteína (Lee y col., 2003), por lo tanto no participa de la forma activa de la proteína y no afecta su especificidad insecticida.

[16] http://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/108782283?report=genpept

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

```
Vip3Aa20 (1)   MNKNNTKLSTRALPSFIDYFNGIYGFATGIKDIMNMIFKTDTGGDLTLDE
Vip3Aa19 (1)   MNKNNTKLSTRALPSFIDYFNGIYGFATGIKDIMNMIFKTDTGGDLTLDE

Vip3Aa20 (51)  ILKNQQLLNDISGKLDGVNGSLNDLIAQGNLNTELSKEILKIANEQNQVL
Vip3Aa19 (51)  ILKNQQLLNDISGKLDGVNGSLNDLIAQGNLNTELSKEILKIANEQNQVL

Vip3Aa20 (101) NDVNNKLDAINTMLRVYLPKITSMLSDVIKQNYALSLQIEYLSKQLQEIS
Vip3Aa19 (101) NDVNNKLDAINTMLRVYLPKITSMLSDVMKQNYALSLQIEYLSKQLQEIS

Vip3Aa20 (151) DKLDIINVNVLINSTLTEITPAYQRIKYVNEKFEELTFATETSSKVKKDG
Vip3Aa19 (151) DKLDIINVNVLINSTLTEITPAYQRIKYVNEKFEELTFATETSSKVKKDG

Vip3Aa20 (201) SPADILDELTELTELAKSVTKNDVDGFEFYLNTFHDVMVGNNLFGRSALK
Vip3Aa19 (201) SPADILDELTELTELAKSVTKNDVDGFEFYLNTFHDVMVGNNLFGRSALK

Vip3Aa20 (251) TASELITKENVKTSGSEVGNVYNFLIVLTALQAQAFLTLTTCRKLLGLAD
Vip3Aa19 (251) TASELITKENVKTSGSEVGNVYNFLIVLTALQAQAFLTLTTCRKLLGLAD

Vip3Aa20 (301) IDYTSIMNEHLNKEKEEFRVNILPTLSNTFSNPNYAKVKGSDEDAKMIVE
Vip3Aa19 (301) IDYTSIMNEHLNKEKEEFRVNILPTLSNTFSNPNYAKVKGSDEDAKMIVE

Vip3Aa20 (351) AKPGHALIGFEISNDSITVLKVYEAKLKQNYQVDKDSLSEVIYGDMDKLL
Vip3Aa19 (351) AKPGHALIGFEISNDSITVLKVYEAKLKQNYQVDKDSLSEVIYGDMDKLL

Vip3Aa20 (401) CPDQSEQIYYTNNIVFPNEYVITKIDFTKKMKTLRYEVTANFYDSSTGEI
Vip3Aa19 (401) CPDQSEQIYYTNNIVFPNEYVITKIDFTKKMKTLRYEVTANFYDSSTGEI

Vip3Aa20 (451) DLNKKKVESSEAEYRTLSANDDGVYMPLGVISETFLTPINGFGLQADENS
Vip3Aa19 (451) DLNKKKVESSEAEYRTLSANDDGVYMPLGVISETFLTPINGFGLQADENS

Vip3Aa20 (501) RLITLTCKSYLRELLLATDLSNKETKLIVPPSGFISNIVENGSIEEDNLE
Vip3Aa19 (501) RLITLTCKSYLRELLLATDLSNKETKLIVPPSGFISNIVENGSIEEDNLE

Vip3Aa20 (551) PWKANNKNAYVDHTGGVNGTKALYVHKDGGISQFIGDKLKPKTEYVIQYT
Vip3Aa19 (551) PWKANNKNAYVDHTGGVNGTKALYVHKDGGISQFIGDKLKPKTEYVIQYT

Vip3Aa20 (601) VKGKPSIHLKDENTGYIHYEDTNNNLEDYQTINKRFTTGTDLKGVYLILK
Vip3Aa19 (601) VKGKPSIHLKDENTGYIHYEDTNNNLEDYQTINKRFTTGTDLKGVYLILK

Vip3Aa20 (651) SQNGDEAWGDNFIILEISPSEKLLSPELINTNNWTSTGSTNISGNTLTLY
Vip3Aa19 (651) SQNGDEAWGDNFIILEISPSEKLLSPELINTNNWTSTGSTNISGNTLTLY

Vip3Aa20 (701) QGGRGILKQNLQLDSFSTYRVYFSVSGDANVRIRNSREVLFEKRYMSGAK
Vip3Aa19 (701) QGGRGILKQNLQLDSFSTYRVYFSVSGDANVRIRNSREVLFEKRYMSGAK

Vip3Aa20 (751) DVSEMFTTKFEKDNFYIELSQGNNLYGGPIVHFYDVSIK
Vip3Aa19 (751) DVSEMFTTKFEKDNFYIELSQGNNLYGGPIVHFYDVSIK
```

Figura 19. Alineamiento de aminoácidos de las proteínas Vip3Aa19 y Vip3Aa20. Durante la caracterización del evento MIR162, se observó un cambio en la secuencia del gen vip3Aa19. Esta modificación resultó la sustitución de una metionina por una isoleucina en la posición 129 (resaltada en la figura). El gen resultante se nombró vip3Aa20 (Accession number DQ539888) y la proteína codificada Vip3Aa20.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Evento parental GA21

El gen m-*epsps* presente como en el evento MON-ØØØ21-9 es una versión sintética y modificada del gen completo inicialmente aislado de maíz, por lo que la proteína expresada posee modificaciones que la hacen mínimamente diferente a la EPSPS nativa. Dichas modificaciones consisten en cambios en dos aminoácidos específicos que le confieren a la enzima la resistencia a ser inactivada por el glifosato. La proteína completa esperada es de 570 aminoácidos (Spencer TM et al., 1998), mientras que la proteína secuenciada madura es de 445 aminoácidos, teniendo un tamaño aproximado de 47.4 KDa. La proteína mEPSPS es 99.3 % idéntica a la nativa. Las modificaciones realizadas al gen *mepsps* incluyeron la fusión a un péptido de tránsito optimizado (125 aminoácidos) que permite el direccionamiento celular de la proteína mEPSPS a los cloroplastos, organelo en el que la ruta metabólica del shikimato y el glifosato actúan, dicho péptido es removido en el organelo. La secuencia del péptido de tránsito al cloroplasto es derivado de los genes de la 1,5-bifosfato carboxilasa oxigenasa (RuBisCo) del maíz y del girasol. La proteína se expresa debido a tres copias completas del gen. (Para mayor información, favor de revisar el apartado i*) Descripción de las secuencias flanqueantes, número de copias insertadas, y los resultados de los experimentos que comprueben los datos anteriores, así como la expresión de mensajeros del evento de transformación genética, incluyendo la demostración de los resultados).*

```
1    MASISSSVAT  VSRTAPAQAN  MVAPFTGLKS  NAAFPTTKKA  NDFSTLPSNG
51   GGRVQCMQVW  PAYGNKKFET  LSYLPPLSMA  PTVMMASSAT  AVAPFQGLKS
101  TASLPVARRS  SRSLGNVSNG  GRIRCMAGAE  EIVLQPIKEI  SGTVKLPGSK
151  SLSNRILLIA  ALSEGTTVVD  NLLNSEDVHY  MLGALRTLGL  SVEADKAAKR
201  AVVVGCGGKF  PVEDAKEEVQ  LFLGNAGIAM  RSLTAAVTAA  GGNATYVLDG
251  VPRMRERPIG  DLVVGLKQLG  ADVDCFLGTD  CPPVRVNGIG  GLPGGKVKLS
301  GSISSQYLSA  LLMAAPLALG  DVEIEIIDKL  ISIPYVEMTL  RLMERFGVKA
351  EHSDSWDRFY  IKGGQKYKSP  KNAYVEGDAS  SASYFLAGAA  ITGGTVTVEG
401  CGTTSLQGDV  KFAEVLEMMG  AKVTWTETSV  TVTGPPREPF  GRKHLKAIDV
451  NMNKMPDVAM  TLAVVALFAD  GPTAIRDVAS  WRVKETERMV  AIRTELTKLG
501  ASVEEGPDYC  IITPPEKLNV  TAIDTYDDHR  MAMAFSLAAC  AEVPVTIRDP
551  GCTRKTFPDY  FDVLSTFVKN
```

Figura 20. Predicción de la secuencia de la proteína m-EPSPS expresada en el maíz MON-ØØØ21-9 (Figura tomada de Spencer TM et al., 1998).

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

n) Rutas metabólicas involucradas en la expresión del transgen y sus cambios

Proteínas que confieren resistencia a insectos plaga

La expresión de las proteínas Cry1Ab y Vip3Aa20 el maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 **no implica modificación alguna de ninguna ruta metabólica del maíz**, dado que los genes *cry1Ab* y *vip3Aa20* no existen en el maíz convencional. A fin de comprobar que el metabolismo de la planta de maíz no se ve modificado por la expresión de las proteína Cry1Ab y Vip3Aa20, ni por la expresión de las proteínas PAT, PMI y mEPSPs, se presentan datos de caracterización composicional que sirven como medida directa del metabolismo vegetal.
Adicionalmente y con el fin de dar claridad en cuanto a la seguridad de los mecanismos de síntesis y de acción de las proteínas Cry y Vip en la naturaleza y en plantas GM en general, éstos se describen a continuación.

- **Expresión de las proteínas Cry en *B. thuringiensis*:**

La gran mayoría de las δ-endotoxinas de *B. thuringiensis* están contenidas como cristales de inclusión, que son sintetizadas adyacentes a la endoespora durante la esporulación. Dichas inclusiones cristalinas paraesporales consisten de diferentes proteínas cristalizadas con actividad insecticida, mismas que son codificadas por genes únicos para cada una de ellas. Dependiendo de la composición de las proteínas insecticidas, los cristales pueden presentarse en diferentes estructuras cristalinas como bipiramidal, cuboidal, romboide plano o una mezcla de dos tipos de cristales. Los genes que codifican para las proteínas cristalinas se encuentran usualmente en plásmidos, que son estructuras genéticas circulares auto-replicantes de ADN extra cromosomal que puede ser transferido por conjugación entre varias serovariedades de *B.thuringiensis* y especies relacionadas del género *Bacillus* como *Bacillus cereus* y *Bacillus subtilis.* Los plásmidos de *B. thuringiensis* son relativamente grandes y pueden contener hasta una cuarta parte de la capacidad genética codificante del cromosoma de la bacteria (OECD, 2007).

  - **Protoxinas**

    Los cuerpos de inclusión de los cristales paraesporales formados dentro de las células de *B. thuringiensis*, adyacentes a las endospora, son protoxinas que están compuestas de precursores proteínicos de las δ-endotoxinas activas. Para los tres grupos convencionales de toxinas, (por ejemplo: Cry1, Cry2 y Cry3), la zona media hacia el carboxilo terminal (C-terminal) de las protoxinas inactivas son escindidas enzimáticamente en el tracto digestivo de las larvas susceptibles mediante proteasas tipo tripsinas, para liberar la toxina activa, que consiste en la porción amino terminal (N-terminal) de la molécula de la protoxina original.

    Las protoxinas Cry1 lepidóptero-específicas poseen un tamaño aproximado de 130 – 140 kDa y a excepción de la Cry1I, se acumulan como cuerpos de inclusión en cristales bipiramidales. Existe un gran número de secuencias genéticas diferentes para los genes cry1. Sin embargo las protoxinas de la Cry1A a la Cry1G están en un intervalo 1100-1200 aminoácidos y el fragmento de la porción activa de la molécula de protoxina tiene un tamaño de 60 - 70 kDa, localizado como ya se mencionó en la mitad hacia el N-terminal de la protoxina de las proteínas Cry1A y Cry1C.

    Las protoxinas Cry3 coleóptero-específicas son moléculas más pequeñas de alrededor de 70 kDa, similares a las porciones N-terminal de las protoxinas más largas (Bauer, 1995). Los cristales de

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Cry3 son romboides y requieren de procesos enzimáticos para remover los aminoácidos localizados en N-terminal para formar la toxina activa (OECD, 2007).

- **Expresión de la proteína Cry1Ab en el maíz**

Para asegurar la expresión de una δ- endotoxina en un organismo eucarionte, cuyo gen es de origen procarionte, se requiere solventar algunas dificultades técnicas debido a la diferencia en los sistemas de transcripción y traducción entre procariontes y eucariontes. Es por eso que para la expresión de proteínas Cry en plantas GM, sea común que se aborden estrategias en las que se empleen herramientas de la biotecnología moderna que permitan regular las diferencias transcripcionales, mejorar la estabilidad de los mRNA, usar codones preferenciales de las plantas y eficientizar la traducción, todas estas de uso común en los genes modificados *cry* de *B. thuringiensis* insertados en plantas (OECD, 2007).

Las técnicas actuales de biotecnología moderna permiten controlar específicamente, sí así se desea, la expresión específica y/o diferenciada en diferentes partes de la planta. La gran mayoría de las plantas GM desarrolladas hasta este momento utilizan promotores constitutivos que permiten que las toxinas se expresen en todos los tejidos de la planta, como el caso del CaMV35S empleado en el desarrollo del evento parental SYN-BT-Ø11-1.

La ingestión de material vegetal expresando las δ-endotoxinas, en forma de protoxinas o como toxinas truncas activas, ha demostrado en múltiples estudios que controlan los mismos organismos blanco que si se ingirieran de los cristales de inclusión de la bacteria *B. thuringiensis conteniendo las* δ-endotoxinas nativas (OCDE, 2007).

- **Expresión de proteína Vip3Aa20 en *B. thuringiensis* y en el maíz**

La proteína Vip3Aa20 que se expresa en el evento parental MIR162, tiene una longitud de 789 aminoácidos y un tamaño de 89 kDa. Esta proteína difiere de la proteína nativa Vip3Aa1[17] expresada en la bacteria *B. thuringiensis* cepa AB88 en sólo dos aminoácidos, metionina a isoleucina (129) y lisina a glutamina (284). Esta modificación en los aminoácidos no impactan en la actividad insecticida de la proteína Vip3Aa20 hacia los insectos blanco. La substitución de metionina a isoleucina es inconsecuente con respecto a la actividad insecticida dado que este aminoácido se encuentra dentro de una parte de la proteína que se pierde durante el proceso proteolítico dentro del intestino del insecto (la proteína es cortada entre los aminoácidos 198 y 199 para liberar el fragmento activo de 62 kDa). La substitución de lisina a glutamina se considera una substitución conservadora en el sentido de que ambos aminoácidos son polares con un peso molecular de 146, lo que al parecer este cambio de aminoácidos no afecta la funcionalidad de la proteína.

A diferencia de las proteínas cristalinas (Cry) de Bacillus thuringiensis (Bt), las proteínas Vip son producidas durante el crecimiento vegetativo de la bacteria y son secretadas como proteínas solubles al ambiente extracelular. Los cultivos de las bacterias Bt producen las proteínas Vip durante la fase estacionaria de desarrollo y esporulación. El mecanismo de acción general de las proteínas insecticidas Vip3A dentro del insecto consiste en: (1) ingestión, (2) liberación de la actividad insecticida de la proteína Vip3A a través de una proteasa en el intestino del insecto, (3) unión del fragmento activo a la membrana de las células epiteliales del intestino medio del insecto y, (4) la formación de poros en las

[17] Vip3Aa1 es el nombre de una toxina denominada así por Crickmore et al. (2006) para la proteína native Vip3Aa descubierta inicialmente por Estruch et al. (1996). La proteína Vip3Aa20 es una variante de la proteína nativa que difiere por dos aminoácidos de la proteína nativa y ésta es producida en el evento de maíz MIR162.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

membranas celulares generando así la ruptura de la transmembrana del intestino medio del insecto, provocando la muerte del insecto (Lee et al., 2003). Aunque ambas proteínas Cry y Vip son activadas a través de la proteólisis dentro del intestino del insecto lepidóptero, formando poros en la membrana del intestino de especies sensibles, se ha demostrado que la proteína Vip3Aa tiene diferencias significativas en las propiedades respecto a los receptores de unión y en la formación de poros, indicando que las proteínas Cry y Vip tienen diferentes organismos blanco y mecanismos de acción. El mecanismo de acción de la proteína Vip3Aa es altamente específico para insectos y no resulta tener impacto en los mamíferos (Lee et al., 2003, 2006; Yu et al., 1997).

Proteína que confiere tolerancia a la aplicación del herbicida glifosato

- **Ruta metabólica del Ácido shikímico y expresión del gen *mepsps* en el maíz**

La enzima 3-fosfoshikimato 1-carboxiviniltransferasa sintasa (EPSPS) (EC 2.5.1.19) cataliza el sexto paso en la biosíntesis de los aminoácidos aromáticos a partir del corismato (ruta del shikimato), en bacterias, plantas y hongos (en los que es parte de pasos consecutivos en la misma ruta metabólica). La EPSPS ha sido ampliamente estudiada y es la enzima blanco del herbicida glifosato, que la inhibe.

La secuencia de la EPSP de varios organismos ha mostrado que la estructura cuaternaria de la enzima se ha mantenido bien conservada a lo largo de la evolución. Existen dos patrones conservados importantes para su funcionamiento, la primera región corresponde al sitio activo de la enzima, mismo que es importante para la resistencia al glifosato (Padgette SR., et al., 1991); mientras que el segundo patrón conservado se haya hacia la porción C-terminal de la proteína y posee una lisina conservada que es importante para la actividad de la enzima[18] .

La enzima EPSPS no está presente en los animales, y en las plantas, se localiza en los plastidios. La enzima posee una especificidad rígida hacia sus sustratos que son: ácido fosfoenolpirúvico (PEP) y ácido 3-fosfoshikímico y lo condensa al ácido 5-enolpiruvil-3-fosfonoshikímico. El producto de la reacción es empleado como sustrato por otras enzimas inmediatamente para producir ácido corísmico, que desencadena en ácido antranílico (un precursor del triptófano) y por rearreglos en ácido prefénico (precursor de la fenilalanina y tirosina).

Aún cuando el glifosato (N-fosfonometil-glicina) es un inhibidor competitivo reversible de la enzima EPSPS con respecto al ácido fosfoenolpirúvico (PEP), no inhibe a otras reacciones enzimáticas PEP-dependientes. Sin embargo es no es un inhibidor de la EPSPS con respecto al ácido 3-fosfoshikímico.

Como consecuencia se produce una inhibición de la biosíntesis de los aminoácidos aromáticos, se bloquea la síntesis de proteínas, resultando en la muerte de la planta. Mientras que algunos de los productos siguientes de la reacción catalizada por la EPSPS, aminoácidos y vitaminas son estrictamente esenciales para el crecimiento de los organismos vivos, algunos metabolitos secundarios derivados de la ruta del shikimato pueden tener valor específico para los organismos sobrevivientes que los produzcan (OECD, 1999).

El gen *mepsps* codifica para una enzima 5-enolpiruvil shikimato-3-fosfato sintasa doble mutada (mEPSPS), aislada del maíz (*Zea mays* L.). La 5-enolpiruvil shikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS) nativa

[18] Para mayor información de las características bioquímicas de la proteína favor de visitar: http://www.expasy.org/cgi-bin/nicezyme.pl?2.5.1.19

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

es una enzima clave en la ruta del ácido shikímico para la biosíntesis de los aminoácidos aromáticos fenilalanina, tirosina y triptófano en plantas y microorganismos (Steinrucken y Amrhein, 1980). Las plantas de maíz transformadas con el gen *mepsps*, como expresión en el maíz genéticamente modificado con la tecnología GA21, presenta tolerancia al glifosato (Spencer *et al*., 1998; Lebrun *et al*., 2003). El glifosato se une e inactiva específicamente a la EPSPS, interrumpiendo la síntesis de aminoácidos aromáticos y causando la muerte de la planta.

La *mepsps* tiene baja afinidad con el glifosato. Las concentraciones del glifosato requeridas para llegar a un 50% de inhibición de la actividad de la EPSPS fueron determinadas en 5 mM y 300 mM para el EPSPS del maíz convencional y para el *mepsps* , respectivamente. Esto establece que la enzima del gen *mepsps* tiene una significativa reducida afinidad por el glifosato cuando se compara con la enzima de maíz convencional. Las plantas que expresan la proteína del gen *mepsps* no fueron afectadas por la exposición al glifosato.

El metabolismo general de la planta de maíz no se ve modificado por la expresión de la proteína mEPSPS se presentan datos de caracterización composicional que sirven como medida directa del metabolismo vegetal.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

o) Productos de degradación de la proteína codificada por el transgen en subproductos

A diferencia de las sustancias químicas ingeridas, las proteínas provenientes de alimentos tienen un destino metabólico predecible en el intestino animal o humano, independientemente del origen del alimento, sea derivado de un cultivo convencional o genéticamente modificado. Para evaluar la predicción metabólica de proteínas, sean nuevas o convencionales, se han utilizado ampliamente estudios *in vitro* con soluciones digestivas simuladas para investigar la digestibilidad de proteínas vegetales (Nielson, 1988; Marquez y Lajolo, 1981), proteínas animales (Zikakis *et al*., 1977) y aditivos de alimentos (Tilch y Elias, 1984); para evaluar la calidad de proteínas (Akeson y Stahmann, 1964); para estudiar la digestión en cerdos y en aves de corral (Fuller, 1991); para medir la velocidad de disolución de tabletas con el fin de monitorear la biodegradación de aplicaciones farmacéuticas (Alam *et al*., 1980) y para investigar la liberación controlada de fármacos experimentales (Doherty *et al*., 1991).
Generalmente, la mayoría de los alérgenos en los alimentos tienden a ser estables a las condiciones ácidas y pépticas del sistema digestivo a fin de alcanzar y pasar a través de la mucosa intestinal para provocar una respuesta alérgica (Metcalfe *et al*., 1996; Taylor *et al*., 1987; Taylor, 1992). Sin embargo, algunos investigadores (Veiths *et al*., 1999; Kenna y Evans, 2000; Fu, 2002; revisado por Fu *et al*., 2002) han cuestionado la validez de la estabilidad digestiva como criterio para la evaluación de la alergenicidad en las proteínas. Sin embargo, en la actualidad, la información sobre la digestibilidad gástrica puede utilizarse en un enfoque integral basado en el peso de la evidencia para evaluar el potencial alergénico. Los alérgenos de proteínas conocidos tienden a presentar estabilidad térmica y de procesamiento, mientras que las proteínas lábiles en alimentos que se comen cocidos o que se someten a otro tipo de procesamiento antes del consumo son de menor preocupación.

Híbrido de maíz BT11 x MIR162 x GA21 (SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9)

Las secuencias de las proteínas novedosas expresadas en el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21, son las mismas que se expresan individualmente en los eventos parentales y por consiguiente tienen las mismas características reportadas para estos **(Para mayor información por favor de consultar el apartado** i*) Descripción de las secuencias flanqueantes, número de copias insertadas, y los resultados de los experimentos que comprueben los datos anteriores, así como la expresión de mensajeros del evento de transformación genética, incluyendo la demostración de los resultados*)**.** Sin menoscabo de lo anterior, a continuación se expone lo referente a cada uno de los eventos parentales:

Evento parental BT11

La proteína Cry1Ab como cualquier proteína es susceptible de ser degradada en soluciones ácidas (estómagos de animales y humanos), así como por las proteasas presentes en el tracto digestivo de cada especie. Diversos estudios se han realizado con animales alimentados con maíz GM que expresa la proteína Cry1Ab, entre ellos con vacas lactantes, becerros y puercos, en los que se encontró que la proteína se degrada al pasar por el tracto digestivo, en péptidos de menor tamaño, no encontrándose en tejidos de órganos importantes y que las trazas de péptidos detectables en las heces de estos animales se degradan en medio ambiente muy rápidamente no representando riesgo alguno al medio ambiente (Chowdhury E. H., *et al*., 2003 a y b; Lutz B. *et al*., 2005). Por otro lado en estudios llevados a cabo con gamos alimentados con maíces que expresan Cry1Ab idéntica a la del maíz SYN-BT-Ø11-1 X MON-

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

ØØØ21-9 se observó que no había presencia de la proteína en fluidos gástricos o heces, al ser identificada por ELISA o inmunoblots (Guertler P. *et al*., 2008).

Evento parental MIR162

La susceptibilidad de la proteína Vip3Aa20 a la degradación proteolítica se evaluó en líquido gástrico simulado (SGF) de mamíferos que contenía pepsina, no detectándose Vip3Aa20 intacta (aproximadamente 89 kDa) luego de la digestión de la Vip3Aa20 derivada de las sustancias de prueba (de maíz y microbiana) en SGF durante un minuto según el análisis de SDS-PAGE, ni fragmentos inmunorreactivos restantes en los análisis de inmunoelectrotransferencia Western.

Además, se observó un producto de degradación de bajo peso molecular (ca. 8 kDa) en los análisis de inmunoelectrotransferencia Western de ambas sustancias de prueba, durante un minuto de incubación en SGF. La abundancia de este producto intermedio de digestión disminuyó significativamente durante el tiempo que duró el experimento, indicando así la susceptibilidad a la digestión por pepsina.

Los resultados de este estudio demostraron que la proteína Vip3Aa20, derivada de ambas fuentes (microbiana y vegetal) se digirió rápidamente en presencia de pepsina a un pH 1.2. Estos datos respaldan la conclusión de que la Vip3Aa20 expresada en el maíz del evento MIR162 se digerirá fácilmente como una proteína alimenticia convencional bajo condiciones gástricas típicas en mamíferos.

Respecto del efecto de la temperatura en la proteína Vip3Aa20, se determinó que la incubación de la proteína a 65 ºC durante 30 minutos la inactivaba básicamente.

Evento parental GA21

El gen *mepsps* codifica la proteína mEPSPS, la cual confiere tolerancia a los herbicidas que contienen glifosato. Las proteínas EPSPS son ubicuas en la naturaleza y por lo tanto estarán naturalmente presentes en los alimentos que deriven de fuentes vegetales y microbianas. Esta proteína es degradada rápidamente en ensayos de digestibilidad *in vitro* (Graser 2005). También es sensible al calor y al procesamiento (Kramer 2005; Hill 2005), por lo que no se esperan productos de degradación diferentes de aquellos que normalmente se encuentran en procesos proteolíticos en la naturaleza.

p) Secuencia nucleotídica de las secuencias reguladoras incluyendo promotores, terminadores y otras, y su descripción, número de copias insertadas, pertenencia de éstas secuencias a la especie receptora, inclusión de secuencias reguladoras homólogas a la especie receptora OGM

Esta información ya se describió anteriormente *i) Descripción de las secuencias flanqueantes, número de copias insertadas, y los resultados de los experimentos que comprueben los datos anteriores*, sin embargo para beneficio del lector, se presenta de nuevo:

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Los datos de los análisis de hibridación de Southern demostraron que en el híbrido de maíz con las tecnologías BT11 x MIR162 x GA21 se encuentran copias únicas de los genes *cry1Ab, pat, Vip3Aa20, pmi y mepsps*, y que estos son estables a lo largo de varias generaciones.

A continuación se describe la información de cada evento parental que dio origen al maíz con las tecnologías BT11 x MIR162 x GA21:

Evento parental BT11

- **Regiones Codificadoras**

  - **Gen Cry1Ab (también denominado Btk):**

    El gen cry1Ab presente en el evento SYN-BT-Ø11-1 una versión sintética y modificada del gen completo inicialmente aislado de *Bacillus thuringiensis var. kurstaki* cepa HD-1. El fragmento tiene un tamaño de 1.8 Kb.

    Las modificaciones sufridas por el cry1Ab incluyen modificaciones y truncaje de la secuencia del ADN diseñados con el fin de mejorar su expresión en plantas. Dichas modificaciones no tuvieron como resultado cambios en la secuencia de aminoácidos.

  - **Gen pat:**

    El gen que codifica la enzima fosfinotricin-acetil transferasa (pat) se aisló y caracterizó a partir de la cepa Tu494 del microorganismo de suelo *Streptomyces viridochromogenes* (Strauch, *et al*, 1988). La secuencia nativa (Wohlleben, *et al*, 1988) fue modificada para optimizar su expresión en plantas. Las modificaciones incluyen cambios en el codón de iniciación, pasando del nativo GTG al ATG, así como numerosos cambios en distintos codones con el propósito de disminuir el contenido en GC. Estos cambios a nivel de ADN se realizaron sin alterar la secuencia de aminoácidos de la proteína. El gen modificado fue proporcionado a Novartis por el Dr. Peter Eckes del Hospital General de Massachusetts (Boston, MA, USA) en forma del plásmido pOCA/Ac. De forma breve vamos a explicar cómo se origino el plásmido pOCA/Ac. El gen pat había sido previamente clonado en forma de fragmento SalI insertado en el plásmido pDH51 (Pietrzak, *et al*, 1986). El plásmido pDH51 deriva del plásmido de la serie pUC y contiene una versión de 530 pares de bases del promotor 35S y un terminador NOS de 220 pares de bases. La totalidad de la región genómica había sido previamente clonada como un fragmento EcoRI (de tamaño aproximado 1,3 kb) e insertada en el sitio EcoRI del plásmido pOCA18 (Olszewski, *et al*, 1988) dando como resultado pOCA/Ac. Novartis aisló el fragmento del mediante el enzima de restricción EcoRI para ser subclonado en el plásmido pBluescript KS+ (obtenido de la compañía Stratagene, Inc. y derivado del plásmido pUC19), dando como resultado el plásmido pZO350.

    Más tarde, el gen fue nuevamente subclonado desde el pZO350 en forma de fragmento Sal I - Pst I y combinado con otros fragmentos procedentes del plásmido pZO1083. La región genómica pat fue entonces subclonada desde el plásmido pZO1083 hacia el sitio Bgl II del plásmido pZO997 (véase el apartado Plásmido pZO1502 que antecede).

- **Regiones No Codificadoras**

  Promotores 35S:

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Los promotores 35S se derivan del Virus del Mosaico de la Coliflor (CaMV), (Gardner *et al*, 1981 y Franck *et al*, 1980). Se trata de un promotor constitutivo por lo que los genes que se expresan bajo su control, se expresan en prácticamente la mayoría de los tejidos de la planta.

El 35S-1 se derivo a partir del CM1841 del Virus del Mosaico de la Coliflor aislado (CaMV), (Gardner, *et al*., 1981). Dicho promotor se encuentra en un fragmento de 500 bp que ha sido manipulado par ser clonado con los genes de interés apropiados.

El 35S-2 se derivo a partir de la cepa Cabb-S del CaMV (Franck, *et al*, 1980) en forma de fragmento AluI-DdeI (de un tamaño aproximado 425 pares de bases), cuyos extremos fueron sometidos a las modificaciones necesarias para su clonaje con los genes de interés.

- **Intrones:**

Los intrones se derivan del gen 1S, que codifica la enzima alcohol-deshidrogenasa del maíz (Freeling, and Bennett, 1985). La utilización de estos intrones permite mejorar la expresión génica heteróloga tal como ha sido descrito con anterioridad (Mascarenhas, *et al*, 1990).

- **Terminadores:**

El terminador NOS está constituido por los pares de bases 423-678 del gen de la nopalina-sintetasa de *Agrobacterium tumefaciens*, (Bevan, *et al*, 1983) con la adición de sitios de restricción. Estas regiones son necesarias para que la maquinaria de traducción reconozca el fin del gen.

Evento parental MIR162

- **Estudios de secuenciación**

La constitución genética del evento de transformación SYN-IR162-4 se revisó dada la secuenciación del ADN insertado y de las zonas flanqueantes del genoma del maíz en las que se insertó la secuencia de interés después de la transformación. El análisis de las secuencias flanqueantes mostró que no se han interrumpido genes del funcionales del maíz y no se han generado nuevos marcos de lectura.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

El material genético insertado en el evento MYR162, se resume brevemente en la siguiente tabla:

Tabla 11. Resumen de los elementos genéticos introducidos del plásmido pNOV1300

Elemento Genético	Ubicación dentro del plásmido pNOV1300 (pb)	Tamaño (pb)	Función
ZmUbiInt	200-2192	1993	Región del promotor del gen poliubicuitina de *Zea mays*; contiene el primer intrón (GenBank, número de acceso S94464). Proporciona expresión constitutiva en monocotiledóneas (Christensen et al., 1992).
vip3Aa19	2214-4583	2370	Versión modificada del gen nativo *vip3Aa1* (Estruch et al., 1996) encontrada en la bacteria del suelo *Bt* cepa AB88. El gen *vip3Aa19* fue modificado para alojar al codón seleccionado para el uso en maíz (Murray et al., 1989). El gen *vip3A19* (Entrez™ Accession Number DQ539887 (NCBI, 2006)) codifica la proteína Vip3Aa19 y difiere de la proteína Vip3Aa1 en un solo aminoácido en la posición 284. El gen *vip3Aa1* codifica lisina en la posición 284 y el gen *vip3Aa19* codifica glutamina. La proteína Vip3Aa confiere resistencia a varios insectos lepidópteros.
iPEPC9	4600-4707	108	Intrón número 9 del gen fosfoenolpiruvato carboxilasa (Entrez Accession Number X15239; NCBI, 2006) del Z. mays (Hudspeth and Grula, 1989).
CaMV35S terminador	4710-4779	70	Secuencia del terminador del virus del mosaico de la coliflor (similar al Entrez™ Accession Number AF140604). Su función es proveer una secuencia de poliadenilación (Franck et al., 1980).
ZmUbiInt	4798-6790	1993	Región del promotor del gen poliubicuitina de *Zea mays*, incluyendo el primer intrón (GenBank número S94464). Proporciona expresión constitutiva en monocotiledóneas (Christensen et al., 1992).
pmi	6803-7978	1176	Gen *manA* de la *Escherichia coli* que codifica a la fosfomanosa isomerasa (Entrez™ Accession Number M15380). Cataliza la isomerización de la manosa-6-fosfato a fructosa-6-fosfato (Negrotto et al., 2000).
NOS	8039-8291	253	Secuencia del terminador del gen de la nopalina sintasa de *Agrobacterium tumefaciens* (GenBank Accession Number V00087). Su función consiste en proveer un sitio de poliadenilación (Depicker et al., 1982).

- **Número de copias insertadas**

Los datos de los análisis de hibridación de Southern y la secuenciación demostraron que en el maíz con la tecnología SYN-IR162-4 existen copias únicas de los genes *vip3Aa20* y *pmi*, dos copias del promotor poliubiquitina de maíz (*ZmUbiInt*), además del promotor poliubiquitina endógeno y una copia del terminador *NOS*. El evento SYN-IR162-4 no contiene ninguna secuencia del esqueleto del plásmido de transformación pNOV1300.

Los análisis de secuenciación del inserto completo presente en el maíz con la tecnología SYN-IR162-4 confirman la integridad total del inserto y que la continuidad de los elementos funcionales se ha mantenido. Adicionalmente los estudios de Southern blot demostraron que el inserto es estable a lo largo de varias generaciones.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Estudios de los RNA mensajeros**

Dado que en los estudios de Southern blot se observa una sola banda debido a un solo inserto, no se esperan cambios en los patrones de los RNA mensajeros transcritos, así como el análisis de las secuencias flanqueantes mostró que no se han interrumpido genes funcionales del maíz y no se han generado nuevos marcos de lectura.

Evento parental GA21

El material genético insertado en el evento MON-ØØØ21-9, se resume brevemente en la siguiente tabla:

Tabla 12. Elementos funcionales presentes en el ácido nucleíco insertado del evento GA21 con tamaño aproximado.

Elemento	Tamaño aprox. (Kb)	Origen y función
Promotor e intrón de actina del arroz	1.4	Región 5' del gen *actina 1* del arroz (*Oryza sativa*) que contiene el promotor, el primer exón y el primer intron (McElroy *et al*., 1990). Proporciona la expresión constitutiva del gen mepsps .
Péptido de tránsito optimizado (PTO)	0.4	Péptido N-terminal de tránsito al cloroplasto (CTP) basado en las secuencias de CTP de girasol (*Helianthus annus*) y maíz (*Zea mays*). Dirige la proteína modificada 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (mepsps) al cloroplasto (Lebrun, *et al*., 1996)
Gen mutado del maíz *epsps*	1.3	Secuencia que codifica para la proteína mepsps en el maíz modificado *Zea mays* L., que confiere tolerancia al i.a. glifosato (Lebrun *et al*., 2003).
Extremo nos 3'	0.3	Región 3' no traducible del gen nopalina sintasa del ADN-T de *Agrobacterium tumefaciens*, que termina la transcripción y dirige la poliadenilación del ARNm (Depicker et al., 1982).

Esta información ya se describió anteriormente *i) Descripción de las secuencias flanqueantes, número de copias insertadas, y los resultados de los experimentos que comprueben los datos anteriores*, y para mayor información.

Regiones Codificadoras

- **Gen m-epsps:**

El gen *mepsps* codifica para una enzima 5-enolpiruvil shikimato-3-fosfato sintasa doble mutada (mEPSPS), aislada del maíz (*Zea mays* L.).

El fragmento tiene un tamaño de 1.34 Kb. Las modificaciones realizadas al gen mepsps incluyeron: mutagénesis puntual para disminuir la sensibilidad de la enzima al glifosato y la fusión a un péptido de tránsito optimizado que permite el direccionamiento celular de la proteína mEPSPS a los cloroplastos, organelo en el que la ruta metabólica del shikimato se lleva a cabo. La secuencia del péptido de tránsito al cloroplasto es derivado de los genes de la 1,5-bifosfato carboxilasa oxigenasa (RuBisCo) del maíz y del girasol.

- **Regiones No Codificadoras**

  - **Promotor de la actina de arroz:**

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Con el fin de dirigir la expresión del gen insertado se empleó la secuencia 5' del promotor de la actina 1 de arroz, que incluye el primer intrón. (McElroy D. *et al*, 1990). Este promotor promueve la expresión constitutiva de la proteína en todos los tejidos de la planta de maíz.

- **Terminadores:**

El terminador NOS está constituido por los pares de bases 423-678 del gen de la nopalina-sintetasa de *Agrobacterium tumefaciens*, (Bevan, *et al*, 1983) con la adición de sitios de restricción. Estas regiones son necesarias para que la maquinaria de traducción reconozca el fin del gen.

q) Patogenicidad o virulencia de los organismos donadores y receptores

Tomando en cuenta las definiciones de patogenicidad[19] y virulencia[20], y la información presentada en los incisos anteriores se puede asegurar que en el caso del maíz no existe evidencia científica alguna de que se pueda comportar como patógeno de ningún grupo biológico, es más el uso de éste cultivo por más de 9,000 años como fuente primordial de alimento entre las culturas mesoamericanas avalan esta afirmación. Aún cuando el uso seguro del maíz con la tecnología SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR162-4 X MON-ØØØ21-9 ya ha sido probado por diversas entidades regulatorias, a continuación se presenta un breve resumen sobre las características patogénicas o virulentas de los organismos donadores que intervinieron en el desarrollo de los eventos parentales, producto de la biotecnología moderna.

Evento parental BT11

- ***Bacillus thuringiensis* serovar *kurstaki*:**

La eficacia de la toxicidad de las proteínas Bt va a depender de que se presente todos los siguientes factores:

1. La solubilización de las protoxinas en el tracto digestivo de los individuos susceptibles,
2. La conversión de las protoxina a toxinas biológicamente activas debido a la proteólisis enzimática,
3. Presencia en el individuo de los receptores membranales específicos de unión a la porción C-terminal de la toxina activa
4. Formación del poro por la porción N-terminal de la toxina
5. Lisis subsecuente de las células epiteliales
6. Germinación de las esporas
7. Proliferación de las células vegetativas en la hemolinfa, resultando en septicemia

[19] **Patógeno:** (del griego *pathos*, enfermedad y *genein*, engendrar) es toda aquella entidad biológica capaz de producir enfermedad o daño en la biología de un huésped (humano, animal, vegetal, etc.) sensiblemente predispuesto. El mecanismo de la patogenicidad ha sido muy estudiado y tiene varios factores, algunos de los cuales son dependientes del agente patógeno y otros del huésped.

[20] **Virulencia**: designa el carácter patogénico, nocivo de un microorganismo, como una bacteria, hongo o virus.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Sin embargo los receptores de unión membranales toxina-específicos, son el mayor determinante de la especificidad del hospedero susceptible. (WHO, 1999). Por lo que la patogenicidad asociada va a depender de la composición del cuerpo de inclusión y de los receptores del hospedero. Es ampliamente sabido que en la gran mayoría las cepas de Bt son tóxicas para las familias *Coleóptera, Díptera y Lepidóptera*, no así para otros insectos o animales superiores, incluidos el hombre.

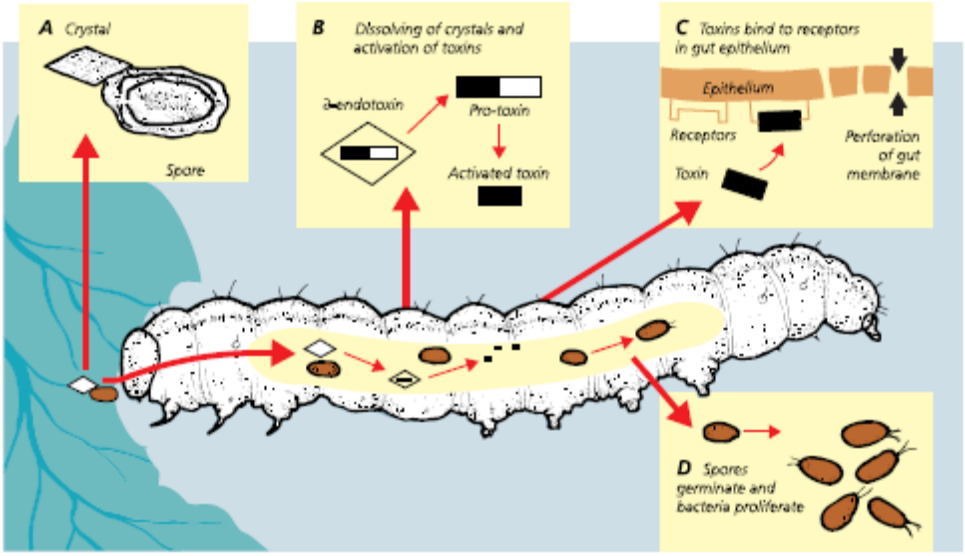


Figura 21. Esquema de acción de las proteínas Bt. A: Cristal y Espora; B: Al disolverse los cristales, se liberan las protoxinas, en el ambiente alcalino del tracto digestivo se escinden las protoxinas a su forma activa; C: Las toxinas se unen a los receptores específicos en el epitelio del tracto digestivo del insecto, dando formando poros; D: Las esporas germinan y las bacterias proliferan. Figura tomada de: WHO, 1999

- **S. *viridochromogenes*** (Krainsky 1914) Waksman and Henrici 1948

  Las bacterias del género *Streptomyces* son el género más grande de las *Actinobacteria*. Se encuentran naturalmente en el suelo y en vegetación en descomposición. Se sabe que hay especies del género *Streptomyces* que pueden ser patógenas de algunos cultivos como papas o camotes, tales especies son: *S. ipomoeae*, *Streptomyces acidiscabies* y *S. scabies* (Loria R. *et al.*, 1997), sin embargo es bien sabido que la especie *S. viridochromogenes* no presenta características patogénicas para seres humanos, plantas o animales (Hérouet C. *et al*.2005), por lo que no se anticipan riesgos ni a la salud humana o a la diversidad biológica, salud animal, vegetal o acuícola derivado de la liberación en fase experimental del maíz SYN-BT-Ø11-1 X MON-ØØØ21-9 al medio ambiente (OECD, 1999).

- **Virus del mosaico de la Coliflor CaMV35S**:

  Los Caulimoviruses son trasmitidos de forma natural por áfidos y se inoculan vía la savia de la planta, el rango de huéspedes es relativamente restringido a la Cruciferáceas y existen reportes de infección experimental en dos solanáceas: *Datura stramonium* y *N. bigelovii (*Schoelz J., *et al*,1986).

- ***Agrobacterium tumefaciens*** Smith & Townsend, 1907

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

La bacteria *Agrobacterium tumefaciens* es el agente causal natural de la enfermedad de la agalla de la corona (formación de tumores) en aproximadamente 140 plantas dicotiledóneas. Es un bacilo Gram negativo que se encuentra presente de forma cotidiana en el suelo. Los síntomas que produce en la plantas son causados por la inserción de una pequeña porción de ADN (t-DNA o ADN de transferencia) en las células de la planta, que es incorporada por ésta en el genoma en forma semi-aleatoria. No existen reportes de patogenicidad hacia otros grupos de seres vivos.

Evento parental MIR162

- ***Bacillus thuringiensis* serovar *kurstaki*:**

Como se menciono anteriormente, los receptores de unión membranales toxina-específicos, son el mayor determinante de la especificidad del hospedero susceptible. (WHO, 1999). Por lo que la patogenicidad asociada va a depender de la composición del cuerpo de inclusión y de los receptores del hospedero. Es ampliamente sabido que en la gran mayoría las cepas de Bt son tóxicas para las familias *Coleóptera, Díptera y Lepidóptera*, no así para otros insectos o animales superiores, incluidos el hombre.

Estos eventos afectan los procesos digestivos y causan la muerte irremediable del insecto. La superficie de las células intestinales de los mamíferos no posee receptores para las delta endotoxinas de la subespecie B. thuringiensis; por lo tanto, los humanos no son susceptibles a estas proteínas. Esto se ha confirmado mediante numerosos estudios de seguridad llevados a cabo en animales de laboratorio, los cuales son, tradicionalmente sustitutos experimentales de los humanos. Se han publicado los resultados de algunos de estos estudios en revistas científicas (Ignoffo, 1973; Shadduck et al., 1983; Siegel y Shadduck, 1989).

Los resultados no publicados de los estudios de seguridad llevados a cabo por las empresas que registran las preparaciones comerciales de *B. thuringiensis* han sido resumidos en la Norma de Registro para Formulaciones de Bt de la EPA (EPA, 1988).

Estas consideraciones científicas demuestran los antecedentes de utilización segura de las preparaciones de B. thuringiensis. De acuerdo con los datos científicos disponibles, la EPA y otras entidades científicas reguladoras del mundo han determinado que el uso de productos registrados de B. thuringiensis no presenta un riesgo significativo para la salud de los humanos o para los organismos no blanco.

- ***Escherichia coli***

Las cepas de Escherichia coli se han utilizado durante los últimos 60 años en el estudio de la fisiología y genética bacteriana. La cepa K12 de tipo silvestre se utilizó históricamente en los primeros estudios sobre conjugación y recombinación (Swartz, 1996). La utilización y el estudio de la cepa K12 siguieron predominando debido a su utilización en el estudio de recombinación, generación y mapeo mediante la conjugación de un gran número de mutantes en rutas metabólicas, que contribuyeron a los estudios de genética y fisiología bacteriana. En un estudio de cepas de E. coli que incluía representantes de la cepa K12, la amplificación de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) demostró la ausencia de genes de virulencia definida presentes en aislados patógenos de este género (Kuhnert et al., 1997). Los autores concluyeron que las cepas K12 comúnmente utilizadas en el laboratorio están desprovistas de factores virulentos y deben ser consideradas no patógenas. De forma similar, en un estudio más directo del potencial

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

patógeno de las cepas K12 llevado a cabo en un modelo de ratón BALB/c e intestino de polluelo, se llegó a la conclusión de que las cepas K12 no poseen mecanismos patógenos reconocidos y deben ser consideradas no patógenas (Chart et al., 2000). De acuerdo con estos estudios y con el hecho de que la cepa K12 de E. coli ha sido ampliamente utilizada en investigaciones y en muchos laboratorios durante décadas sin que hubiera causado daños, la cepa K12 de E. coli se reconoce en general como segura.

- **Virus del mosaico de la Coliflor CaMV35S**:

Los Caulimoviruses son trasmitidos de forma natural por áfidos y se inoculan vía la savia de la planta, el rango de huéspedes es relativamente restringido a la Cruciferáceas y existen reportes de infección experimental en dos solanáceas: *Datura stramonium* y *N. bigelovii (*Schoelz J., *et al*, 1986).

- ***Agrobacterium tumefaciens*** Smith & Townsend, 1907

La bacteria *Agrobacterium tumefaciens* es el agente causal natural de la enfermedad de la agalla de la corona (formación de tumores) en aproximadamente 140 plantas dicotiledóneas. Es un bacilo Gram negativo que se encuentra presente de forma cotidiana en el suelo. Los síntomas que produce en la plantas son causados por la inserción de una pequeña porción de ADN (t-DNA o ADN de transferencia) en las células de la planta, que es incorporada por ésta en el genoma en forma semi-aleatoria. No existen reportes de patogenicidad hacia otros grupos de seres vivos.

Evento parental GA21:

- ***Zea mays subsp. mays L***

Sin menoscabo de lo mencionado al inicio de este inciso, para el caso del maíz proveniente del evento GA21 que expresa la proteína mepsps , la cual confiere tolerancia a los herbicidas que contienen glifosato, el organismo receptor y donador, el maíz, posee una largo historia de su uso seguro en el mundo. Ninguna de las secuencias de genes introducidas en el evento GA21, o sus donadores han sido identificados por ser patogénicos al hombre. La proteína mepsps que proviene de *Zea mays* muestra más de un 99.3% de homología con la proteína EPSPS de maíz, y es expresada en niveles extremadamente bajos en la planta (Hill 2006). Las proteínas EPSPS son ubicuas en la naturaleza y por lo tanto estarán naturalmente presentes en los alimentos que deriven de fuentes vegetales y microbianas. Esta proteína no posee una homología de aminoácidos significativas respecto de proteínas conocidas como toxinas o alérgenos para mamíferos (Harper 2007 y 2008a) y es degradada rápidamente en ensayos de digestibilidad in vitro (Graser 2005). También es sensible al calor y al procesamiento (Kramer 2005; Hill 2005). Se desarrollaron estudios que comparan la composición de plantas de maíz del evento GA21 con plantas no GM. Todos los estudios llegan a la conclusión que el maíz GM es substancialmente equivalente al maíz convencional (Kramer y De Fontes, 2005). Además el evento GA21 ya se encuentra aprobado para su uso en alimentación humana y animal en muchos países del mundo y no se ha reportado efectos adversos.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Por lo tanto para el caso del evento GA21, tanto la planta como la nueva proteína tienen un historial de consumo seguro por el hombre y animales. Además de esto, se llevó a cabo un estudio de toxicidad oral aguda con la proteína mepsps . El estudio confirmó que la proteína no produce toxicidad aguda en ratones, en pruebas de altas dosis. Los resultados mostraron que no hubo efectos sobre la condición clínica, peso corporal, consumo de alimento, patologías clínicas, peso de órganos, patologías macroscópicas y microscópicas que fueran relacionadas a la administración de la proteína en ratones machos y hembras (Barnes 2005); confirmando nuevamente el perfil no tóxico de esta proteína.

Las toxinas son conocidas por actuar vía mecanismos agudos a bajas dosis (Sjoblad et al., 1992) y no acumularse, el test de toxicidad aguda fue apropiado para confirmar la seguridad de la proteína mepsps . Esta proteína es digerida rápidamente, esto demuestra la falta de toxicidad aguda y la no homología con toxinas conocidas. Por lo tanto podría ser considerada no tóxica y con muy baja probabilidad de riesgo a la salud del hombre y los animales. Por esto no se consideró necesario otros estudios toxicológicos adicionales para demostrar la seguridad de la expresión de la nueva proteína.

En resumen, las proteínas EPSPS incluyendo a mepsps expresadas en el evento GA21 no presentan características que indiquen un potencial riesgo para la salud, estas tienen un historial de uso seguro y los estudios realizados a la fecha lo han corroborado; por lo tanto puede considerarse la mepsps como una proteína no riesgosa.

- ***Agrobacterium tumefaciens*** Smith & Townsend, 1907

La bacteria *Agrobacterium tumefaciens* es el agente causal natural de la enfermedad de la agalla de la corona (formación de tumores) en aproximadamente 140 plantas dicotiledóneas. Es un bacilo Gram negativo que se encuentra presente de forma cotidiana en el suelo. Los síntomas que produce en la plantas son causados por la inserción de una pequeña porción de ADN (t-DNA o ADN de transferencia) en las células de la planta, que es incorporada por ésta en el genoma en forma semi-aleatoria. No existen reportes de patogenicidad hacia otros grupos de seres vivos.

r) Genes de selección utilizados durante el desarrollo del OGM y el fenotipo que confiere estos genes de selección, incluyendo el mecanismo de acción de estos genes;

Evento parental BT11

- **Ausencia del gen *bla* (*amp)* de la beta-lactamasa**

Previamente a la transformación, y con el fin de eliminar el gen de la beta-lactamasa (amp) del fragmento vector portador de los genes *pat* y *Bt*, el plásmido pZO1502 se sometió a digestión con la enzima NotI. Para demostrar la ausencia del gen *amp* en el evento de transformación SYN-BT-Ø11-1, se procedió a digerir la totalidad del ADN con dos enzimas de restricción aleatoria, la enzima BglII y la EcoRI, con posterior separación por tamaño de los fragmentos mediante electroforesis en gel de agarosa. Después de transferir el ADN a las membranas de nylon, se procedió a hibridar con un fragmento NotI marcado con P32 procedente del plásmido pZO1502 y portador del gen completo *amp* a fin de llevar a cabo un análisis de Southern-blot. Los controles negativos se obtuvieron de una línea parental no

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

transgénica denominada J9090. Como control positivo se utilizó el ADN total del maíz Bt10 obtenido por transformación, del que se sabe que es portador del gen *amp* junto con los genes Bt y pat. El evento de transformación Bt10 **no es objeto de la presente solicitud**, y fue utilizado simplemente a efectos de control positivo en los estudios de laboratorio.

Salvo en lo que al control positivo se refiere, consistente en el ADN total del evento de transformación Bt10, la hibridación con el fragmento NotI marcado con fósforo 32 portador del *amp* no dio como resultado ninguna señal positiva, y por consiguiente demuestra la ausencia del gen *amp* en el evento de transformación SYN-BT-Ø11-1. Dicha ausencia se confirmó mediante la realización de análisis Southern-blot adicionales y PCR

Evento parental MIR162

- **Expresión de la proteína PMI presente en el maíz con la tecnología MIR162, usada como marcador de selección**

La enzima fosfomanosa isomerasa (PMI) producida en las plantas derivadas del evento parental MIR162, es codificada por el gen nativo *pmi* (también conocido como el gen "*manA*") de *Escherichia coli* (cepa K-12; Miles y Guest, 1984). El gen *pmi* (GenBank® N.° de acceso M15380; NCBI, 2003) codifica una proteína (GenBank N.º de acceso AAA24109.1) de 391 aminoácidos y un peso molecular aproximado de 45.000. La fosfomanosa isomerasa cataliza la interconversión reversible de manosa-6-fosfato y fructosa-6-fosfato (Figura 20) y requiere de zinc para activarse. La reacción de PMI es específica para la manosa-6-fosfato y fructosa-6- fosfato con una constante de equilibrio (Keq) de casi 1,0. Se desconocen otros sustratos naturales para la PMI (Freeze, 2002).
Las células vegetales que manifiestan la presencia del gen *pmi* son capaces de sobrevivir y desarrollarse teniendo manosa como fuente única o primaria de carbono. Bajo las mismas condiciones, las células vegetales que carecen del PMI acumulan manosa-6-fosfato y su desarrollo se ve afectado. La manosa y los derivados de la manosa (por ej., polímeros de carbohidratos, glicoproteínas y glicolípidos) son elementos habituales de las células vivas y constituyen el componente o producto clave del metabolismo intermedio (Reed *et al*., 2001). La manosa es fosforilada por la hexoquinasa para convertirse en manosa-6-fosfato y ante la presencia de PMI ingresa a la vía glicolítica luego de la isomerización a fructosa-6-fosfato. También se determinó que la manosa es una precursora para la síntesis del ascorbato (Wheeler *et al*., 1998).

Hace aproximadamente 50 años, se describió por primera vez el efecto que produce la manosa en las plantas, que era el de no permitir la respiración en los cultivos de trigo y tomate (Stenlid, 1954; Morgan y Street, 1959; revisado por Reed *et al*., 2001). Esto parece ser producto de la acumulación de manosa-6-fosfato, una consecuencia de la cual resulta la inhibición de fosfoglucosa isomerasa, que luego interrumpe la glicólisis (Goldsworthy y Street, 1965). Otros efectos causados son: (1) reducción drástica del pirofosfato necesario para la producción de trifosfato de adenosina (ATP) (Goldsworthy y Street, 1965; Herold y Lewis, 1977); (2) represión transcripcional de los genes relacionados con la fotosíntesis y el ciclo del glioxilato (Jang y Sheen, 1994, 1997) y (3) apoptosis en las células del maíz (Stein y Hansen, 1999).

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

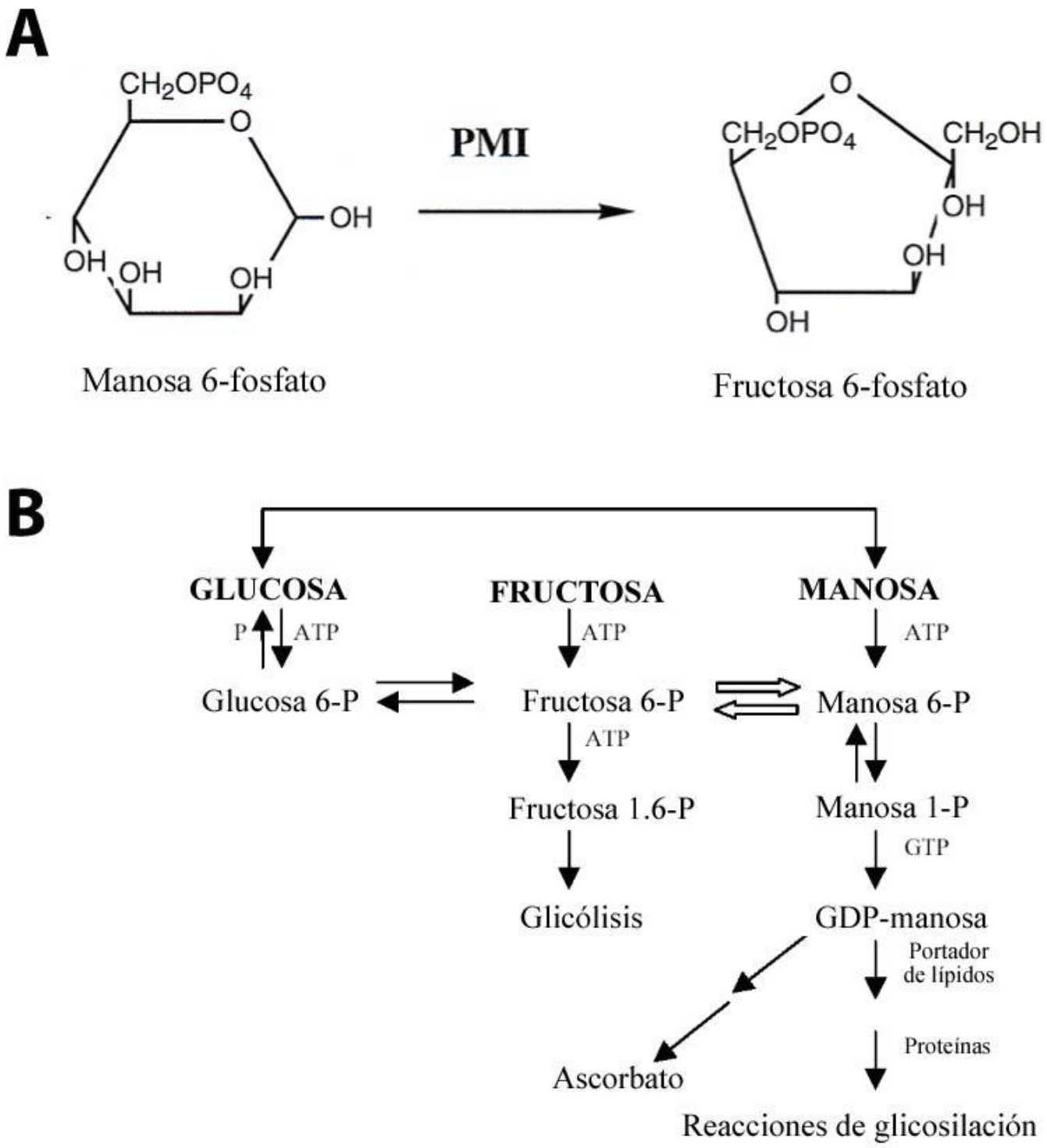


Figura 22. Mecanismos de reacción de la fosfomanosa isomerasa
A. Reacción catalizada por fosfomanosa isomerasa.
B. Metabolismo intermedio básico en el que interviene la manosa en las células vegetales. La reacción catalizada por PMI se indica por medio de flechas abiertas.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Las células vegetales que producen PMI pueden transformar la manosa en un componente de fácil metabolización, fructosa-6-fosfato, y, de esta manera, mejorar el nivel de energía de las células e impedir que se acumule manosa derivada (Joersbo *et al*., 1999). La PMI ha demostrado ser un marcador seleccionable efectivo mediante múltiples métodos de transformación aplicados a diversos vegetales, que incluyen maíz, trigo, cebada, remolacha azucarera, tomate, arroz, mandioca y *Arabidopsis thaliana* (Reed *et al*., 2001; Negrotto *et al*., 2000; Wright *et al*., 2001; Joersbo *et al*., 1999; Lucca *et al*., 2001; Zhang *et al*., 2000; Todd y Tague, 2001). La utilización de PMI como marcador seleccionable y de manosa como agente selectivo proporciona un sistema de selección eficiente y alternativo a los marcadores más tradicionales que confieren resistencia a antibióticos y herbicidas. En el sistema de selección de PMI, la manosa sólo es utilizada durante el proceso de selección de las células transformadas en el cultivo; no se utiliza como agente selectivo en las plantas ya desarrolladas.

Las enzimas de fosfomanosa isomerasa, con distintos niveles de homología de aminoácidos, se pueden encontrar fácilmente en los procariontes y eucariontes. Aunque no se ha podido detectar PMI en algunos vegetales, se han podido encontrar enzimas PMI en diversas especies vegetales tales como el tabaco (Barb *et al*., 2002), el pino (Kara *et al*., 1997), el nogal (Malvoti *et al*., 1993), los lirios (Miller, 1989), especies Brassica (Chen *et al*., 1989), Arabidopsis thaliana (berro; Fujiki *et al*., 2001), así como también en semillas de soya y otras legumbres (Lee y Matheson, 1984). También se encontraron genes que codifican enzimas PMI putativas en arroz (Sasaki *et al*., 2002) y guar (Joersbo *et al*., 1997). Las enzimas PMI han sido purificadas e identificadas en muchos otros organismos, entre los que se encuentran bacterias, levaduras, ratas, cerdos y seres humanos (Proudfoot *et al*., 1994a; Davis *et al*., 2002) y se pudo comprobar que son esenciales para muchos organismos, como *E. coli* (Markovitz *et al*., 1977), hongos (Proudfoot *et al*., 1994a) y seres humanos. La fosfomanosa isomerasa de E. coli contiene altos niveles de homología de aminoácidos con respecto a la PMI de otras bacterias entérico Gram negativas (Tabla 13). Las proteínas PMI de distinto origen poseen una homología de secuencia inferior con respecto a la PMI de *E. coli*, aunque muchas de éstas comparten regiones de aminoácidos altamente conservados.
Proudfoot *et al*. (1994b) planteó la idea de tres tipos de enzimas PMI (Tipos I, II y III) según la identidad de sus aminoácidos. La enzima PMI de la *E. coli* fue clasificada como Tipo 1, al igual que las enzimas PMI de la *Salmonella typhimurium*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Aspergillus nidulans*, *Candida albicans* y de los seres humanos. La actividad de la fosfomanosa isomerasa se encuentra presente en muchos tejidos de mamíferos, tales como en músculo esquelético, cerebro, corazón, hígado, bazo, pulmones y placenta (Freeze, 2002). Se descubrió que la deficiencia congénita de PMI en los seres humanos causa un extraño tipo de síndrome de glicoproteínas deficientes en carbohidratos, lo que produce mutaciones en el gen *pmi*. Para controlar esta enfermedad, se utiliza un tratamiento de manosa por vía oral (deLonlay *et al*., 1998; Keir *et al*., 1999; Hendriksz *et al*., 2001).

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 13. Comparación de secuencia de aminoácidos de la proteína PMI codificada en el evento de maíz MIR604 con proteínas PMI a distinto origen

Organismos	Rango de identidad porcentual de aminoácidos	Rango de superposición de secuencia de aminoácidos
Bacterias entérico Gram negativas	70 – 100	316 – 391
Otras bacterias Gram negativas	32 – 49	88 – 254
Bacterias Gram positivas	30 – 40	150 – 222
Mamíferos	33 – 40	84 – 199
Hongos incluidas levaduras	28 – 35	156 – 207
Vegetales	30 – 34	88 – 208
Nematodos	28 – 31	172 – 187
Insectos	30 – 32	192 – 194

a. Comparación realizada mediante el análisis BLASTP (versión 2.2.6) para todas las secuencias no redundantes de GenBank (NCBI, 2003).
b. El evento de maíz MIR604 contiene el gen *pmi* (*manA*) de *E. coli*.

Evento parental GA21

- **Ausencia del gen *bla* (*amp)* de la beta-lactamasa**

Para demostrar la ausencia del gen *bla (amp)* en el evento de transformación MON-ØØØ21-9, se procedió a digerir la totalidad del ADN con la enzima de restricción *Eco*RV, con posterior separación por tamaño de los fragmentos mediante electroforesis en gel de agarosa. Después de transferir el ADN a las membranas de nylon, se procedió a hibridar con un fragmento pUC19, plásmido que dio origen al pDPG434, a fin de llevar a cabo un análisis de Southern-blot y determinar la ausencia de los elementos presentes en el plásmido pDPG434, incluyendo la región *amp*.

Resultado del análisis Southern-blot, la hibridación del ADN del evento de transformación GA21 (MON-ØØØ21-9) con el fragmento pUC19 no dio como resultado ninguna señal positiva, y por consiguiente demuestra la ausencia del gen *amp* en el evento de transformación MON-ØØØ21-9.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

s) Número de generaciones que mostraron estabilidad en la herencia del transgen

Maíz con las tecnologías BT11 X MIR162 X GA21

El inserto está integrado de manera estable en el genoma de los eventos parentales de maíz BT11, MIR162 y GA21, y el inserto de cada uno de los eventos solos, segregan un solo gen de acuerdo a las leyes genéticas Mendelianas.

Las semillas F1 de la cruza de BT11 x MIR162 x GA21, objeto de esta solicitud, se producen a través de mejoramiento convencional cruzando las líneas puras BT11, MIR162 y GA21. Las semillas de la cruza de BT11 x MIR162 x GA21 son plantadas por los agricultores (F2), que a su cosecha son utilizadas como alimento humano y animal o bien en la industria. Dicho grano o productos se introducen a la cadena de productos básicos y no a la siembra.

La estabilidad de los rasgos heredados de las líneas puras BT11, MIR162 y GA21 en el maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21, se demuestra a través de los estudios antes mencionados en los incisos anteriores. A continuación se presenta información respecto de la herencia en los eventos parentales que dieron lugar al híbrido de maíz con la tecnología BT11 X MIR162 X GA21:

Evento parental BT11

Los resultados obtenidos mediante análisis de hibridación de Southern demostraron que el locus transgénico en el maíz SYN-BT-Ø11-1 se mantiene estable a lo largo de varias generaciones (el evento fue desarrollado en 1990), para llevar a cabo los experimentos de hibridización se emplearon sondas específicas de los genes *cry1Ab y pat*, y los patrones de hibridización que se presentaron a lo largo de varia generaciones fueron idénticos. La conclusión de estos estudios ayuda a demostrar que el locus transgénico es estable a lo largo de varias generaciones.

Evento parental MIR162

La estabilidad de la expresión de las proteínas Vip3Aa20 y PMI en el evento MIR162 se evaluó en plantas de diferentes generaciones. Las plantas pertenecientes a tres generaciones de entrecruzamiento (BC1F1, BC2F1 y BC4F1) fueron sembradas bajo condiciones estándar de invernadero y fueron analizadas por PCR para distinguir a las plantas hemicigotas con los transgenes *vip3Aa20* y *manA* (*pmi*) de entre las plantas segregantes negativas de cada generación de entrecruza. Todas las hojas saludables se colectaron de entre 8 a 10 plantas por cada generación del evento MIR162, así como de una o dos plantas no transgénicas (segregantes negativas). Las muestras de hojas y granos fueron procesadas y analizadas por ELISA para determinar las concentraciones de las proteínas Vip3Aa20 y PMI.

Evento parental GA21

Los resultados obtenidos mediante análisis de hibridación de Southern demostraron que el locus transgénico en el maíz MON-ØØØ21-9 se mantiene estable a lo largo de varias generaciones, para llevar a cabo los experimentos de hibridización se emplearon sondas específicas de los genes y los patrones de hibridización que se presentaron a lo largo de varia generaciones fueron idénticos.

Adicionalmente la estabilidad de la expresión de la proteína mEPSPS se evaluó. Las semillas de tres generaciones de retrocruzas fueron sembradas en condiciones de invernadero, se colectaron hojas en la etapa de antesis, con el fin de cuantificar las concentraciones de la proteína mEPSPS. La concentración media a lo largo de todas las generaciones de retrocruzas fue aproximadamente de 13—14 µg/g de

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

tejido fresco (82—96 µg/g en base seca). En general, las concentraciones de mEPSPS fueron similares a lo largo de las generaciones evaluadas, demostrando con esto que la expresión del fenotipo de interés se mantiene estable a lo largo de múltiples generaciones

t) Referencia bibliográfica sobre los datos presentados.

Con fines de mantener un estilo científico uniforme, toda la bibliografía empleada se presenta al final en un apartado específico, se pide amablemente al lector referirse a él.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

II. IDENTIDICACIÓN DE LA ZONA O ZONAS DONDE SE PRETENDA LIBERAR EL OGM

a) Superficie total del polígono o polígonos donde se realizará la liberación

Se pretende hacer la liberación experimental dentro de 5 predios (polígonos) dentro del Estado de Chihuahua. La superficie de liberación experimental total, dónde se desarrollarán los ensayos experimentales, es de 3.5 hectáreas; es decir, 0.7 hectáreas por predio, superficie dónde se realizarán los 3 protocolos experimentales. Para conocer la superficie de cada uno de los predios, por favor referirse al siguiente inciso.

b) Ubicación, en coordenadas UTM, del polígono o polígonos donde se realizará la liberación

Los predios o polígonos dónde se pretende realizar la liberación se encuentran en el municipio de Cusihuiriachi, Buenaventura, Ahumada y Janos dentro del Estado de Chihuahua (Ver Figura 16).

c) Descripción de los polígonos donde se realizará la liberación y de las zonas vecinas a éstos según las características de diseminación del OGM de que se trate

1. Listado de especies sexualmente compatibles y de las especies que tengan interacción en el área de liberación y en zonas vecinas a éstos

Tabla 14. Presencia de especies sexualmente compatibles en las cercanías al sitio. Fuente de datos: Sistema de Información de Organismos Vivos Modificados (SIOVM), 2008.

Nombre Coleccion	Numero Catalogo	Genero	Especie	Autor	Infraespecie	Raza	Estado	Localidad	Longitud	Latitud	Año
ND	ND	Zea	mays	L.,1753	subespecie		Chihuahua	La Laja de Rodríguez, 5 km Sur de Urique	-107,88333	27,15806	1999
		Zea	mays	L., 1753	subespecie	Nobogame	Chihuahua	Nabogame	-106,96667	26,23333	9999
		Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	Urique	-107,85	27,21667	9999
	CHIHUA 22	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	CHIHUAHUA	-106,08333	28,65	1943
	CHIHUA 79	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	SAN FRANCISCO DE ALMOLOLLA	-105,41667	26,93333	1943
	CHIHUA 45	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	VILLA LOPEZ	-105,05	27	1943
	CHIHUA 29	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	CASAS GRANDES	-107,93333	30,38333	1943
	CHIHUA 25	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	MEOQUI LA CRUZ	-105,43333	28,26667	1943
	CHIHUA 19	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	CAMARGO Y JIMENEZ	-105,16667	27,7	1943
	CHIHUA 55	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	VILLA CORONADO	-105,16667	26,75	1943
	CHIHUA 21	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	CHIHUAHUA	-106,08333	28,65	1943
	CHIHUA 70	Zea	mays	L., 1753	subespecie	MAIZON	Chihuahua	RANCHO JERUSALEM	-105,41667	26,93333	1943
	CHIHUA 75	Zea	mays	L., 1753	subespecie	MAIZON	Chihuahua	EL MOLINO	-105,41667	26,93333	1943
	CHIHUA 30	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	COLONIA TERRAZA	-105,46667	28,23333	1943
	CHIHUA 72	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	RANCHO JERUSALEM	-105,41667	26,93333	1943
	CHIHUA 81	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	COLONIA PROGRESO	-105,41667	26,93333	1943
	CHIHUA 50	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	SAN ISIDRO	-105,16667	26,75	1943
	CHIHUA 58	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	LOS ZACATALES	-104,91667	27,13333	1943

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CHIHUA 80	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	PROGRESO	-105,41667	26,93333	1943
CHIHUA GP3	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	LA CAMPANA	-105,41667	26,93333	1961
CHIHUA GP5	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	CHIHUAHUA	-106,08333	28,65	1961
CHIHUA GP6	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	SALAICES	-105,21667	27,03333	1961
CHIHUA GP11	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	CAMARGO Y JIMENEZ	-105,16667	27,7	1961
CHIHUA GP12	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	CHIHUAHUA	-106,08333	28,65	1961
CHIHUA GP13	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	RANCHO JERUSALEN	-105,41667	26,93333	1961
CHIHUA GP19	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	COLONIA PROGRESO	-105,41667	26,93333	1961
CHIHUA GP20	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	LOS ZACATALES	-104,91667	27,13333	1961
CHIHUA 74	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	LA CAMPANA	-105,41667	26,93333	1943
CHIHUA 18	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	CAMARGO Y JIMENEZ	-105,16667	27,7	1943
CHIHUA 20	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	CAMARGO Y JIMENEZ	-105,16667	27,7	1943
CHIHUA 15	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	MUNICIPIO ALDAMA OJINAGA	-104,4	28,55	1943
CHIHUA GP1	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	CHIHUAHUA	-106,08333	28,65	1961
CHIHUA GP4	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	CIUDAD GUERRERO	-107,46667	28,55	1961
CHIHUA 38	Zea	mays	L., 1753	subespecie	APACHITO	Chihuahua	SISAGUICHIC	-107,48333	27,8	1943
CHIHUA 10	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	CIUDAD GUERRERO	-107,46667	28,55	1943
CHIHUA 11	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	CHIHUAHUA	-106,08333	28,65	1943
CHIHUA 12	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	CHIHUAHUA	-106,08333	28,65	1943
CHIHUA 17	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	CAMARGO Y JIMENEZ	-105,16667	27,7	1943
CHIHUA 28	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	CHIHUAHUA	-106,08333	28,65	1943
CHIHUA 67	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	MOLINERAS	-105,41667	26,93333	1943
CHIHUA 51	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	LA LAGUNA	-105,33333	26,98333	1943
CHIHUA 76	Zea	mays	L., 1753	subespecie	MAIZON	Chihuahua	EL CAIRO	-105,05	27	1943
CHIHUA 78	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	SANTA CRUZ	-105,41667	26,93333	1943
CHIHUA 96	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	SAN JOSE BABICORA	-107,75	29,26667	1954
CHIHUA 23	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	MUNICIPIO ALDAMA OJINAGA, M. BUENAVIDES	-104,4	28,55	1943
CHIHUA 7	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	CUAUHTEMOC	-106,83333	28,41667	1943
CHIHUA GP24	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO	Chihuahua	GUERRERO	-107,46667	28,55	1961
CHIHUA 35	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	SISAGUICHIC	-107,48333	27,8	1943
CHIHUA 40	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	TORREONCILLO	-105,58333	26,76667	1943
CHIHUA 5	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	CIUDAD GUERRERO	-107,46667	28,55	1943
CHIHUA 6	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	REGION MADERA	-108,11667	29,21667	1943
CHIHUA 9	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	CIUDAD GUERRERO	-107,46667	28,55	1943
CHIHUA X15116	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	EJIDO GUADALUPE VICTORIA	-107,91667	30,58333	1968

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CHIHUA X15117	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	EJIDO GUADALUPE VICTORIA	-107,91667	30,58333	1968
CHIHUA X15119	Zea	mays	L., 1753	subespecie	SAN JUAN	Chihuahua	EJIDO GUADALUPE VICTORIA	-107,91667	30,58333	1968
CHIHUA X15123	Zea	mays	L., 1753	subespecie	SAN JUAN	Chihuahua	EJIDO ENRIQUEZ	-107,93333	30,5	1968
CHIHUA X15124	Zea	mays	L., 1753	subespecie	SAN JUAN	Chihuahua	EJIDO ENRIQUEZ	-107,93333	30,5	1968
CHIHUA X15126	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	ANTIGUA CASAS GRANDES	-107,93333	30,38333	1968
CHIHUA X15127	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	ANTIGUA CASAS GRANDES	-107,93333	30,38333	1968
CHIHUA X15128	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	ANTIGUA CASAS GRANDES	-107,93333	30,38333	1968
CHIHUA X15129	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	EJIDO GUADALUPE VICTORIA	-107,91667	30,58333	1968
CHIHUA X15133	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	REGION MADERA	-108,11667	29,2	1968
CHIHUA X15135	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	REGION MADERA	-108,15	29,2	1968
CHIHUA X15136	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	REGION MADERA	-108,15	29,2	1968
CHIHUA X15137	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	REGION MADERA	-108,15	29,2	1968
CHIHUA X15138	Zea	mays	L., 1753	subespecie	PALOMERO	Chihuahua	REGION MADERA	-108,15	29,2	1968
CHIHUA X15139	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	REGION MADERA	-108,15	29,2	1968
CHIHUA X15142	Zea	mays	L., 1753	subespecie	PALOMERO	Chihuahua	MESA DEL HURACAN	-108,25	29,65	1968
CHIHUA X15144	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	MESA DEL HURACAN	-108,25	29,65	1968
CHIHUA X15148	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	EJIDO LAS VARAS	-105,33333	28,18333	1968
CHIHUA X15150	Zea	mays	L., 1753	subespecie	GORDO	Chihuahua	EJIDO LAS VARAS	-105,33333	28,18333	1968
CHIHUA X15151	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	EJIDO GOMEZ FARIAS	-107,73333	29,36667	1968
CHIHUA X15152	Zea	mays	L., 1753	subespecie	PALOMERO	Chihuahua	EJIDO GOMEZ FARIAS	-107,73333	29,36667	1968
CHIHUA X15153	Zea	mays	L., 1753	subespecie	PALOMERO	Chihuahua	EJIDO GOMEZ FARIAS	-107,73333	29,36667	1968
CHIHUA X15154	Zea	mays	L., 1753	subespecie	PALOMERO	Chihuahua	EJIDO GOMEZ FARIAS	-107,73333	29,36667	1968
CHIHUA X15155	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	EJIDO GOMEZ FARIAS	-107,73333	29,36667	1968
CHIHUA X15156	Zea	mays	L., 1753	subespecie	GORDO	Chihuahua	EJIDO GOMEZ FARIAS	-107,73333	29,36667	1968
CHIHUA X15159	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO	Chihuahua	EJIDO GOMEZ FARIAS	-107,73333	29,36667	1968
CHIHUA X15161	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	EJIDO GOMEZ FARIAS	-107,73333	29,36667	1968
CHIHUA X15162	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	EJIDO GOMEZ FARIAS	-107,73333	29,36667	1968
CHIHUA X15164	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	MUNICIPIO GUERRERO	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15165	Zea	mays	L., 1753	subespecie	APACHITO	Chihuahua	MUNICIPIO GUERRERO	-107,46667	28,55	1968

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CHIHUA X15166	Zea	mays	L., 1753	subespecie	GORDO	Chihuahua	MUNICIPIO GUERRERO	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15167	Zea	mays	L., 1753	subespecie	SAN JUAN	Chihuahua	MUNICIPIO GUERRERO	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15168	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO	Chihuahua	MUNICIPIO GUERRERO	-107,46667	28,55	1968
CHIHUX 15169A	Zea	mays	L., 1753	subespecie	DULCILLO DEL NOROESTE	Chihuahua	MUNICIPIO GUERRERO	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15170	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	SAN JUANITO	-107,6	27,98333	1968
CHIHUA X15177	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	RANCHO MIGUEL	-108,38333	28,2	1968
CHIHUA X15178	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	RANCHO MIGUEL	-108,38333	28,2	1968
CHIHUA X15179	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	RANCHO MIGUEL	-108,38333	28,2	1968
CHIHUA X15180	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	EJIDO BASARACHIC	-108,38333	28,2	1968
CHIHUA X15181	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	EJIDO BASARACHIC	-108,38333	28,2	1968
CHIHUA X15186	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	ESTACION CREEL	-107,63333	27,78333	1968
CHIHUA X15188	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	ESTACION CREEL	-107,63333	27,78333	1968
CHIHUA X15189	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	ESTACION CREEL	-107,63333	27,78333	1968
CHIHUA X15190	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	ESTACION CREEL	-107,63333	27,78333	1968
CHIHUA X15191	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	ESTACION CREEL	-107,63333	27,78333	1968
CHIHUA X15201	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	HUEJOTITAN	-106,16667	27,05	1968
CHIHUA X15202	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO	Chihuahua	HUEJOTITAN	-106,16667	27,05	1968
CHIHUA X15203	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	BALLEZA	-106,35	26,96667	1968
CHIHUA X15204	Zea	mays	L., 1753	subespecie	BOLITA	Chihuahua	BELLEZA	-106,35	26,96667	1968
CHIHUA X15205	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	BELLEZA	-106,35	26,96667	1968
CHIHUA X15206	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	BELLEZA	-106,35	26,96667	1968
CHIHUA X15207	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO	Chihuahua	BALLEZA	-106,35	26,96667	1968
CHIHUA X15210	Zea	mays	L., 1753	subespecie	BOLITA	Chihuahua	BALLEZA	-106,35	26,96667	1968
CHIHUA X15211	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO	Chihuahua	BALLEZA	-106,35	26,96667	1968
CHIHUA X15212	Zea	mays	L., 1753	subespecie	BOLITA	Chihuahua	BALLEZA	-106,35	26,96667	1968
CHIHUA X15219	Zea	mays	L., 1753	subespecie	REVENTADOR	Chihuahua	ARROYO GUALAYNA	-107,06667	26,83333	1968
CHIHUA X15221	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	ARROYO GUALAYNA	-107,06667	26,83333	1968
CHIHUA X15228	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO	Chihuahua	AGUA BLANCA	-107,06667	26,83333	1968
CHIHUA X15230	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	AGUA BLANCA	-107,06667	26,83333	1968

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CHIHUA X15233	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	GUERRERO	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15234	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	GUERRERO	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15236	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	GUERRERO	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15237	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	GUERRERO	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15238	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	GUERRERO	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15239	Zea	mays	L., 1753	subespecie	GORDO	Chihuahua	GUERRERO	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15240	Zea	mays	L., 1753	subespecie	BOLITA	Chihuahua	MATACHIC	-107,75	28,85	1968
CHIHUA X15242	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	MATACHIC	-107,75	28,85	1968
CHIHUA X15243	Zea	mays	L., 1753	subespecie	GORDO	Chihuahua	MATACHIC	-107,75	28,85	1968
CHIHUA X15244	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	MATACHIC	-107,75	28,85	1968
CHIHUA X15245	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	MATACHIC	-107,75	28,85	1968
CHIHUA X15246	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	TOCOMOLOCHIC	-107,83333	28,96667	1968
CHIHUA X15247	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	TOCOMOLOCHIC	-107,83333	28,96667	1968
CHIHUA X15249	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	TOCOMOLOCHIC	-107,83333	28,96667	1968
CHIHUA X15252	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	HUEJUMAR	-108,38333	28,2	1968
CHIHUA X15254	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	HUEJUMAR	-108,38333	28,2	1968
CHIHUA X15255	Zea	mays	L., 1753	subespecie	HARINOSO DE OCHO	Chihuahua	MORIS	-108,53333	28,16667	1968
CHIHUA X15256	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	MORIS	-108,53333	28,16667	1968
CHIHUA X15260	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	MORIS	-108,53333	28,16667	1968
CHIHUA X15261	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	MORIS	-108,53333	28,16667	1968
CHIHUA X15263	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	MORIS	-108,53333	28,16667	1968
CHIHUA X15265	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	MORIS	-108,53333	28,16667	1968
CHIHUA X15268	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	MORIS	-108,53333	28,16667	1968
CHIHUA X15269	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	MORIS	-108,53333	28,16667	1968
CHIHUA X15273	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	MORIS	-108,53333	28,16667	1968
CHIHUA X15274	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	MORIS	-108,53333	28,16667	1968
CHIHUA X15277	Zea	mays	L., 1753	subespecie	SAN JUAN	Chihuahua	GUERRERO	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15283	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	HACIENDA MARIQUETA	-106,95	26,03333	1968
CHIHUA X15284	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	NOBOGAME	-106,95	26,03333	1968

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CHIHUA X15293	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	NOBOGAME	-106,95	26,03333	1968
CHIHUA X15294	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	NOBOGAME	-106,95	26,03333	1968
CHIHUA X15295	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	NOBOGAME	-106,95	26,03333	1968
CHIHUA X15296	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	NOBOGAME	-106,95	26,03333	1968
CHIHUA X15297	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	NOBOGAME	-106,95	26,03333	1968
CHIHUA X15301	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CHALQUEÑO	Chihuahua	GUADALUPE Y CALVO	-106,95	26,03333	1968
CHIHUA X15304	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	LA JUNTA	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15305	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	LA JUNTA	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15306	Zea	mays	L., 1753	subespecie	MAIZ DULCE	Chihuahua	LA JUNTA	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15307	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	LA JUNTA	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15308	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	LA JUNTA	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15309	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	LA JUNTA	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15310	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	LA JUNTA	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15311	Zea	mays	L., 1753	subespecie	BOLITA	Chihuahua	LA JUNTA	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15312	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	LA JUNTA	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15313	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	LA JUNTA	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA 4	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	CHIHUAHUA	-106,08333	28,65	1943
CHIHUA X15118	Zea	mays	L., 1753	subespecie	SAN JUAN	Chihuahua	EJIDO GUADALUPE VICTORIA	-107,91667	30,58333	1968
CHIHUA X15125	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	ANTIGUA CASAS GRANDES	-107,93333	30,38333	1968
CHIHUA X15130	Zea	mays	L., 1753	subespecie	MAIZ DULCE	Chihuahua	EJIDO GUADALUPE VICTORIA	-107,91667	30,58333	1968
CHIHUA X15131	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	REGION MADERA	-108,11667	29,2	1968
CHIHUA X15132	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	REGION MADERA	-108,11667	29,2	1968
CHIHUA X15134	Zea	mays	L., 1753	subespecie	GORDO	Chihuahua	REGION MADERA	-108,11667	29,2	1968
CHIHUA X15140	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	MESA DEL HURACAN	-108,25	29,65	1968
CHIHUA X15141	Zea	mays	L., 1753	subespecie	APACHITO	Chihuahua	MESA DEL HURACAN	-108,25	29,65	1968
CHIHUA X15143	Zea	mays	L., 1753	subespecie	GORDO	Chihuahua	MESA DEL HURACAN	-108,25	29,65	1968
CHIHUA X15146	Zea	mays	L., 1753	subespecie	APACHITO	Chihuahua	MESA DEL HURACAN	-108,25	29,65	1968
CHIHUA X15147	Zea	mays	L., 1753	subespecie	APACHITO	Chihuahua	EJIDO LAS VARAS	-105,33333	28,18333	1968
CHIHUA X15149	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	EJIDO LAS VARAS	-105,33333	28,18333	1968

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CHIHUA X15160	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	EJIDO GOMEZ FARIAS	-107,73333	29,36667	1968
CHIHUA X15163	Zea	mays	L., 1753	subespecie	APACHITO	Chihuahua	EJIDO GOMEZ FARIAS	-107,73333	29,36667	1968
CHIH X 15169B	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	SAN JUANITO	-107,6	27,98333	1968
CHIHUA X15171	Zea	mays	L., 1753	subespecie	APACHITO	Chihuahua	SAN JUANITO, BOCOYNA	-107,6	27,98333	1968
CHIHUA X15172	Zea	mays	L., 1753	subespecie	APACHITO	Chihuahua	SAN JUANITO, BOCOYNA	-107,6	27,98333	1968
CHIHUA X15173	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	SANTA EDUVIGES	-108,38333	28,2	1968
CHIHUA X15174	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO	Chihuahua	SANTA EDUVIGES	-108,38333	28,2	1968
CHIHUA X15175	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	EJIDO SANTA EDUVIGES	-108,38333	28,2	1968
CHIHUA X15176	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	RANCHO MIGUEL	-108,38333	28,2	1968
CHIHUA X15182	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	EJIDO BASARACHIC	-108,38333	28,2	1968
CHIHUA X15183	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	BOCOYNA	-107,58333	27,83333	1968
CHIHUA X15184	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	BOCOYNA	-107,58333	27,83333	1968
CHIHUA X15185	Zea	mays	L., 1753	subespecie	APACHITO	Chihuahua	BOCOYNA	-107,58333	27,83333	1968
CHIHUA X15187	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	ESTACION CREEL	-107,63333	27,78333	1968
CHIHUA X15192	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	ESTACION CREEL	-107,63333	27,78333	1968
CHIHUA X15213	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	EL LOBITO	-107,06667	26,83333	1968
CHIHUA X15214	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	EL LOBITO	-107,06667	26,83333	1968
CHIHUA X15220	Zea	mays	L., 1753	subespecie	APACHITO	Chihuahua	ARROYO GUALAYNA	-107,06667	26,83333	1968
CHIHUA X15222	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	ARROYO GUALAYNA	-107,06667	26,83333	1968
CHIHUA X15229	Zea	mays	L., 1753	subespecie	GORDO	Chihuahua	AGUA BLANCA	-107,06667	26,83333	1968
CHIHUA X15232	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	AGUA BLANCA	-107,06667	26,83333	1968
CHIHUA X15235	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	GUERRERO	-107,46667	28,55	1968
CHIHUA X15248	Zea	mays	L., 1753	subespecie	APACHITO	Chihuahua	TOCOMOLOCHIC	-107,83333	28,96667	1968
CHIHUA X15262	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	MORIS	-108,53333	28,16667	1968
CHIHUA X15270	Zea	mays	L., 1753	subespecie	DULCILLO DEL NOROESTE	Chihuahua	MORIS	-108,53333	28,16667	1968
CHIHUA X15275	Zea	mays	L., 1753	subespecie	HARINOSO DE OCHO	Chihuahua	MORIS	-108,53333	28,16667	1968
CHIHUA X15279	Zea	mays	L., 1753	subespecie	LADY FINGER	Chihuahua	GUADALUPE Y CALVO	-106,95	26,03333	1968
CHIHUA 27	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	CHIHUAHUA	-106,08333	28,65	1943
CHIHUA 33	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	COLONIA CUHAUTEMOC	-107,93333	30,38333	1944

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CHIHUA 89	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	CORRALEJO	-105,41667	26,93333	1943
CHIHUA 86	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	EL DORADO	-105,35	27,11667	1943
CHIHUA 87	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	EL DORADO	-105,35	27,11667	1943
CHIHUA 82	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	COLONIA PROGRESO	-105,33333	27,16667	1943
CHIHUA 47	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	EL GRANJEL	-105,05	27	1943
CHIHUA 43	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	SALAICES	-105,05	27,03333	1943
CHIHUA 271	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	CIUDAD DELICIAS	-105,48333	28,21667	1969
CHIHUA 3	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	MEOQUI	-105,48333	28,28333	1943
CHIHUA 31	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	LA CRUZ	-105,21667	27,86667	1944
CHIHUA 56	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	LA ALAMEDA	-105,16667	26,75	1943
CHIHUA 51	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	VILLA CORONADO	-105,16667	26,75	1943
CHIHUA 49	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	SAN ISIDRO	-105,16667	26,66667	1943
CHIHUA 44	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	SALAICES	-105,21667	27,03333	1943
CHIHUA 41	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	EL REFUGIO	-105,58333	26,76667	1943
CHIHUA 93	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	CHIHUAHUA	-106,08333	28,63333	1954
CHIHUA 262	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	CAMARGO	-105,16667	27,7	1969
CHIHUA 264	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	JIMENEZ	-104,91667	27,13333	1969
CHIHUA 265	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	CAMARGO	-105,16667	27,7	1969
CHIHUA 46	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	EL GRANJEL	-105,05	27	1943
CHIHUA 280	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	CUAUHTEMOC	-106,83333	28,41667	9999
CHIHUA X15302	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	DOLORES	-106,95	26,03333	1968
CHIHUA 59	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	LOS ZACATALES	-104,91667	27,13333	1943
CHIHUA 108	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CHALQUEÑO	Chihuahua	TEMOSACHIC	-107,83333	28,96667	9999
CHIHUA 110	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	TEMOSACHIC	-107,83333	28,96667	9999
CHIHUA 301	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	MADERA	-108,11667	29,2	1975
CHIHUA 302	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	MADERA	-108,11667	29,2	1975
CHIHUA 303	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	MADERA	-108,11667	29,2	1975
CHIHUA 305	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	MADERA	-108,11667	29,2	1975
CHIHUA 306	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,73333	29,36667	1975
CHIHUA 308	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,73333	29,36667	1975
CHIHUA 309	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	MADERA	-108,11667	29,2	1975
CHIHUA 310	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	MADERA	-108,11667	29,2	1975
CHIHUA 338	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	VALERIO	-107,73333	29,75	1975
CHIHUA 1	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,66667	29,25	1998
CHIHUA 2	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,66667	29,25	1998
CHIHUA 3	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,66667	29,25	9999
CHIHUA 4	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,66667	29,25	9999
CHIHUA 5	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,66667	29,25	1998

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CHIHUA 6	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,66667	29,25	9999
CHIHUA 7	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,66667	29,25	9999
CHIHUA 8	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,66667	29,25	9999
CHIHUA 9	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,66667	29,25	1998
CHIHUA 10	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,66667	29,25	9999
CHIHUA 11	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	COLONIA LIBERTAD	-107,66667	29,25	1998
CHIHUA 12	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	COLONIA LIBERTAD (EL AGUAJE)	-107,91667	29,23333	1998
CHIHUA 13	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,66667	29,25	1998
CHIHUA 14	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	YEPOMERA	-107,9	29,03333	1998
CHIHUA 15	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	YEPOMERA	-107,9	29,03333	1998
CHIHUA 16	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	YEPOMERA	-107,9	29,03333	1998
CHIHUA 17	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	SAN JOSE BABICORA	-107,75	29,26667	1998
CHIHUA 18	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	SAN JOSE BABICORA	-107,75	29,26667	1998
CHIHUA 19	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	SAN JOSE BABICORA	-107,75	29,26667	1998
CHIHUA 20	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	LA PINTA	-107,68333	29,25	1998
CHIHUA 21	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	LA PINTA	-107,68333	29,25	1998
CHIHUA 22	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	LA PINTA	-107,68333	29,25	1998
CHIHUA 23	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	EJIDO PABLO AMAYA (LA MARTHA)	-107,83333	29,45	1998
CHIHUA 24	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	EJIDO PABLO AMAYA (LA MARTHA)	-107,83333	29,45	1998
CHIHUA 25	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	EJIDO PABLO AMAYA	-107,83333	29,45	1998
CHIHUA 26	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	EJIDO PABLO AMAYA (LA MARTHA)	-107,83333	29,45	1998
CHIHUA 27	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	EJIDO PABLO AMAYA	-107,83333	29,45	1998
CHIHUA 28	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	EL PORVENIR DEL CAMPESINO	-107,78333	29,41667	1998
CHIHUA 29	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	SAN JOSE BABICORA	-107,75	29,26667	1998
CHIHUA 30	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	SAN JOSE BABICORA	-107,75	29,26667	1998
CHIHUA 31	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	EL PORVENIR DEL CAMPESINO	-107,78333	29,41667	1998
CHIHUA 32	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	EL PORVENIR DEL CAMPESINO	-107,78333	29,41667	1998
CHIHUA 33	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	PENA BLANCA	-107,71667	29,3	1998
CHIHUA 34	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	PENA BLANCA	-107,71667	29,3	1998
CHIHUA 35	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	PENA BLANCA	-107,71667	29,3	1998
CHIHUA 36	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	LA PINTA	-107,68333	29,25	9999
CHIHUA 37	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	NUEVO LEON	-108,2	29,2	1998
CHIHUA 38	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	COLONIA PRESA DE GOLONDRINAS	-108,03333	29,16667	1998

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CHIHUA 39	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	COLONIA PRESA DE GOLONDRINAS	-108,03333	29,16667	1998
CHIHUA 40	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	PRESA DE GOLONDRINAS	-108,03333	29,16667	1998
CHIHUA 41	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	PRESON DE GOLONDRINAS	-108,03333	29,16667	1998
CHIHUA 42	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	COLONIA PRESON DE GOLONDRINAS	-108,03333	29,16667	1998
CHIHUA 43	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	NUEVO MADERA	-108,08333	29,25	1998
CHIHUA 44	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	NUEVO MADERA	-108,08333	29,25	1998
CHIHUA 45	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	NUEVO MADERA	-108,08333	29,25	1998
CHIHUA 46	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	EL PORVENIR	-107,13333	28,85	1998
CHIHUA 47	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	COLONIA ANO DE HIDALGO	-108,1	29,38333	1998
CHIHUA 48	Zea	mays	L., 1753	subespecie	COMPLEJO CHIHUAHUA BLANCO	Chihuahua	COLONIA ANO DE HIDALGO	-108,1	29,38333	1998
CHIHUA 49	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	COLONIA ANO DE HIDALGO	-108,1	29,38333	1998
CHIHUA 50	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	COLONIA PRESON DEL TORO	-108,06667	29,45	1998
CHIHUA 51	Zea	mays	L., 1753	subespecie	COMPLEJO CHIHUAHUA BLANCO	Chihuahua	COLONIA PRESON DEL TORO	-108,06667	29,45	1998
CHIHUA 52	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	COLONIA PRESON DEL TORO	-108,06667	29,45	1998
CHIHUA 53	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	COLONIA PRESON DEL TORO	-108,06667	29,45	1998
CHIHUA 54	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	COLONIA PRESON DEL TORO	-108,06667	29,45	1998
CHIHUA 55	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	COLONIA PRESON DEL TORO	-108,06667	29,45	1998
CHIHUA 56	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	COLONIA NAHUERACHIC	-108,11667	29,13333	1998
CHIHUA 57	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	COLONIA NAHUERACHIC	-108,11667	29,13333	1998
CHIHUA 58	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	COLONIA NAHUERACHIC	-108,11667	29,13333	1998
CHIHUA 59	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	TRES OJITOS	-108,08333	29,1	1998
CHIHUA 60	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	TRES OJITOS	-108,08333	29,1	1998
CHIHUA 61	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	TRES OJITOS	-108,08333	29,1	1998
CHIHUA 62	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	TRES OJITOS	-108,08333	29,1	1998
CHIHUA 63	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	TRES OJITOS	-108,08333	29,1	1998
CHIHUA 64	Zea	mays	L., 1753	subespecie	APACHITO	Chihuahua	TRES OJITOS	-108,08333	29,1	1998
CHIHUA 65	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLILLA	Chihuahua	MADERA	-108,2	29,2	9999
CHIHUA 66	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	MADERA	-108,2	29,2	1998
CHIHUA 67	Zea	mays	L., 1753	subespecie	GORDO	Chihuahua	NAHUERACHI	-108,11667	29,13333	1998
CHIHUA 68	Zea	mays	L., 1753	subespecie	APACHITO	Chihuahua	NAHUERACHI	-108,11667	29,13333	1998

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CHIHUA 69	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	NAHUERACHI	-108,11667	29,13333	1998
CHIHUA 70	Zea	mays	L., 1753	subespecie	DULCILLO DEL NOROESTE	Chihuahua	NAHUERACHI	-108,11667	29,13333	1998
CHIHUA 71	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	NAHUERACHI	-108,11667	29,13333	1998
CHIHUA 72	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	NAHUERACHI	-108,11667	29,13333	9999
CHIHUA 73	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	NICOLAS BRAVO	-107,95	29,33333	1998
CHIHUA 74	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	NICOLAS BRAVO	-107,95	29,33333	1998
CHIHUA 75	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	LAS VARAS BABICORA	-108,01667	29,48333	1998
CHIHUA 76	Zea	mays	L., 1753	subespecie	COMPLEJO CHIHUAHUA BLANCO	Chihuahua	LAS VARAS BABICORA	-108,01667	29,48333	1998
CHIHUA 77	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	LAS VARAS BABICORA	-108,01667	29,48333	1998
CHIHUA 78	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	LAS VARAS BABICORA	-108,01667	29,48333	1998
CHIHUA 79	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	COLONIA EL ALAMILLO	-108,2	29,2	9999
CHIHUA 80	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	COLONIA EL ALAMILLO	-108,2	29,2	1998
CHIHUA 81	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	COLONIA EL ALAMILLO	-108,2	29,2	1998
CHIHUA 82	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	COLONIA EL ALAMILLO	-108,2	29,2	1998
CHIHUA 83	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	IGNACIO ZARAGOZA	-107,76667	29,61667	1998
CHIHUA 84	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	IGNACIO ZARAGOZA	-107,76667	29,61667	9999
CHIHUA 85	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	IGNACIO ZARAGOZA	-107,76667	29,61667	1998
CHIHUA 86	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	EL SAUZ (JUNTO A IGNACIO ZARAGOZA)	-107,76667	29,61667	9999
CHIHUA 87	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	IGNACIO ALLENDE	-107,75	29,55	9999
CHIHUA 88	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	IGNACIO ALLENDE	-107,75	29,55	1998
CHIHUA 89	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	IGNACIO ALLENDE	-107,75	29,55	1998
CHIHUA 90	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	TRES CASTILLOS	-107,76667	29,61667	1998
CHIHUA 91	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	TRES CASTILLOS	-107,76667	29,61667	1998
CHIHUA 92	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	TRES CASTILLOS	-107,76667	29,61667	1998
CHIHUA 93	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	TRES CASTILLOS	-107,76667	29,61667	9999
CHIHUA 94	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	PENITAS	-107,76667	29,61667	1998
CHIHUA 95	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	PENITAS	-107,76667	29,61667	1998
CHIHUA 96	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	PENITAS	-107,76667	29,61667	1998
CHIHUA 97	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	PENITAS	-107,76667	29,61667	1998
CHIHUA 98	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	PENITAS	-107,76667	29,61667	1998
CHIHUA 99	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	COLONIA INDEPENDENCIA	-107,55	29,05	1998
CHIHUA 100	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	COLONIA INDEPENDENCIA	-107,55	29,05	1998

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CHIHUA 101	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	COLONIA INDEPENDENCIA	-107,55	29,05	1998
CHIHUA 102	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	GUADALUPE VICTORIA	-107,4	28,98333	1998
CHIHUA 103	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	GUADALUPE VICTORIA	-107,4	28,98333	1998
CHIHUA 104	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	COL. SALVADOR GOMEZ Y GOMEZ	-107,56667	28,93333	1998
CHIHUA 105	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	COL. SALVADOR GOMEZ Y GOMEZ	-107,56667	28,93333	1998
CHIHUA 106	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	COL. SALVADOR GOMEZ Y GOMEZ	-107,56667	28,93333	1998
CHIHUA 107	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	COL. SALVADOR GOMEZ Y GOMEZ	-107,56667	28,93333	1998
CHIHUA 108	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	COL. RUIZ CORTINEZ	-107,51667	28,91667	1998
CHIHUA 109	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	COL. RUIZ CORTINEZ	-107,51667	28,91667	1998
CHIHUA 110	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	LOS LEONES	-107,83333	28,96667	1998
CHIHUA 111	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	RANCHO EL REFUGIO	-107,83333	28,96667	1998
CHIHUA 112	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	TEMOSACHIC	-107,83333	28,96667	1998
CHIHUA 113	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	TEMOSACHIC	-107,83333	28,96667	1998
CHIHUA 114	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	TEMOSACHIC	-107,83333	28,96667	1998
CHIHUA 115	Zea	mays	L., 1753	subespecie	GORDO	Chihuahua	LA LAGUNA	-107,83333	28,96667	1998
CHIHUA 116	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	MATACHIC	-107,75	28,85	1998
CHIHUA 117	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	LA LAGUNA	-107,83333	28,96667	1998
CHIHUA 118	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	BUENA VISTA	-107,58333	28,88333	1998
CHIHUA 119	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	BUENA VISTA	-107,58333	28,88333	1998
CHIHUA 120	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	BUENA VISTA	-107,58333	28,88333	1998
CHIHUA 121	Zea	mays	L., 1753	subespecie	GORDO	Chihuahua	EL PORVENIR	-107,13333	28,85	1998
CHIHUA 122	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	EL PORVENIR	-107,13333	28,85	1998
CHIHUA 123	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	EL PORVENIR	-107,13333	28,85	1998
CHIHUA 124	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	EL RAYO	-107,16667	28,73333	1998
CHIHUA 125	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	EL APACHE	-106,63333	28,53333	1998
CHIHUA 126	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	EL APACHE	-106,63333	28,53333	1998
CHIHUA 127	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	LA QUEVRADA	-107,01667	28,85	1998
CHIHUA 128	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	BUSTILLOS	-106,61667	28,5	1998
CHIHUA 129	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	LOMA PELONA	-106,65	28,58333	1998
CHIHUA 130	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	LA QUEMADA	-107,01667	28,85	1998
CHIHUA 131	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	DE BUSTILLOS	-106,61667	28,5	1998
CHIHUA 132	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	LOMA PELONA	-106,65	28,58333	1998
CHIHUA 133	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	EJIDO BUSTILLOS	-106,61667	28,5	1998
CHIHUA 134	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	EL RAYO	-107,16667	28,73333	1998
CHIHUA 135	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	EL RAYO	-107,16667	28,73333	1998
CHIHUA 136	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	LOMA PELONA	-106,65	28,58333	1998
CHIHUA 137	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	EJIDO EL OJITO	-106,61667	28,56667	1998

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CHIHUA 138	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	EL APACHE	-106,63333	28,53333	1998
CHIHUA 139	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	EJIDO ZAMALOAPAN	-106,65	28,51667	1998
CHIHUA 140	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	CUATRO CALLES	-106,7	28,55	1998
CHIHUA 141	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	LA QUEMADA	-107,01667	28,85	1998
CHIHUA 142	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	EL APACHE	-106,63333	28,53333	1998
CHIHUA 143	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLILLA	Chihuahua	CERRO PRIETO	-107,13333	28,25	1998
CHIHUA 144	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	LA CAPILLA	-106,93333	28,11667	1998
CHIHUA 145	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	SANTA RITA	-106,88333	28,2	1998
CHIHUA 146	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	EJIDO LLANOS DE REFORMA	-107	28,11667	1998
CHIHUA 147	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	OJO DE AGUA	-106,96667	28,2	1998
CHIHUA 148	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	RANCHO GONSALEZ	-107	28,15	1998
CHIHUA 149	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	RANCHO GONSALEZ	-107	28,15	1998
CHIHUA 150	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	EJIDO LLANOS DE REFORMA	-107	28,11667	1998
CHIHUA 151	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	SAN BERNABE	-106,86667	28,2	1998
CHIHUA 152	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	EJIDO LLANOS DE REFORMA	-107	28,11667	1998
CHIHUA 153	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	OJO DE AGUA	-106,96667	28,2	1998
CHIHUA 154	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	OJO DE AGUA	-106,96667	28,2	1998
CHIHUA 155	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	RANCHO GONSALEZ	-107	28,15	1998
CHIHUA 156	Zea	mays	L., 1753	subespecie	GORDO	Chihuahua	RANCHO GONSALEZ	-107	28,15	1998
CHIHUA 157	Zea	mays	L., 1753	subespecie	MAIZ DULCE	Chihuahua	RANCHO GONSALEZ	-107	28,15	1998
CHIHUA 158	Zea	mays	L., 1753	subespecie	COMPLEJO CHIHUAHUA BLANCO	Chihuahua	RANCHO GONSALEZ	-107	28,15	1998
CHIHUA 159	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	CERRO PRIETO	-107,13333	28,25	1998
CHIHUA 160	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	RANCHO COLORADO	-107,51667	28,6	1998
CHIHUA 161	Zea	mays	L., 1753	subespecie	GORDO	Chihuahua	BASUCHIL	-107,4	28,51667	1998
CHIHUA 162	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	LA JUNTA	-107,5	28,55	1998
CHIHUA 163	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	TACUBA	-107,48333	28,35	1998
CHIHUA 164	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	BASUCHIL	-107,4	28,51667	1998
CHIHUA 165	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	PACHERA	-107,4	28,25	1998
CHIHUA 166	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CELAYA	Chihuahua	RANCHO COLORADO	-107,51667	28,6	1998
CHIHUA 167	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	BAJE DE AGUA	-107,5	28,55	1998
CHIHUA 168	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	SAN JUAN	-107,5	28,55	1998
CHIHUA 169	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	MINACA	-107,41667	28,45	1998
CHIHUA 170	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO	Chihuahua	TACUBA	-107,48333	28,35	1998
CHIHUA 171	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	TEJOLOCACHIC	-107,63333	28,73333	1998
CHIHUA 172	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	PASCUAL OROZCO	-107,43333	28,56667	1998
CHIHUA 173	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	RANCHO COLORADO	-107,51667	28,6	1998
CHIHUA 174	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	SANTO TOMAS	-107,56667	28,68333	1998

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CHIHUA 175	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	BAJE DE AGUA	-107,5	28,55	1998
CHIHUA 176	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	PASCUAL OROZCO	-107,43333	28,56667	1998
CHIHUA 177	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	BASUCHIL	-107,4	28,51667	1998
CHIHUA 178	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	BAJE DE AGUA	-107,5	28,55	1998
CHIHUA 179	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	RANCHO COLORADO	-107,51667	28,6	1998
CHIHUA 180	Zea	mays	L., 1753	subespecie	GORDO	Chihuahua	PARAMO DE MORELOS	-107,18333	28,43333	1998
CHIHUA 181	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	SAN MIGUEL DE ORTIZ	-107,36667	28,25	1998
CHIHUA 182	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	SANTO TOMAS	-107,56667	28,68333	1998
CHIHUA 183	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	SANTO TOMAS	-107,56667	28,68333	1998
CHIHUA 184	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	EL NOGAL Y ANEXAS	-107,65	28,56667	1998
CHIHUA 185	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	PACHERA	-107,4	28,25	1998
CHIHUA 186	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	PARAMO DE MORELOS	-107,18333	28,43333	1998
CHIHUA 187	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	BAJE DE AGUA	-107,5	28,55	1998
CHIHUA 188	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	SAN JUAN	-107,5	28,55	1998
CHIHUA 189	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	PASCUAL OROZCO	-107,43333	28,56667	1998
CHIHUA 190	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	BAJE DE AGUA	-107,5	28,55	1998
CHIHUA 191	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	PASCUAL OROZCO	-107,43333	28,56667	1998
CHIHUA 192	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	BARRIO DE SAN IGNACIO, SANTO TOMAS	-107,56667	28,68333	1998
CHIHUA 193	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	PASCUAL OROZCO	-107,43333	28,56667	1998
CHIHUA 194	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	PACHERA	-107,4	28,25	1998
CHIHUA 195	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	RANCHO COLORADO	-107,51667	28,6	1998
CHIHUA 196	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	BARRIO SAN IGNACIO, SANTO TOMAS	-107,56667	28,68333	1998
CHIHUA 197	Zea	mays	L., 1753	subespecie	COMPLEJO CHIHUAHUA BLANCO	Chihuahua	EL CAJONERO	-107,5	28,55	1998
CHIHUA 198	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	BARRIO SAN IGANACIO, SANTO TOMAS	-107,56667	28,68333	1998
CHIHUA 199	Zea	mays	L., 1753	subespecie	AZUL	Chihuahua	BASUCHIL	-107,4	28,51667	1998
CHIHUA 200	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	EJIDO EL NOGAL Y ANEXAS	-107,65	28,56667	1998
CHIHUA 201	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	PASCUAL OROZCO	-107,43333	28,56667	1998
CHIHUA 202	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CONICO NORTEÑO	Chihuahua	RANCHO COLORADO	-107,51667	28,6	1998
CHIHUA 203	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TABLONCILLO PERLA	Chihuahua	SAN JOSE BABICORA	-107,75	29,26667	1998
CHIHUA 312	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	MADERA	-108,11667	29,2	1975
CHIHUA 314	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	MADERA	-108,11667	29,2	1975
CHIHUA 311	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	MADERA	-108,11667	29,2	1975
CHIHUA 313	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	MADERA	-108,11667	29,2	1975
CHIHUA 315	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	MADERA	-108,11667	29,2	1975
CHIHUA 42	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	SALAICES	-105,21667	27,03333	1943

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CHIHUA 48	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	SAN ISIDRO	-105,16667	26,66667	1943
CHIHUA 109	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	TEMOSACHIC	-107,83333	28,96667	9999
CHIHUA 57	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	LOS ZACATALES	-104,91667	27,13333	1943
CHIHUA 52	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	VILLA CORONADO	-105,16667	26,75	1952
CHIHUA 63	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	SAN JUAN DE ALLENDE	-105,28333	27,01667	1943
CHIHUA 85	Zea	mays	L., 1753	subespecie	TUXPEÑO NORTEÑO	Chihuahua	EL DORADO	-105,35	27,11667	1943
CHIHUA 317	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,66667	29,36667	1975
CHIHUA 320	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,66667	29,36667	1975
CHIHUA 95	Zea	mays	L., 1753	subespecie	CRISTALINO CHIHUAHUA	Chihuahua	CHIHUAHUA	-106	28,63333	1954
CHIHUA 316	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	MADERA	-108	29,2	1975
CHIHUA 318	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-107,66667	29,36667	1975
CHIHUA 287	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	CASAS GRANDES	-107,83333	30,38333	1969
CHIHUA 321	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-108,16667	29,61667	1975
CHIHUA 322	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-108,16667	29,61667	1975
CHIHUA 323	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-108,16667	29,61667	1975
CHIHUA 325	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-108,16667	29,61667	1975
CHIHUA 326	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-108,16667	29,61667	1975
CHIHUA 327	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-108,16667	29,61667	1975
CHIHUA 328	Zea	mays	L., 1753	subespecie	ND	Chihuahua	GOMEZ FARIAS	-108,16667	29,61667	1975

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

2. Descripción geográfica

- **Localización geográfica**

  - **Janos**[21]

Se localiza en la Altitud de 1,357 Metros sobre el Nivel del Mar. Colinda al Norte con Nuevo México, EUA., al Este con Ascensión, al Sur con Casas Grandes y al Oeste con Sonora. La Cabecera Municipal se encuentra a 413 kilómetros aproximadamente de la Capital del Estado. Los Principales Núcleos de Población son Janos, Cabecera Municipal; las Secciones Municipales de Monteverde, Francisco Villa, Casa Janos y Altamirano. El Municipio de Janos tiene una Superficie de 6,930.50 kilómetros, lo cual representa el 2.80% de la extensión territorial estatal.

  - **Buenaventura**[22]

Se localiza en la latitud norte 29º 51', longitud oeste 107º 28'; con una altitud de 1,574 metros sobre el nivel del mar.Colinda al norte con Ascensión y Ahumada, al este con Ahumada, al sur con Namiquipa y Chihuahua y al oeste con Nuevo Casas Grandes, Galeana e Ignacio Zaragoza.

  - **Cusihuiriachi**[23]

Se localiza en la Latitud Norte 28 grados 14 minutos, Longitud Oeste 106 grados 50 minutos, a una altitud de 2,020 Metros sobre el Nivel del Mar. Colinda al Norte con Guerrero y Cuauhtémoc; al Sur con Carichí y San Francisco de Borja; al Este con Gran Morelos y Belisario Domínguez; y al Oeste con Guerrero. Su extensión superficial es de 1617 kilómetros cuadrados, que representa el 0.73% de la superficie total del Estado, y 0.09% de la nacional. La cabecera se localiza a 120 Km. aproximadamente de la Capital del Estado.Ahumada.

  - **Ahumada**[24]

Se localiza en la Latitud Norte 30º37', Longitud Oeste 06º31', con una Altitud de 1, 205 Metros sobre el Nivel del Mar. Colinda al Norte con Juárez y Guadalupe D.B. al Sur con Chihuahua y Aldama, al Este con Coyame y Guadalupe D.B., y al Oeste con Buenaventura y Ascensión. La Cabecera Municipal se encuentra a 150 kilómetros aproximadamente de la Capital del Estado.

[21] Visitar: http://www.janos.gob.mx/Contenido/plantilla5.asp?cve_canal=5468&Portal=janos
[22] Visitar: http://www.buenaventura.gob.mx/Contenido/plantilla5.asp?cve_canal=1915&Portal=buenaventura
[23] Visitar: http://www.cusihuiriachi.gob.mx/Contenido/plantilla5.asp?cve_canal=4336&Portal=cusihuiriachi
[24] Visitar: http://www.ahumada.gob.mx/Contenido/plantilla5.asp?cve_canal=5460&Portal=ahumada

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

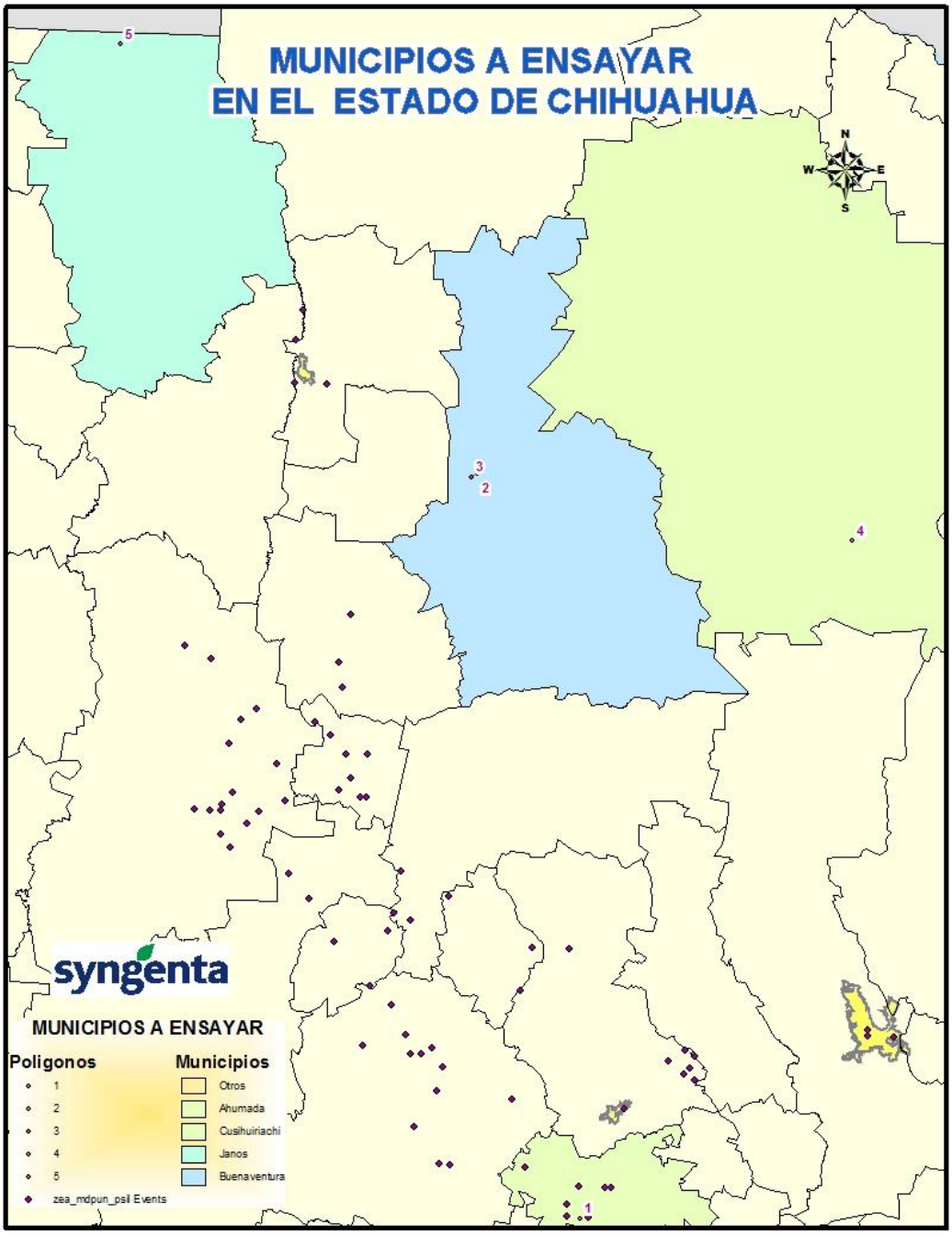


Figura 16. **Mapa de ubicación de los municipios de Cusihuiriachi, Buenaventura, Ahumada y Janos, Chihuahua.** Cartografía empleada: "Áreas Urbanas de México". ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1: 200.000.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Tipo de Suelo**
  - **Janos**[25]

Predominan los kastañozems lúvicos en su colindancia con Casas Grandes, de textura media y con pendientes desde nivel hasta cerril, con asociaciones de litosoles, sin inclusiones y en su fase lítica. El uso predominante de suelo es ganadero y agrícola. La tenencia de la tierra en su mayoría es privada seguido por el régimen ejidal.

Su territorio está comprendido entre las Altiplanicies de la Parte Septentrional del Estado y la Cordillera de la Sierra Madre Occidental; la primera parte está formada por extensas llanuras de tipo estepario, entre las que se encuentran las Serranías de Janos, Guadalupe, Peña Blanca, La Boquilla y Hachita Hueca en el límite con Sonora; la del Perro en el límite con Nuevo México; Ojo Hediondo entre Janos y Casas Grandes y otras más.

  - **Buenaventura**[26]

Desde el punto de vista orografico destaca la Sierra Madre Occidental que recorre la región del Norte a Sur con algunas ramificaciones entre las que sobresalen: La sierras del arco, de Santa Catalina de las Tunas, del Nido y de los arados que tocan parte del municipio de Buenaventura. Existe una porción de terrenos montañosos en el lado sur, donde se encuentran las Sierras de la Mojina, Arados, el Carmen, el Arco, el Pajarito, Alvarado y Porfías. En su mayor parte es plana, donde el terreno estepario es frecuente, sobre todo fuera de las zonas inmediatas a los ríos.

  - **Cusihuiriachi**[27]

Su territorio está comprendido entre la línea que divide al altiplano del estado y la Sierra Madre. En la primera se localizan extensas llanura y en la segunda las serranías de la Reina, Milpillas, San José y los cerros de la Bufa y de Coyachi. Sus suelos dominantes son los xerosoles lúvicos, con textura media y en pendientes que van desde el nivel, hasta la fuertemente disectada o de montaña.

  - **Ahumada**[28]

En el Sudoeste y Noroeste del Municipio predominan los suelos verinosoles cálcicos con textura media: se localizan en ocasiones asociadas con litosoles, en cambio, en el Sudoeste, Noroeste y norte los suelos dominantes son regosoles éutricos con textura gruesa. La mayor parte del suelo tiene un uso ganadero y agrícola. La tenencia de la tierra corresponde en su mayoría a la pequeña propiedad, 1´525,911 hectáreas, en segundo término ejidal con 849,886 hectáreas y propiedad comunal con 55,842 hectáreas

[25] Visitar: http://www.janos.gob.mx/Contenido/plantilla5.asp?cve_canal=5468&Portal=janos
[26] Visitar: http://www.buenaventura.gob.mx/Contenido/plantilla5.asp?cve_canal=1915&Portal=buenaventura
[27] Visitar: http://www.cusihuiriachi.gob.mx/Contenido/plantilla5.asp?cve_canal=4336&Portal=cusihuiriachi
[28] Visitar: http://www.ahumada.gob.mx/Contenido/plantilla5.asp?cve_canal=5462&Portal=ahumada

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Características meteorológicas**

  - **Janos**

Es árido extremoso, con una temperatura máxima de 44° C y una mínima de -18° C; tiene un promedio anual de 54 días-lluvia, con una humedad relativa del 45% y una precipitación pluvial media anual de 297.2 milímetros. El viento dominante es del Sudoeste.

  - **Buenaventura**

Se puede clasificar de Árido Extremoso; con Temperatura Máxima de 41.5º C y una Mínima de -17.5º C. La temperatura media actual es de 16.6º centigrados. La Precipitación Pluvial Media Anual en el Municipio es de 308.6 Milímetros, con una humedad relativa del 45%. Los vientos dominantes provienen del Suroeste.

  - **Cusihuiriachi**

Se puede clasificar como moderado-semihúmedo para la estación de verano, templado en otoño, frío en invierno y ligeramente cálido en primavera, por lo que es difícil definir en un solo término el clima de nuestro Municipio. Pero en general lo consideramos templado-extremoso con temperaturas máximas de aproximadamente 40 °C, y mínimas entre los -12 y 15°C.
La precipitación pluvial media anual es de 496.7 milímetros, con una humedad relativa del 65% y un promedio de 65 días de lluvia. El viento dominante es del suroeste con velocidades que logran alcanzar rachas entre los 50 y 80 Km./hr.

  - **Ahumada**

Se clasifica como árido extremoso; con una temperatura máxima de 43ºC, y una mínima de -23ºC. La precipitación pluvial media anual es de 275.2 milímetros, una humedad relativa del 45% y un promedio de 58 días de lluvia. Los vientos dominantes provienen del sudoeste.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 9. Datos meteorológicos en el municipio de Cuauhtemoc, 2009. http://smn.cna.gob.mx/productos/emas/

Nombre: CD. CUAUHTEMOC, CHIHUAHUA
Municipio: CD. CUAUHTEMOC
Latitud: 28°23'48"
Longitud: 106°50'21

Mes[29]	Dir deg	WSMDir Deg	WSK kph	WSMK kph	AvgTemp C	AvgRh %	AvgBP mbar	AvgSR W/m^2
ENERO	216	235	12	19	10	41	795	177
FEBRERO	218	236	14	23	12	22	795	231
MARZO	224	242	15	24	15	28	793	251
ABRIL	217	236	15	25	16	20	794	323
MAYO	230	253	13	22	20	31	794	306
JUNIO	221	245	12	20	21	44	794	267
JULIO	205	224	12	19	21	60	797	269
AGOSTO	201	224	10	17	19	71	797	241
SEPTIEMBRE	180	202	9	14	18	72	797	216
OCTUBRE	221	236	10	17	16	59	793	207
NOVIEMBRE	179	200	8	12	11	46	795	187
DICIEMBRE	-	-	-	-	-	-	-	-

+Acumulado
*Promedios

[29] **Dir –.** El valor dado es el promedio de 10 minutos de la ***dire cción del viento***. Indica de donde viene el viento, y esta medido en grados dextrorsum, donde 0° = Norte Verdadero. Se considera el sentido de las manecillas del reloj (E=90°; S=180°; W=270°). Rango de medición [0,359]. **WSMDir –** ***Dirección del viento más alto (racha)*** medido en elintervalo de 10 minutos, que haya tenido una duración mayor a 5 segundos, unidades Grados D. **WSK –** ***Velocidad de Viento*** del promedio de 10 min, esta dada en Km/h [0.0,234]. **WSMK –** ***Velocidad del viento máximo*** durante el intervalo de 10 min con duración mayor a 5 segundos, esta dada en Km/h. **AvgTemp –** ***Temperatura*** promedio del aire (al abrigo, a la sombra) durante el intervalo de 10 minutos, unidad °C [-60.0,60.0]. **AvgRh –** ***Humedad Relativa*** promedio durante el intervalo de 10 minutos, está dada en % [0,100]. **AvgBP –** ***Presión*** Barométrica promedio durante el intervalo de 10 minutos, unidad milibar (mbar) [550.0,1100.0**]. AvgSR –** ***Densidad de flujo de energía de radiación solar***, llamada también IRRADIANCIA, promedio de 10 minutos, unidad W/m2, se registra a través de un piranómetro marca ipp&Zonen, modelo CM11. [0,1200] según el proveedor [-20,1400]

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

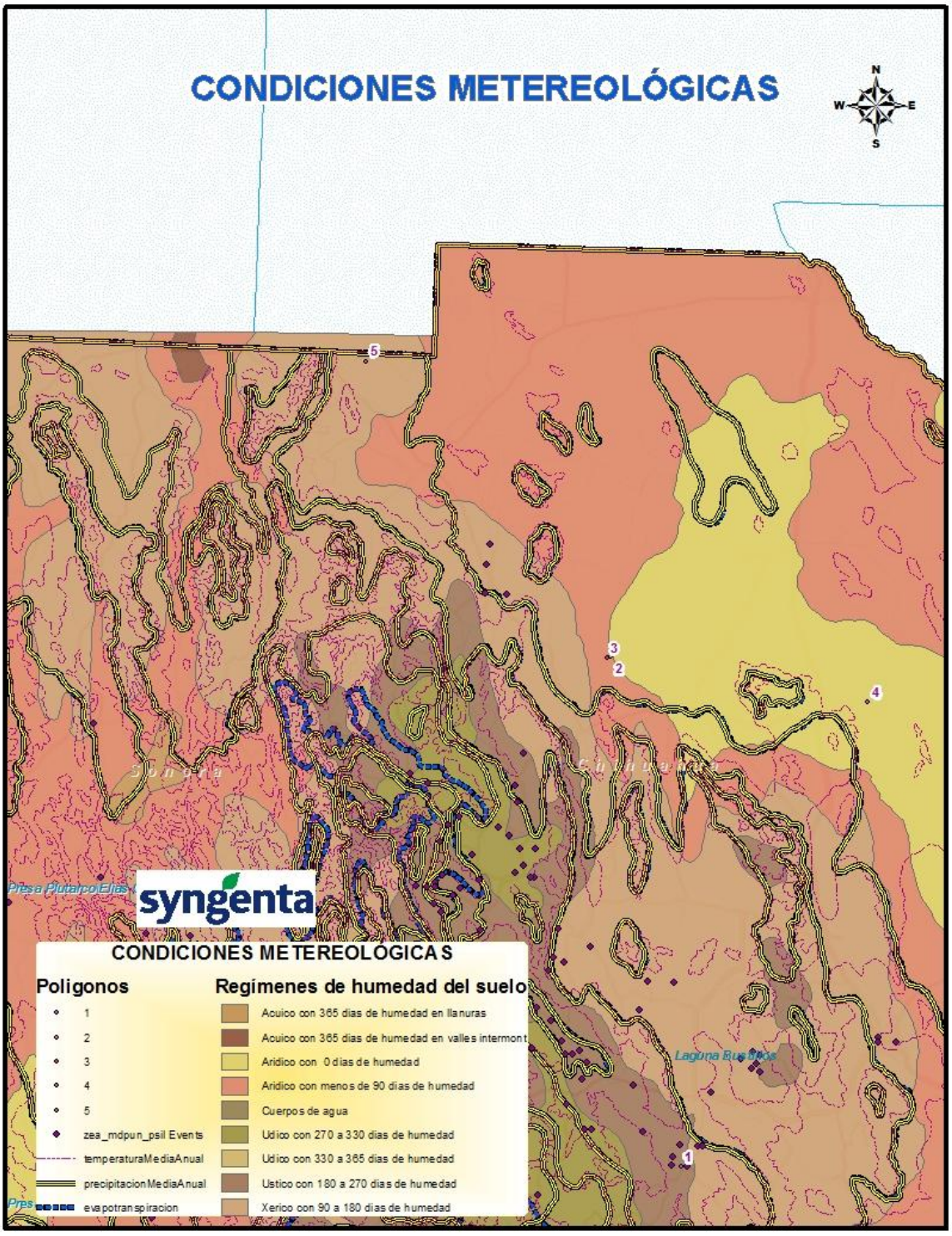


Figura 17: **Mapa de representación de condiciones meteorológicas presentes en la zona**. Cartografía empleada: "Datos vectoriales de la serie topográfica y de recursos naturales" escala. 1:1 000 000. INEGI (2000) y "Áreas Urbanas de México". ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1: 200.000.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Clima:**

El estado de Chihuahua por latitud (entre 25°38' y 31°47' N) está ubicado en la zona subtropical, donde generalmente las corrientes de aire son descendentes, frescas y secas, debido a lo cual no producen condensación en su seno ni precipitación o ésta es muy escasa, y dan lugar a la presencia de desiertos alrededor de los 30° de latitud. El relieve irregular, en el poniente y sur, representado por las estribaciones de la Sierra Madre Occidental influye en el incremento de la precipitación en las partes más altas de esa región y en la disminución gradual de la misma hacia el oriente. La altitud es otro de los factores que juega un papel importante en los climas de la entidad, así, en las zonas de menor altitud situadas en el sureste, próximas a los 500 m, la temperatura es alta; ésta disminuye en forma importante en las zonas más elevadas de la sierra (arriba de los 3,000 msnm) y vuelve a aumentar gradualmente hacia el este, conforme la altitud decrece. La ubicación y distancia del territorio respecto a las masas de agua también participa en la cantidad de precipitación y la variación anual de la temperatura. La combinación de todos esos factores ha originado el predominio de climas muy secos en una franja que va del nornoroeste al estesureste; seguidos hacia el occidente por climas secos, semisecos, semifríos, templados, semicálidos y cálidos.

El clima semiseco templado abarca 15.70% del estado, en terrenos pertenecientes a la estribación este de la Sierra Madre Occidental. Se muestra como una franja que comprende del noroeste y suroeste de la cabecera municipal Janos a los alrededores de las cabeceras municipales Namiquipa, Bachíniva, Cuauhtémoc, San Andrés, Santa Isabel, San Francisco de Borja, Nonoava, Mariano Balleza, Hidalgo del Parral, San Francisco del Oro y Mariano Matamoros, entre otras. En esta franja la precipitación total anual va de 400 a 600 mm, y la temperatura media anual varía entre 12° y 18°C.

El clima templado subhúmedo con lluvias en verano comprende 13.36% de la superficie de Chihuahua, se encuentra sobre todo en el borde occidental de las zonas de clima semifrío, aunque se interna hacia el este hasta antes de llegar a la localidad de Cuauhtémoc y después continua al sur. Estos terrenos, en los que están ubicadas algunas poblaciones como Melchor Ocampo y Guadalupe Calvo, la temperatura media anual va de 12° a 18°C y la precipitación total anual, de 600 a 1 200 mm.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

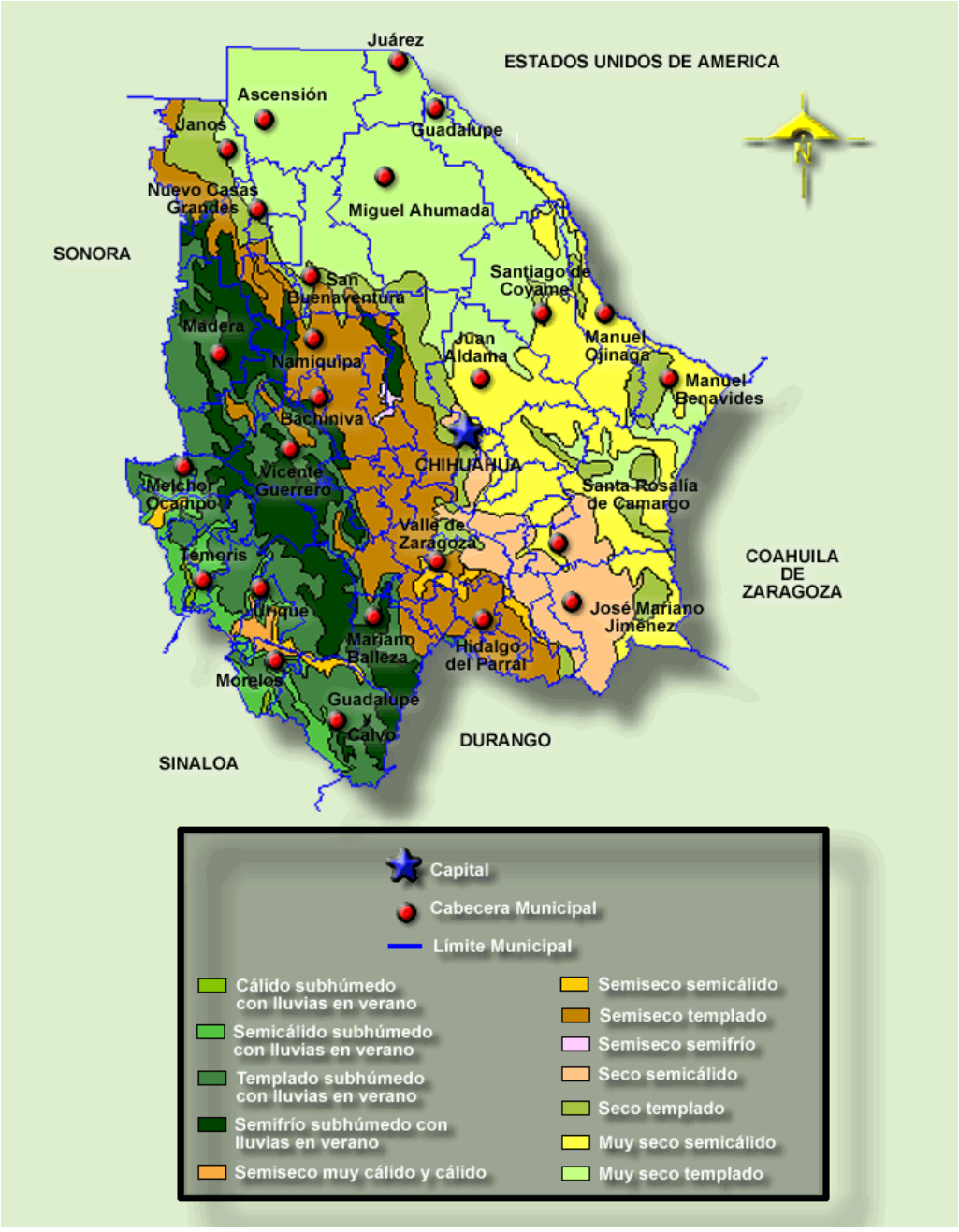


Figura 18: **Mapa de los climas en el Estado de Chihuahuas**. Figura tomada de: http://mapserver.inegi.gob.mx/geografia/espanol/estados/tamps/clim.cfm

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Uso de suelo y tipo de vegetación de la región.**

La Sierra Madre Occidental es el rasgo orográfico más importante de Chihuahua; en esta gran cadena montañosa de origen volcánico predomina el Bosque, que constituye uno de los recursos naturales más valiosos de la entidad, representa 29% de la superficie; en algunas cañadas de la sierra se desarrolla la Selva, que cubre menos de 2%; paralelo al pie de monte oriental de la sierra, se extiende ampliamente el Pastizal, que representa 24% del estado, siendo un valioso recurso para la ganadería; en la parte árida prospera el Matorral, que ocupa la porción oriental y parte del norte, cubre 32%; la Agricultura constituye solamente 7% del área estatal; el resto del territorio corresponde a otras comunidades como la vegetación de desiertos arenosos, vegetación halófila, cuerpos de agua y manchas urbanas.

La Sierra Madre Occidental presenta una abundante cubierta vegetal de bosque, con diversas variantes dependiendo del clima y altitud donde se presenta. En las partes altas donde dominan climas templados y semifríos subhúmedos, son comunes las masas arboladas de coníferas conformadas por varias especies de Pinus spp. (pino), en altitudes intermedias los climas gradúan a templados, ahí los bosques de pino se entremezlan con elementos de Quercus spp. (encino) que de manera general, poseen similares requerimientos ecológicos que los pinos; conforme se pierde altitud el clima va aumentando su temperatura y el elemento dominante en estos bosques es el encino sobre el pino, de manera tal que las partes bajas de la sierra están conformadas por bosques de encino exclusivamente.

La selva baja caducifolia cubre los fondos de cañadas y cañones de muchos ríos y arroyos que bajan de la sierra, sobre todo hacia la vertiente del Pacífico, en estos lugares la altitud disminuye de manera notable, y el clima se vuelve más cálido a medida que desciende; las lluvias son estacionales y favorecen el crecimiento de este tipo de vegetación, constituida por árboles no muy altos, con menos de 15 m, donde la gran mayoría pierden sus hojas durante los meses secos.El pastizal prefiere los climas secos y semisecos templados y representa una transición entre los bosques de la sierra y los matorrales xerófilos del altiplano. Los pastizales naturales se desarrollan en lugares llanos o en laderas poco inclinadas, en ellos se desarrolla un intenso pastoreo de ganado bovino. Los elementos dominantes que conforman el pastizal son: Bouteloua spp. (zacate banderita, navajita), Aristida spp. (zacate tres barbas, cola de zorra), y Mulhenbergia spp. (zacatón liendrilla); en los lugares bajos de la planicie, que presentan inundaciones estacionales y suelos salinos crecen los pastizales halófilos.Son variados los tipos de matorrales xerófilos del estado, pero son dos los que dominan ampliamente: el matorral desértico micrófilo, que se distribuye en las extensas y áridas planicies aluviales, está conformado por elementos arbustivos de hojas pequeñas; algunas de las plantas más comunes en este tipo de vegetación son Larrea spp. (gobernadora) y Flourensia spp. (Hojasén), son frecuentes también los elementos espinosos; el segundo tipo es el matorral desértico rosetófilo que se distribuye en suelos delgados y pedregosos de laderas de cerros y lomeríos, está formado por elementos arbustivos con hojas agrupadas en forma de roseta, los elementos más comunes son Agave spp. (maguey), Hechtia spp. (guapilla) y Dasylirion spp. (sotol) y forman poblaciones más o menos densas.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

La dominancia de los climas áridos y la escasez de los recursos hídricos hacen de la agricultura una actividad de alto riesgo en el estado; la mayor parte de ella, comprende agricultura de temporal o de secano, se concentra especialmente en algunos valles intermontanos y áreas cercanas a la sierra, hacia los lugares más alejados de ésta, la agricultura cuenta con infraestructura para riego. Se produce maíz, frijol, avena, alfalfa, algodón, sorgo, trigo, manzana y durazno, entre muchos otros productos.

- Agricultura
- Pastizales
- Bosque
- Selva
- Matorral
- Otro

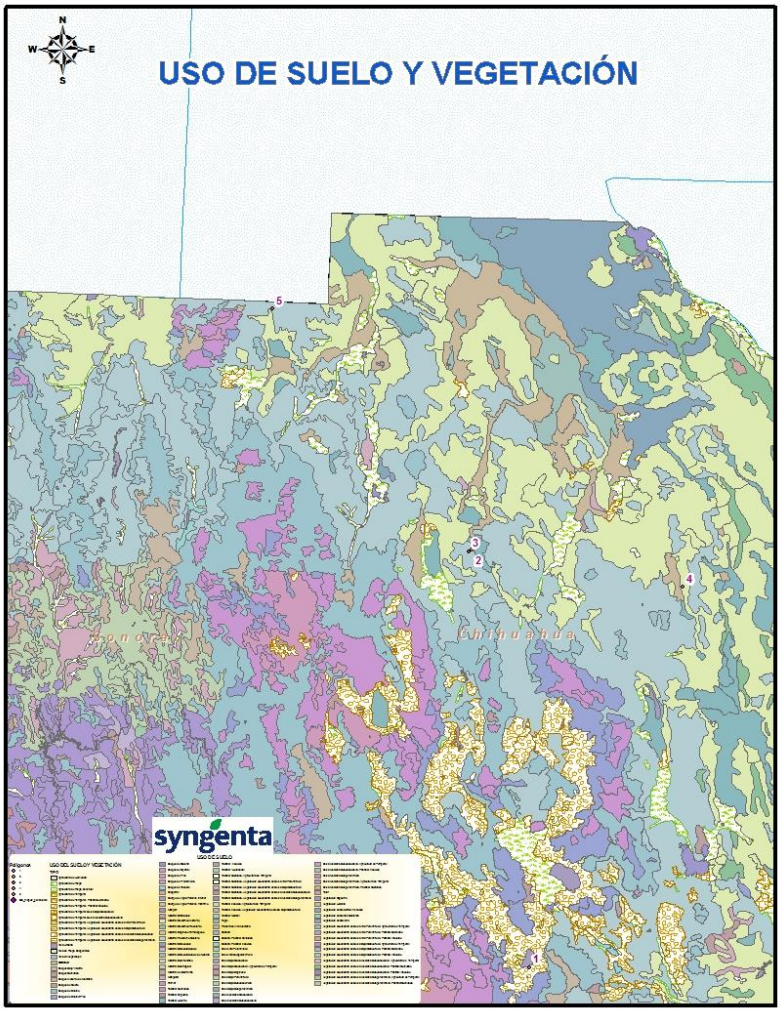


Figura 17: **Mapa de los usos de suelo y vegetación presentes en la zona**. Cartografía empleada: “Uso de suelo y vegetación modificado por CONABIO”., CONABIO, 1999 y “Áreas Urbanas de México”. ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1: 200,000.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Áreas Naturales Protegidas:**

En el sitio en el que se llevará a cabo la liberación no se encuentran cerca ni Áreas Naturales Protegidas, ni ninguna zona determinada como prioritaria para la conservación por su riqueza en especies o endemismos.

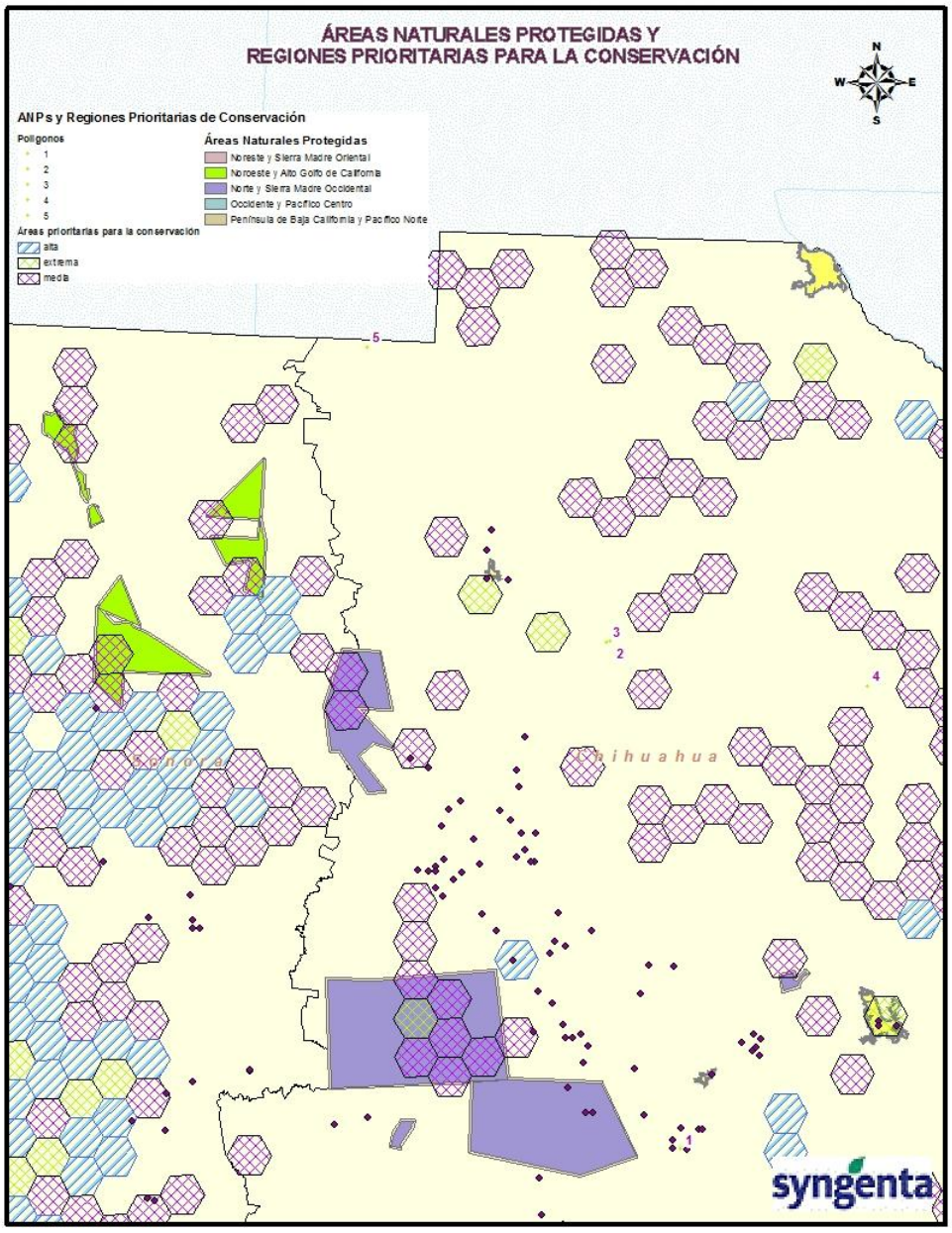


Figura 20. Mapa de las Áreas Naturales Protegidas y Regiones Prioritarias para la Conservación presentes en la zona. Cartografía empleada: "Cobertura de las 166 Áreas Naturales Protegidas Federales" CONANP, 2008; "Regiones Terrestres Prioritarias", Conabio, 2004 a; "Sitios prioritarios terrestres para la conservación de la biodiversidad", CONABIO, CONANP, TNC y Pronatura, 2007 y "Áreas Urbanas de México", ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1: 200.000.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Agua para riego**

  - **Janos**

El Río de Casas Grandes viene de Nuevo Casas Grandes, siguiendo su curso al Norte, pasando a Ascensión; se le une al Río de Janos y los Arroyos de Carretas y Los Alisos. Los Arroyos del Oso y del Cañón de Guadalupe van a descargar sus aguas al Río Bavispe.

  - **Buenaventura**

Pertenece a la vertiente continental, representada por el Río Bachíniva y sus afluentes. Bajo la sierra San José se le unen los arroyos de Peña Larga, Los Encinos, Nogales, Agua Fría, Arroyo Prieto, Lazarea y San Isidro; pasa a Namiquipa, después de un curso de 36 kilómetros y forma el Río de Santa María. Además, cuenta con la Presa Las Chepas.

  - **Cusihuiriachi**

Está subdividida en tres vertientes; la del Golfo de México que es la de mayor extensión. Formado por el arroyo de Cusihuiriachi, que constituye la primera corriente del río San Lorenzo y al de la Cieneguilla que va a engrosar el río San Pedro en el municipio de San Francisco de Borja. Ambos tributarios del Conchos. A la vertiente interior o continental corresponde la Laguna de Los Mexicanos, que está en su jurisdicción y en la que vierten sus aguas varios arroyos pequeños que bajan de las serranías de Milpillas y San José, midiendo su cuenca hidrográfica 680 km. La vertiente occidental la constituyen las aguas que bajan de la serranía situada al oeste de Cerro Prieto y que van a caer al río Basuchil, afluente del Papigochi.

Corresponde a la cuenca cerrada del norte RH14 y a la subcuenca Laguna de Los Méxicanos. Los vasos naturales (lagunas) que se localizan en el municipio son:

• Laguna de los Mexicanos (8000 has. De sup.).
• Laguna Prieta (50 has.).
• Laguna Honda (25 has.).
• Laguna Arzata (100 has.).
• Laguna del Llano (50 has.).
• Laguna de San Rafael (100 has.).

  - **Ahumada**

Corresponde a la vertiente continental. Su corriente principal es el Río del Carmen que nace en el Municipio de Buenaventura y desemboca en la Laguna de Patos. Su territorio es una cuenca cerrada en la que se forman además las lagunas de Ojo Caliente, Tarabillas y Tres Castillos, cuenta también con varios pozos y aguas que brotan en el Ojo del Carrizal.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

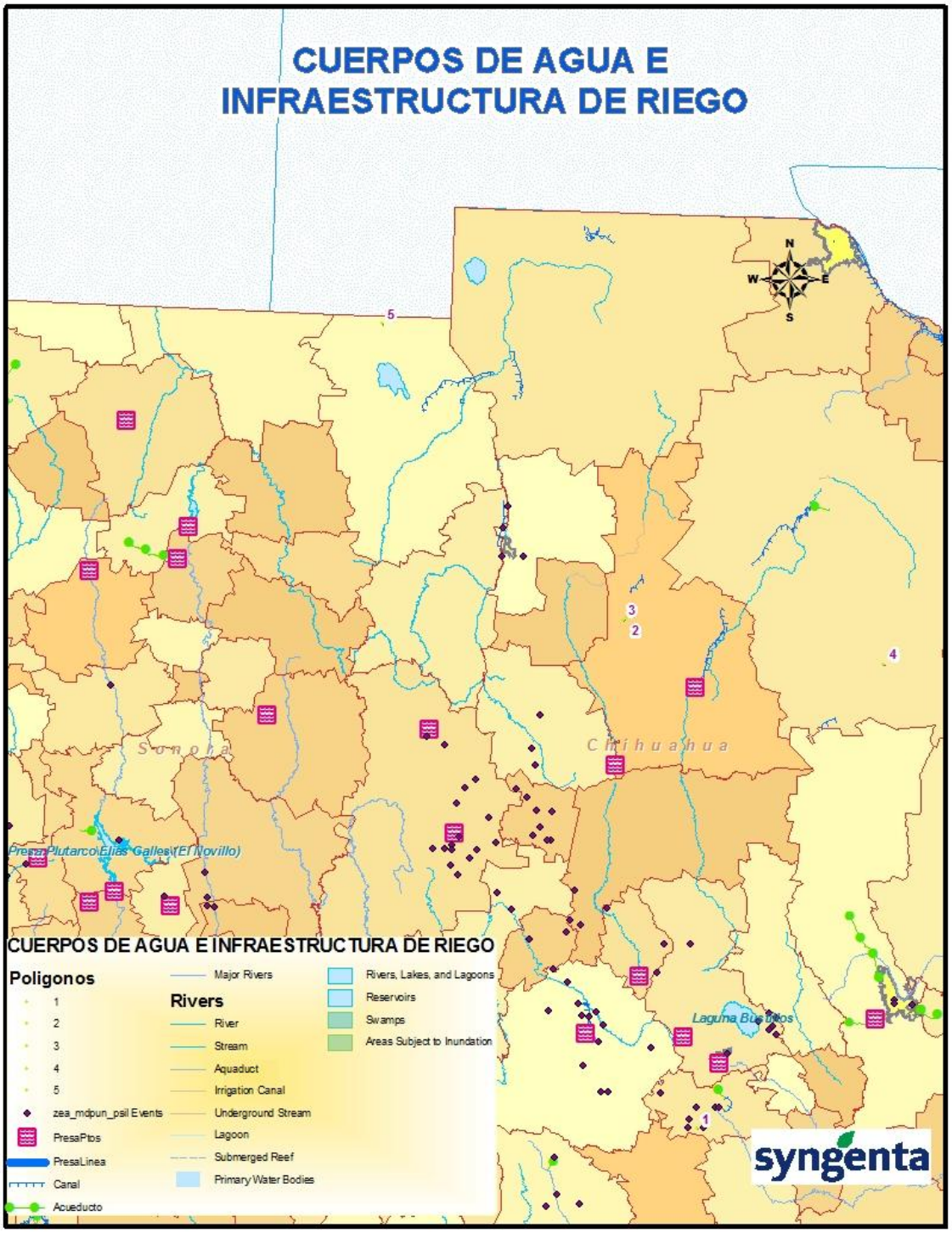


Figura 21. Mapa de cuerpos de agua e infraestructura de riego. Cartografía empleada: "Datos vectoriales de la serie topográfica y de recursos naturales" escala. 1:1 000 000. INEGI (2000) y "Áreas Urbanas de México". ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1: 200.000.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

El mapa muestra los diferentes tipos de suelo que se encuentran en la región de liberación a partir de la unión de 32 coberturas. Enriquecimiento y uso de la base de datos geográficos del INIFAP apoyado por CONABIO (1994).

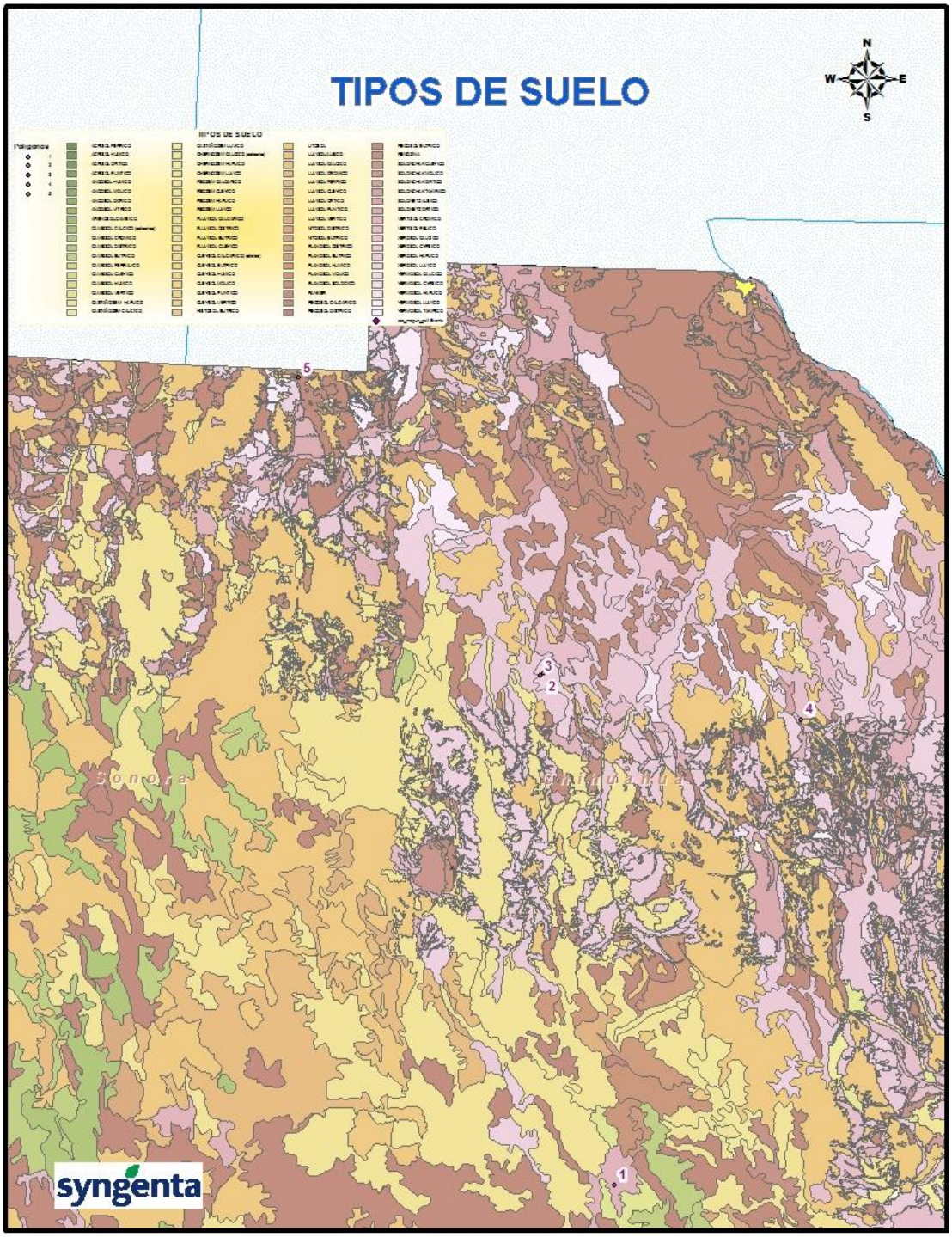


Figura 22. Mapa de las diferentes tipos de suelo que se encuentran en la región de liberación. Cartografía empleada: Instituto Nacional de investigaciones Forestales y Agropecuarias (INIFAP) - Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO), (1995). 'Edafología'. Escalas 1:250000 y 1:1000000. México, ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1: 200,000.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Producción agrícola de la región**

En el Estado de Chihuahua existe una gran actividad agrícola y se producen principalmente los siguientes cultivos:

Tabla 10: Principales cultivos en el Estado de Chihuahua. Información tomada de: http://mapserver.inegi.gob.mx/geografia/espanol/estados/chih/agr_veget.cfm?c=1215&e=08&CFID=1058218&CFTOKEN=58420999

Concepto	Nombre científico	Nombre local	Utilidad
Agricultura			
7.38 % de la superficie estatal	Zea mays	Maíz	Comestible
	Phaseolus vulgaris	Frijol	Comestible
	Medicago sativa	Alfalfa	Forraje
	Sorghum vulgare	Sorgo	Forraje
	Malus sylvestris	Manzana	Comestible
Pastizal			
23.89 % de la superficie estatal	Bouteloua gracilis	Navajita	Forraje
	Aristida sp.	Zacate tres barbas	Forraje
	Sporobolus airoides	Zacatón	Forraje
	Bouteloua hirsuta	Navajita velluda	Forraje
	Heteropogon contortus	Zacate colorado	Forraje
Bosque			
29.42 % de la superficie estatal	Pinus leiophylla	Pino cheguis	Industrial
	Pinus engelmanni	Pino real	Industrial
	Pinus ayacahuite	Pino huiyoco	Industrial
	Pinus durangensis	Pino colorado	Industrial
	Quercus chihuahuensis	Encino blanco	Leña
Selva			

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

2.38 % de la superficie estatal	Lysiloma divaricata	Mauto	Forraje
	Ipomoea arborescens	Palo blanco	Leña
	Guazuma ulmifolia	Guácima	Comercial
	Bursera fagaroides	Copal	Comestible
Matorral			
32.41 % de la superficie estatal	Larrea tridentata	Gobernadora	Medicinal
	Flourensia cernua	Hojasén	Medicinal
	Prosopis glandulosa	Mezquite	Leña
	Dasylirion texanum	Sotol	Industrial
	Fouquieria splendens	Ocotillo	Construcción
Otro			
4.52 % de la superficie estatal			

NOTA: Sólo se mencionan algunas especies útiles.
FUENTE: INEGI. Carta de Uso del Suelo y Vegetación, 1:250 000.
INEGI. Carta de Uso del Suelo y Vegetación, 1:1 000 000.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

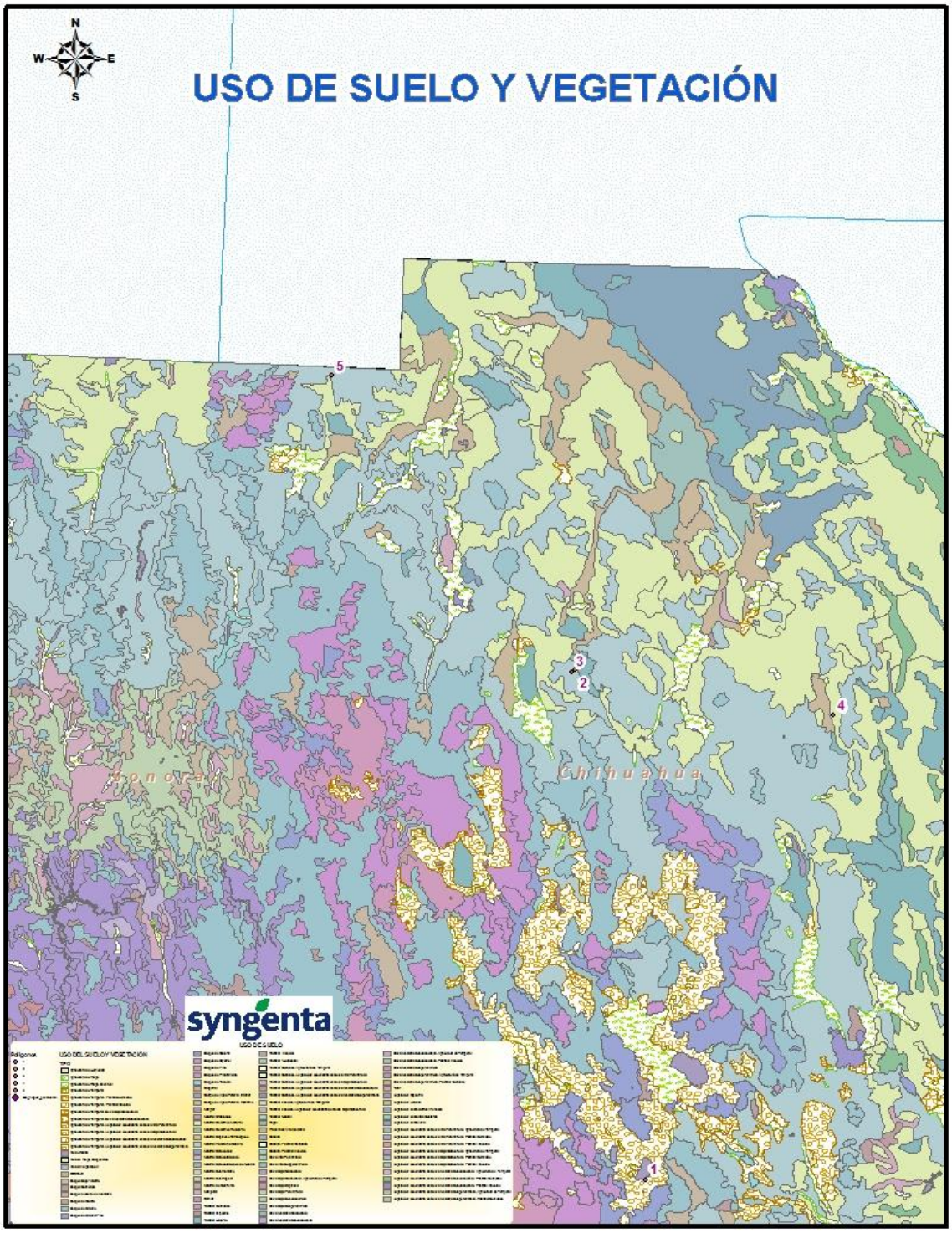


Figura 23. Uso de suelo y Vegetación presentes en la zona de liberación. Cartografía usada "Carta de Uso del Suelo y Vegetación", 1:250 000. INEGI. "Áreas Urbanas de México". ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1:750.000.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Estadísticas de producción del cultivo de maíz convencional en el municipio de Bachiniva, Janos, buenaventura, Cuauhtémoc y Namiquipa, Chihuahua.**

Tabla 11: Producción de maíz en zonas de riego en el municipio de Bachiniva, Janos, Buenaventura, Cuauhtémoc y Namiquipa en el Estado de Chihuahua. http://www.siap.gob.mx/index.php?option=com_wrapper&view=wrapper&Itemid=350

ESTADO CHIHUAHUA

Ciclo: Año Agricola OI+PV 2009

Modalidad: Riego + Temporal

MAIZ GRANO

MUNICIPIO	Sup. Sembrada (Ha)	Sup. Cosechada (Ha)	Sup. Siniestrada (Ha)	Producción (Ton)	Rendimiento (Ton/Ha)	PMR ($/Ton)	Valor Producción (Miles de Pesos)
JANOS							
Maíz grano blanco	1,147.00	1,147.00	0.00	9,796.00	8.54	2,100.00	20,571.60
Maíz grano amarillo	831.00	727.00	104.00	5,374.00	7.39	2,100.00	11,285.40
BUENAVENTURA							
Maíz grano blanco	5,930.00	5,930.00	0.00	47,210.00	7.96	2,155.12	101,743.00
Maíz grano amarillo	2,843.00	2,843.00	0.00	22,701.00	7.98	2,151.99	48,852.30
CUSIHUIRIACHI							
Maíz forrajero	910.50	910.50	0.00	22,762.50	25.00	800.00	18,210.00
Maíz grano	5,359.50	5,284.25	75.25	48,700.00	9.22	3,000.00	146,100.00
AHUMADA							
Maíz grano blanco	6,439.00	6,439.00	0.00	44,623.00	6.93	2,300.00	102,632.90
Maíz grano amarillo	3,111.00	3,111.00	0.00	21,777.00	7.00	2,300.00	50,087.10

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

3. Plano de ubicación señalando las principales vías de comunicación

El estado de Chihuahua cuenta con suficientes vías de comunicación, tanto terrestres como aéreas, que lo conectan internamente y con el resto del país[30]

Las principales carreteras que cruzan por el territorio del Municipio de Chihuahua son:

Carretera Federal 16

Carretera Federal 24

Carretera Federal 45

La red carretera del municipio tiene una longitud de 328.0 km de carreteras pavimentadas y 141.3 de revestidas; según su clasificación son 242.4 km de vías primarias, 81.4 de secundarias y 5.0 de caminos rurales en el caso de las pavimentas, y las revestidas están constituidas por 141.3 km de caminos únicamente rurales.

La principal carretera del municipio es la Carretera Federal 45 que lo recorre de norte a sur, en toda su extensión es una autopista de cuatro carriles que lleva por el norte a Ciudad Juárez y hacia el sur a Meoqui, Delicias y el resto del país. La carretera 45 cruza la ciudad de Chihuahua.

De este a oeste la principal vía de comunicación es la Carretera Federal 16 que tiene su origen en la fronteriza ciudad de Ojinaga y entra al municipio procedente del vecino municipio de Aldama, cruza la ciudad de Chihuahua y sale de ella hacia el oeste, comunicándola con las poblaciones de Santa Isabel y Cuauhtémoc. Es la principal vía de comunicación del centro del estado con la región de la sierra.

La tercera carrera federal que cruza el municipio es la Carretera Federal 24, conocida como vía corta a la ciudad de Parral, se encuentra situada en el suroeste del municipio, donde enlaza con la carretera 16, comunica a poblaciones como Ciénega de Ortiz, Guadalupe y Soto.

Las carretera estatales del municipio están constituidas por el ramal que desde la carretera 45 enlaza a la población de El Sauz, y la carretera que partiendo desde la misma 45 al norte del municipio se dirige hacia el oeste, a través de la región de la Sierra Azul, comunicando con el municipio de Namiquipa. Ferrocarril

Dos vías de ferrocarril cruzan el municipio, de norte a sur cruza la línea Ciudad de México-Ciudad Juárez, operada por el Ferrocarril Mexicano, y de este a oeste el Ferrocarril Chihuahua al Pacífico procedente de Ojinaga y que culmina en Topolobampo, Sinaloa y que tiene gran importancia turística, en la actualidad este último es el único que ofrece servicio de pasajeros, mientras que el Ferrocarril Mexicano está dedicado únicamente al transporte de carga.

[30] http://mapserver.inegi.gob.mx

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

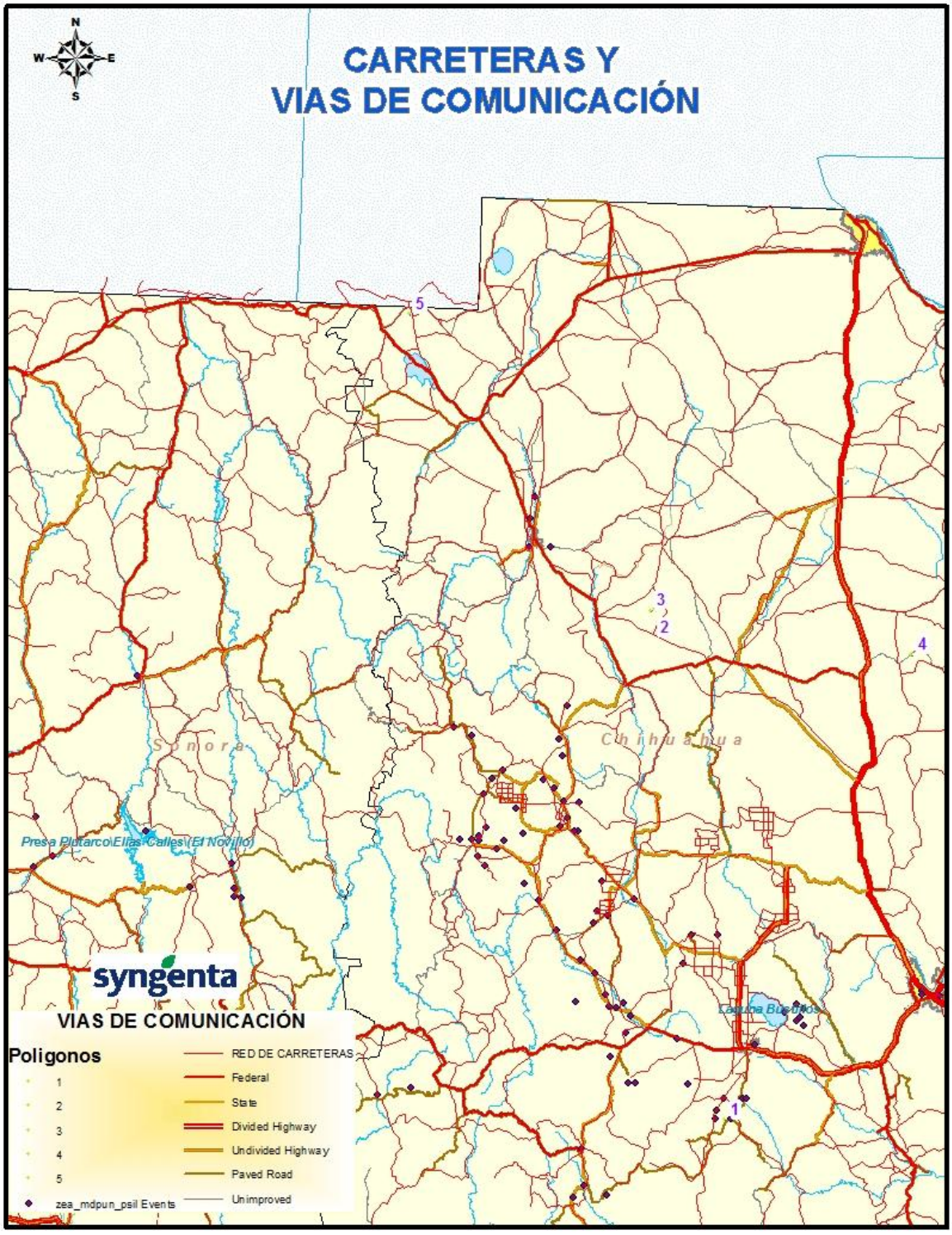


Figura 20: Plano de ubicación señalando las principales vías de comunicación Cartografía empleada: Mapa de las principales carreteras del País escala 1:1000000. El mapa se obtuvo del trabajo que elaboró el Digital Chart of the World. Tema (conabio): Infraestructura Vías de comunicación 1:200.000 Carreteras Infraestructura Red carreteras Vías comunicación-

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

III. Estudio de los posibles riesgos que la liberación de los OGMs pudiera generar al medio ambiente y a la diversidad biológica a los que se refiere el artículo 42, fracción III, de la Ley. Contendrá, además de lo dispuesto en el artículo 62 de la Ley, la información siguiente OGM.

Para llevar a cabo un estudio de riesgos y concluir sobre la posible magnitud y las estrategias necesarias para contender con los riesgos identificados, es necesario tomar en cuenta toda la información presentada en las fracciones 16 I, II y la requerida por la presente fracción en su totalidad para después poder emitir una conclusión general de dicho estudio, siguiendo así con las convenciones aceptadas sobre la evaluación de riesgos sobre el uso de cultivos GM (Johnson K.L. *et al*., 2006).

Tomando en cuenta el artículo 61 fracción IV de la LBOGM[31] *: **"... Deben tener como base mínima los posibles riesgos que se impondrían por la liberación de los organismos hospederos no modificados genéticamente o de los organismos parentales, cuando fueran liberados en ese medio ambiente;.."*** a continuación presentamos algunas conclusiones sobre los efectos de la agricultura convencional sobre el medio ambiente y la diversidad biológica, salud animal, vegetal y acuícola que deben ser considerados como la base mínima sobre la cual evaluar los posibles riesgos derivados de la liberación de OGM al medio ambiente.

De acuerdo a varios autores los modelos agrícolas modernos han tenido impactos considerables en la biodiversidad mundial. A una escala global, los efectos negativos más grandes son debidos a la pérdida del hábitat natural por el cambio de uso de suelo. Múltiples cambios en el uso de suelo y en el manejo del suelo agrícola a lo largo del siglo pasado, han resultado en la disminución de la diversidad de flora, invertebrados y aves dentro de los agroecosistemas. La disminución en la diversidad botánica en pastizales y tierras arables en Europa por ejemplo, se debe al cambio a cultivos forrajeros de alto rendimiento y el uso constante y en elevadas concentraciones de insumos agrícolas (Sanvido O., *et al*., 2006).

Sin embargo aún cuando los cultivos GM podrían representar una de las soluciones a reducir dicho deterioro ambiental, la seguridad de los mismos es evaluada generalmente de forma más intensiva comparado con los cultivos generados por mejoramiento convencional. Adicionalmente a las pruebas que se llevan a cabo durante el proceso convencional de selección agronómica, los cultivos GM deben pasar por un proceso riguroso de evaluación, previo a obtener las licencias regulatorias que les permita ingresar al mercado y demostrar en amplias superficies los posibles beneficios ambientales. Los riesgos de los cultivos GM al ambiente, especialmente a la biodiversidad, han sido extensivamente evaluados alrededor del mundo durante los diez años de siembras comerciales en algunos países (Sanvido O., *et al*., 2006).

[31] Artículo 61: ARTÍCULO 61.- Para llevar a cabo el estudio y la evaluación del riesgo, se deberán observar los siguientes lineamientos:
I. Deben realizarse caso por caso de una forma transparente y basada en principios científicos y en el enfoque de precaución, en los términos de esta Ley, tomando en cuenta el asesoramiento de expertos;
II. Se realizarán en los campos de especialidad relevantes;
III. La falta de conocimiento o consenso científico no se interpretará necesariamente como indicador de un determinado nivel de riesgo, de ausencia de riesgo, o de la existencia de un riesgo aceptable;
IV. Deben tener como base mínima los posibles riesgos que se impondrían por la liberación de los organismos hospederos no modificados genéticamente o de los organismos parentales, cuando fueran liberados en ese medio ambiente;
V. Se deberá considerar el organismo receptor, la modificación genética, incluyendo la construcción genética y el método de inserción, y el ambiente en el que se pretende liberar el OGM, y
VI. La naturaleza y el nivel de detalle de la información que contengan pueden variar de un caso a otro, dependiendo del OGM de que se trate, su uso previsto y el probable ambiente receptor.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Los posibles riesgos directos al medio ambiente derivados de la liberación de los cultivos GM han sido ampliamente identificados, y se pueden enlistar (Sanvido O., *et al*., 2006):

- Posible pérdida de diversidad genética debido a hibridización con variedades nativas y parientes silvestres de los cultivos.
- Posibilidad de los cultivos de ser más persistentes en el medio ambiente (malezas)
- Posibles efectos a organismos no blanco de las tecnologías de resistencia a insectos
- Posibles desarrollo de resistencia de las plagas blanco a los cultivos con resistencia a insectos

Es en este marco conceptual en el que se evalúan los riesgos en la presente solicitud siguiendo además con los requisitos que enlista el RLBOGM.

a) Estabilidad de la modificación genética del OGM

De acuerdo a lo mencionado en los apartados 16 I i) y 16 I s), se ha demostrado que el locus transgénico heredado por el maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 se mantiene estable a lo largo de varias generaciones, por lo que se espera la estabilidad de los rasgos heredados de las líneas puras BT11, MIR162 y GA21 en el maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21. Además hoy en día, los eventos parentales SYN-BTØ11-1, SYN-IR162-4 y MON-ØØØ21-9 son cultivos comerciales en varios mercados internacionales y de los que no se han encontrado evidencia técnica y científica de una posible inestabilidad, por lo que no se esperan posibles riesgos a la diversidad biológica, salud animal, vegetal o acuícola o al medio ambiente por su liberación en fase experimental en México,.

Sin menos cabo de lo anterior, y para redundar en lo mismo, para estudiar la estabilidad de los genes heredados en el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21, se comparó la expresión de las cinco proteínas (Cry1Ab, PAT, Vip3Aa20, PMI y mEPSPS) en varios tejidos del híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 con respecto a las proteínas expresadas individualmente en plantas isogénicas derivadas de los eventos genéticamente modificados parentales: BT11, MIR162, y GA21. Asimismo, se empleó una planta no transgénica *quasi* isogénica como control (en lo sucesivo híbrido no transgénico). Todas las concentraciones de las proteínas expresadas se cuantificaron por ensayo inmunoenzimático (ELISA; Tijssen, 1985).

En general, las concentraciones medidas para las proteínas Cry1Ab, PAT, Vip3Aa20, PMI y mEPSPS fueron similares entre los diferentes tejidos de los eventos individuales de maíz con las tecnologías BT11, MIR162, y GA21 y el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 (Tabla 18 y 19). Respecto del análisis estadístico, se observaron seis diferencias significativas entre las concentraciones medidas en los tejidos de la planta de maíz con respecto de las 25 comparaciones estadísticas. A pesar de estos seis casos de diferencias significativas, no hay evidencia en los datos agronómicos que sugieran cambios inesperados en la expresión de las proteínas en el híbrido de maíz con combinación de genes como resultado de la combinación de los eventos parentales individuales a través del mejoramiento convencional.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 18. Rangos de concentración de las proteínas medidas en los tejidos de los eventos parentales individuales y en el híbrido de maíz con combinación de genes en base seca (µg/g DW)

Tipo de Tejido (Etapa)	Híbrido	Cry1Ab[a]	PAT[a]	Vip3Aa20[b]	PMI [b]	mEPSPS[c]
Hojas (Verticilo)	Evento	117.26—180.55	N/A	172.10—202.72	N/A	N/A
	Híbrido[d]	123.06—173.32	N/A	159.34—213.99	N/A	N/A
Hojas (Antesis)	Evento	30.22—40.12	0.51—0.81	112.36—154.79	6.03—7.41	30.39—40.44
	Híbrido	21.86—40.39	0.48—0.97	116.71—187.47	6.39—8.76	28.86—39.59
Raíces (Antesis)	Evento	10.33—15.53	0.35—0.79	9.54—51.60	1.45—3.65	11.81—18.98
	Híbrido	9.17—14.45	0.31—0.47	19.07—38.45	1.54—3.18	10.68—15.44
Polen (Antesis)	Evento	0.06—0.07	<LOQ—<LOD	103.72—111.18	4.25—5.30	65.79—116.33
	Híbrido	0.05—0.15	<LOQ—<LOD	138.53—173.94	4.41—5.30	103.15—144.19
Semillas (Madurez)	Evento	4.35—10.67	<LOQ—<LOQ	56.41—108.27	1.11—2.58	5.35—8.76
	Híbrido	4.85—10.64	<LOQ—<LOQ	59.18—102.10	1.21—2.61	3.53—8.57
Planta Completa (Antesis)	Evento	16.15—22.72	0.66—1.08	64.92—102.64	3.56—4.42	35.65—62.96
	Híbrido	13.91—20.42	0.65—0.86	67.56—86.51	3.52—4.22	36.64—54.73

a. Las proteínas Cry1Ab y PAT se expresan en el evento BT11.
b. Las proteínas Vip3Aa20 y PMI se expresan en el evento MIR162.
c. La proteína mEPSPS se expresa en el evento GA21.
d. Híbrido = BT11 x MIR162 x GA21; las cinco proteínas se expresan.
N/A indica que en ciertos casos las proteínas no se analizaron.

Tabla 19. Análisis estadístico de las proteínas of Cry1Ab y PAT medidas en el evento BT11 y en el híbrido de maíz BT11 x MIR162 x GA21 (Promedio µg/g DW)

	Hojas (Verticilo)	Hojas (Antesis)		Raíces (Antesis)		Polen (Antesis)		Semillas (Madurez)		Planta Completa (Antesis)	
	Cry1Ab	Cry1Ab	PAT	Cry1Ab	PAT	Cry1Ab	PAT	Cry1Ab	PAT	Cry1Ab	PAT
Evento BT11	141.7	33.7	0.657	12.8	0.580	0.0636	N/A	6.91	N/A	19.6	0.872
BT11 x MIR162 x GA21	154.2	32.7	0.629	11.9	0.403	0.0858	N/A	6.79	N/A	17.8	0.751
Desviación Estándar	6.3	4.5	0.046	1.5	0.088	0.027	N/A	1.77	N/A	0.8	0.080
F-test	3.5%	73.8%	40.3%	35.6%	3.4%	26.4%	N/A	92.2%	N/A	2.9%	7.3%

*En negrita y cursiva los valores para la prueba F de probabilidad, indicando significancia estadística entre los dos híbridos (<5%)
N / A indica que la expresión de la proteína fue <LOQ o <LOD. Por lo tanto, el análisis estadístico no fue posible.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 20. Análisis estadístico de las proteínas Vip3Aa20 y PMI medidas en el evento MIR162 y en el híbrido de maíz BT11 x MIR162 x GA21 (Promedio µg/g DW)

	Hojas (Verticilo)	Hojas (Antesis)		Raíces (Antesis)		Polen (Antesis)		Semillas (Madurez)		Planta Completa (Antesis)	
	Vip3Aa20	Vip3Aa20	PMI	Vip3Aa20	PMI	Vip3Aa20	PMI	Vip3Aa20	PMI	Vip3Aa20	PMI
Evento MIR162	185.0	133.2	6.74	32.0	2.03	107.6	4.62	83.8	1.84	80.4	3.94
BT11 x MIR162 x GA21	191.6	139.9	7.44	28.4	2.15	157.0	4.79	83.8	1.77	79.0	3.94
Desviación Estándar	10.1	6.5	0.33	7.9	0.28	14.4	0.25	9.7	0.29	9.9	0.23
F-test	35.5%	17.7%	2.9%	52.0%	54.9%	0.6%	33.3%	99.4%	69.0%	83.8%	98.3%

*En negrita y cursiva los valores para la prueba F de probabilidad, indicando significancia estadística entre los dos híbridos (<5%)

Tabla 21. Análisis estadístico de la proteína mEPSPS medida en el evento GA21 y en el híbrido de maíz BT11 x MIR162 x GA21 (Promedio µg/g DW)

	Hojas (Antesis)	Raíces (Antesis)	Polen (Antesis)	Semillas (Madurez)	Planta Completa (Antesis)
Evento GA21	34.8	14.8	102.4	6.57	46.7
BT11 x MIR162 x GA21	34.1	12.8	131.8	6.76	46.4
Desviación Estándar	1.4	1.8	7.7	1.47	3.6
F-test	47.9%	15.8%	0.4%	85.4%	89.9%

*En negrita y cursiva los valores para la prueba F de probabilidad, indicando significancia estadística entre los dos híbridos (<5%)

Si bien se observaron diferencias significativas después de realizar el análisis estadístico, los resultados de este estudio apoyan la conclusión de que la expresión de las proteínas en el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 fue generalmente similar a la de los eventos parentales individuales BT11, MIR162, y GA21.

Asimismo, los datos reportados en los análisis Southern apoyan la conclusión de que las proteínas presentes en los eventos individuales BT11, MIR162 y GA21, se expresan sin modificaciones en el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

b) Expresión del gen introducido, incluyendo niveles de expresión de la proteína de interés en los diversos tejidos, así como los resultados que lo demuestren

Como se ha venido mencionando dentro de este expediente, el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 (SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9) es un hibrido F1 resultado de la cruza convencional de la línea parental de maíz BT11 (SYN-BTØ11-1) resistente a lepidópteros plaga y tolerante al herbicida glufosinato de amonioidas, por la línea parental de maíz MIR162 (SYN-IR162-4) resistente también a lepidópteros plaga, y por la línea parental de maíz GA21 (MON-ØØØ21-9) tolerante al herbicida glifosato. Cada uno de los eventos parentales segrega de manera mendeliana simple, y de manera independiente entre ellos. Los análisis moleculares indican que el inserto se ha integrado de forma estable en el genoma de la planta de cada evento parental individual (BT11, MIR162, GA21) que se utilizó para la producción del híbrido de maíz SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 (Annick de Framond, 2007), así como el análisis Southern realizado con el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21, demuestra que los rasgos se heredaron sin modificaciones.

Además, dado que el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 se obtuvo por cruzamiento convencional entre líneas portadoras de los eventos BT11, MIR162 y GA21, éste expresa las cinco proteínas transgénicas: Cry1Ab, PAT, Vip3Aa20, PMI y mEPSPS. Como se menciona en el inciso anterior, para caracterizar el rango de expresión de las proteínas transgénicas Cry1Ab, PAT, Vip3Aa20, PMI y mEPSPS en las plantas de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21, se determinaron las concentraciones de estas proteínas por análisis ELISA en varios tejidos vegetales y etapas del ciclo de cultivo (hojas, raíces, plantas completas, grano y polen), de plantas que fueron crecidas en una misma localidad al mismo tiempo, así como también en una planta no transgénica *quasi* isogénica usada como control.

En general, las concentraciones medidas para las proteínas Cry1Ab, PAT, Vip3Aa20, PMI y mEPSPS fueron similares entre los diferentes tejidos de los eventos individuales de maíz con las tecnologías BT11, MIR162, y GA21 y el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21. Respecto del análisis estadístico, se observaron seis diferencias significativas entre las concentraciones medidas en los tejidos de la planta de maíz con respecto de las 25 comparaciones estadísticas, sin embargo a pesar de estos seis casos de diferencias significativas, no hay evidencia en los datos agronómicos que sugieran cambios inesperados en la expresión de las proteínas en el híbrido de maíz con combinación de genes como resultado de la combinación de los eventos parentales individuales a través del mejoramiento convencional, por lo que no se esperan riesgos posibles al medio ambiente o a la diversidad biológica, sanidad animal, vegetal o acuícola debidos a la expresión de las proteínas en maíz al ser liberado en parcelas experimentales de pequeño tamaño y de poca duración en campo.

Asimismo, para lo referente a la expresión de la proteína Cry1Ab en el evento parental SYN-BT-Ø11-1, la proteína Cry1Ab se expresa de forma constitutiva en dentro de la planta, por lo que se puede encontrar en varios tejidos a lo largo del ciclo de vida del cultivo (la información técnica se presentó en el inciso *j) Mapa de la construcción genética, tipo de herencia de los caracteres producto de los genes insertados, expresión de las proteínas y localización de las mismas, por lo que se le pide amablemente al lector dirigirse de nuevo a ella)* y por lo tanto interactuando con diversos organismos sin que esto represente riesgo alguno.

Se ha demostrado en múltiples estudios que los maíces Bt que expresan la proteína Cy1Ab son más específicos comparados al uso de las preparaciones comerciales de Bt (lisados bacterianos o proteínas

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

totales de Bt) y que poseen menos efectos secundarios en artrópodos no blanco cuando se compara con el uso de insecticidas químicos de amplio espectro.

También se ha concluido que no hay efectos adversos en enemigos naturales no blanco resultado por toxicidad directa de las plantas Bt. Los experimentos en campo únicamente han revelado efectos menores transitorios o inconsistentes de los maíces Bt cuando se comparan con los controles no GM.

Por otro lado, los estudios han arrojado que hay efectos indirectos en organismos no blanco, debidos a la calidad de la presa que se alimenta de las plagas blanco con el maíz GM, pero que son considerados cambios imperceptibles en la comunidad de artrópodos, ya que es común que suceda cuando se controla una plaga

Los estudios extensivos sobre los efectos de la expresión de las proteínas Cry1Ab en diversos tejidos de maíz sobre las mariposas monarca, demostraron que dichos efectos son insignificantes, ya que aunque se encuentren probabilidades de exposición éstas no representan riesgos mayores para la especie, comparados con aquellos a los que está sometida en su ciclo de vida normal (pérdida de hábitat, muerte por uso de insecticidas químicos de amplio espectro o colisiones) (Sanvido O., *et al*., 2006; OCDE, 2007).

Por todo lo antes mencionado, no se esperan riesgos posibles al medio ambiente o a la diversidad biológica, salud animal, vegetal o acuícola debidos a la expresión de la proteína en maíz al ser liberado en parcelas experimentales de pequeño tamaño y de poca duración en campo, esto aunado a que al menos en otras zonas del país es bien conocido que en las zonas de vegetación perturbada o con cultivos se presentan la menor cantidad de registros de mariposas (Luna R. *et al.*, 2004).
De la misma forma, para lo referente a la expresión de la proteína Vip3Aa20 del evento parental SYN-IR162-4, se utilizaron los datos sobre la expresión en el evento parental de la proteína Vip3Aa20, para estimar la concentración esperada en el medio ambiente (EEC por sus siglas en Inglés) de la proteína Vip3Aa20 para grupos de organismos que pudieran estar potencialmente expuestos vía el maíz con la tecnología MIR162. Se efectuaron dos estimaciones: 1) “el peor caso” dónde se asume que la dieta del organismo no blanco (no plaga) se conforma en su totalidad de tejidos de maíz con la tecnología MIR162; y 2) “caso realista”, o estimación razonable pero conservadora, dónde se consideran los supuestos sobre la dilución de la proteína Vip3Aa20 en el alimento (presa), suelo, u otros medios. La estimación para “el peor caso” puede ser más adecuado dentro de las evaluaciones de riesgo ambiental que busca proteger organismos individuales (por ejemplo, evaluaciones de especies en peligro de extinción), mientras que las estimaciones “realistas” son más apropiadas para proteger a las poblaciones de organismos no blanco (no plaga).
Por último, los valores para las EECs se compararon con los resultados de los estudios sobre los peligros de las variantes de la proteína Vip3Aa. Estos estudios de peligro evaluaron los efectos de las variantes de la proteína Vip3Aa en grupos de especies representativas de organismos no blanco (no plaga) potencialmente a verse expuestas a la proteína Vip3Aa20 vía el maíz con la tecnología MIR162. En cada estudio, cada especie representativa de organismos no blanco fue expuesta a una sola concentración de Vip3Aa, a una sola dosis. Ningún efecto perjudicial se observó en ninguno de los estudios dada la exposición a la proteína Vip3Aa, por lo que la concentración de la proteína Vip3Aa en cada estudio puede interpretarse como el valor mínimo de concentración de las variantes de la proteína Vip3Aa en la que no hay efectos observables (NOEC por sus siglas en Inglés) en las especies correspondiente.
La proporción NOEC a EEC (margen de exposición) es una estimación de la confianza, dada la ausencia de efectos observables en los estudios sobre los peligros, que resulta en un factor predictivo de la seguridad de Vip3Aa20 en el maíz con la tecnología MIR162 hacia los organismos no blanco (no plaga), en general.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

c) Características del fenotipo del OGM

Cómo ya se ha mencionado a lo largo de este expediente, el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 (identificador de la OCDE: SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9) es un hibrido F1 resultante de la hibridación de la línea de maíz BT11 (SYN-BTØ11-1) resistente a lepidópteros, por la línea de maíz MIR162 (SYN-IR162-4) resistente también a lepidópteros y por la línea de maíz GA21 (MON-ØØØ21-9) tolerante a glifosato.

El híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 expresa cinco proteínas: la delta endotoxina Cry1Ab que confiere resistencia al Barrenador Europeo de maíz y otros lepidópteros plaga, la proteína PAT que confiere tolerancia a el herbicida glufosinato de amonio, la proteína Vip3Aa20 para el control de ciertos lepidópteros plaga, la fosfomanosa isomerasa (PMI) que actúa como marcador de selección del rasgo y la proteína modificada EPSPS que confiere tolerancia al herbicida glifosato. La proteína modificada EPSPS es producida por el gen *mepsps* del maíz co la tecnología GA21; la proteína insecticida Cry1Ab es producida por el gen *cry1Ab* y la proteína PAT es producida por el gen *pat* ambos de maíz con la tecnología BT11; y la proteína insecticida Vip3Aa20 es producida por el gen *vip3Aa20* y la proteína PMI es producida por el gen *pmi* ambos del maíz con la tecnología MIR162.

El rango de especies lepidópteras que se pueden ver afectadas por la proteína Cry1Ab y Vip3Aa es conocido (por ejemplo, la proteína Vip3Aa20 es específicamente tóxica para insectos del Orden Lepidóptera, tales como: *Agrotis ipsilon*, *Spodoptera frugiperda*, *Spodoptera exigua*, *Heliothis virescens* y *Helicoverpa zea*, entre otros), y algunas de ellas pueden estar presentes en los campos de maíz. (Schmitz *et al*., 2003; para una revisión consultar Evans, 2002). Sin embargo, la exposición de algunas poblaciones de lepidópteros a las toxinas se restringe a aquéllos que consumen la planta con las tecnologías o sus productos. En las cercanías de los campos de maíz con las tecnologías BT11 o MIR162, las larvas podrían estar expuestas a las toxinas solo sí el polen de maíz se llegara a depositar en las plantas de las que se alimentan y sí y sólo sí éstas se encontraran presentes en la zona.

Asimismo, el gen *vip3Aa20*, que codifica para la proteína Vip3Aa20 se derivó de *B. thuringiensis* cepa AB88 y fue modificada después del proceso de transformación. *B. thuringiensis* ha sido usado como ingrediente activo en insecticidas por los últimos 40 años y durante este periodo no ha sido asociado con cualquier reacción tóxica asociada con su uso.

El gen *mepsps* codifica para una enzima 5-enolpiruvil shikimato-3-fosfato sintasa doble mutada (mEPSPS), aislada del maíz (*Zea mays* L.). La 5-enolpiruvil shikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS) nativa es una enzima clave en la ruta del ácido shikímico para la biosíntesis de los aminoácidos aromáticos fenilalanina, tirosina y triptófano en plantas y microorganismos (Steinrucken y Amrhein, 1980). Las plantas de maíz transformadas con el gen *mepsps,* como expresión en el maíz genéticamente modificado del Evento GA21, presenta tolerancia al. glifosato (Spencer *et al*., 1998; Lebrun *et al*., 2003). El i.a. glifosato se une e inactiva específicamente a la EPSPS, interrumpiendo la síntesis de aminoácidos aromáticos y causando la muerte de la planta.

La mEPSPS tiene baja afinidad con el glifosato. Las concentraciones del glifosato requeridas para llegar a un 50% de inhibición de la actividad de la epsps fueron determinadas en 5 mM y 300 mM para el EPSPS del maíz convencional y para el mEPSPS, respectivamente. Esto establece que la enzima mEPSPS tiene una significativa reducida afinidad por el glifosato cuando se compara con la enzima de maíz convencional. Las plantas que expresan la proteína mEPSPS no fueron afectadas por la exposición al glifosato.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

d) Identificación de cualquier característica física y fenotípica nueva relacionada con el OGM que pueda tener efectos adversos sobre la diversidad biológica y en el medio ambiente receptor del OGM

- **Probabilidad de que el OGM se conviertan en más persistentes que el receptor o las plantas parentales en los hábitat agrícolas o más invasoras en los hábitats naturales.**

El maíz, independientemente de que sea convencional o con tecnología, se produce como cultivo con periodicidad anual y no puede sobrevivir sin la intervención humana (Niebur W.S. 1993). Es incapaz de sobrevivir como maleza o mala hierba debido a su altamente eficaz domesticación (Doebley J, 2004). La estructura de supervivencia es la semilla, que podría dar lugar a rebrotes en el cultivo a escala comercial del maíz, sin embargo en caso de que se llegasen a presentar rebrotes de maíz, estos podrían ser controlados fácilmente por las prácticas agrícolas habituales, incluyendo el arado y el uso de herbicidas no selectivos y selectivos (manejo integral de herbicidas), por lo que no se observa riesgo alguno, aún si el maíz que llegase a rebrotar tuviera la característica de resistir la aplicación de glifosato o glufosinato. Asimismo, para el caso de parcelas experimentales tan pequeñas, objeto de este expediente, el riesgo es nulo o casi inexistente dadas las prácticas agronómicas antes mencionadas, y las medidas de monitoreo post cosecha que la empresa tiene que llevar a cabo con base en sus políticas de cumplimiento y manejo (Stewardship).

- **Cualquier ventaja o desventaja que haya adquirido el OGM.**

El maíz es una especie no invasiva y no sobrevive si no es en condiciones de cultivo. El híbrido de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 es comparable al maíz tradicional excepto por que expresan cinco proteínas. Dos de ellas (Cry1Ab y Vip3Aa20) confieren el carácter insecticida para el control de ciertos lepidópteros plaga; otras han sido utilizadas como marcador de selección: 1) la fosfinotricina acetiltransferasa (PAT) y 2) la fosfomanosa isomerasa (PMI); y finalmente la proteína 5-enol piruvilshikimato-3-fosfato sintasa (mEPSPS) que confiere tolerancia a herbicidas que contienen glifosato

La protección contra insectos no puede considerarse como una ventaja selectiva para el maíz, ya que la supervivencia está principalmente limitada por la ausencia de fase de dormancia, la susceptibilidad fúngica y la susceptibilidad a las condiciones climáticas. Por tanto, igual que para cualquier otro cultivar de maíz, se considera muy improbable que las plantas voluntarias (si se llegaran a presentar) de maíz SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 puedan sobrevivir durante varias temporadas o puedan establecer poblaciones no deseadas bajo las condiciones medioambientales de la región y sin contar con manejo humano.

La presencia del gen *m-epsps* y el uso del glifosato no es probable que provoquen efectos de diversidad botánica adicionales en comparación con otros herbicidas aplicados en forma rutinaria en las prácticas agronómicas convencionales. El rasgo de tolerancia al herbicida solo puede considerarse como ventaja selectiva cuando se aplica glifosato por lo que fuera del ensayo experimental, es prácticamente imposible que dicha ventaja selectiva se presente y represente un riesgo al medio ambiente y a la diversidad biológica, salud animal, vegetal o acuícola.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

e) Comparación de la expresión fenotípica del OGM respecto al organismo receptor, la cual incluya al menos, ciclo biológico y cambios en la morfología básica OGM

Como se ha venido mencionando dentro de este expediente, el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 (SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9) es un hibrido F1 resultado de la cruza convencional de la línea parental de maíz BT11 (SYN-BTØ11-1) resistente a lepidópteros plaga y tolerante al herbicida glufosinato de amonioidas, por la línea parental de maíz MIR162 (SYN-IR162-4) resistente también a lepidópteros plaga, y por la línea parental de maíz GA21 (MON-ØØØ21-9) tolerante al herbicida glifosato. Cada uno de los eventos parentales segrega de manera mendeliana simple, y de manera independiente entre ellos. Los análisis moleculares indican que el inserto se ha integrado de forma estable en el genoma de la planta de cada evento parental individual (BT11, MIR162, GA21) que se utilizó para la producción del híbrido de maíz SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 (Annick de Framond, 2007), así como el análisis Southern realizado con el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21, demuestra que los rasgos se heredaron sin modificaciones.

De las evaluaciones estadísticas de los datos recolectados en varios estudios a lo largo de varias generaciones se concluyó que la inserción de la modificación genética no altera la morfología o el desempeño agronómico de la planta.

Se tomaron datos y medidas en cada parcela a lo largo de toda la etapa de crecimiento, como en cualquier campo de maíz, tomándose también datos de rendimiento de la parcela y humedad del grano a la cosecha, las variables que se midieron fueron:

- Rendimiento
- Humedad de grano
- Acame del tallo
- Acame de raíz
- Altura a la mazorca
- Altura de planta
- Unidades de calor a la floración masculina
- Unidades de calor a la dehiscencia del polen
- Calificación de la integridad de la planta

De las evaluaciones estadísticas de los datos se concluyó que la inserción de la modificación genética no altera la morfología o el desempeño agronómico de la planta.

i) Reproducción

En los ensayos agronómicos no se observaron cambios en las características reproductivas al comparar el híbrido de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 con su

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

homólogo no modificado genéticamente. Por lo tanto bajo las condiciones de la liberación experimental propuesta no se esperan cambios en los parámetros de reproducción que desencadenen riesgos al medio ambiente o la diversidad biológica, sanidad animal, vegetal o acuícola.

ii) Diseminación
En los ensayos agronómicos no se observaron cambios en la capacidad de diseminación al comparar el híbrido de maíz SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 con su homólogo no modificado genéticamente. Por lo tanto bajo las condiciones de la liberación experimental propuesta no se esperan cambios en la capacidad de diseminación que desencadenen riesgos al medio ambiente o la diversidad biológica, sanidad animal, vegetal y acuícola.

iii) Supervivencia
En los ensayos agronómicos no se observaron cambios en la capacidad de supervivencia al comparar el hibrido de maíz SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 con su homólogo no modificado genéticamente. Por lo tanto bajo las condiciones de la liberación experimental propuesta no se esperan cambios en la capacidad de supervivencia que desencadenen riesgos al medio ambiente o la diversidad biológica, sanidad animal, vegetal y acuícola.

Sin menoscabo de lo anterior, dentro de los protocolos a llevarse a cabo en esta liberación experimental, indirectamente se comprobará que los rasgos heredados en el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 no afectaron la expresión fenotípica del organismo receptor, en este caso maíz, independientemente de los factores abióticos que se presenten durante la experimentación.

- **Latencia**

Casi todas las plantas experimentan en algún momento de su ciclo vital períodos durante los cuales su crecimiento queda temporalmente suspendido o por lo menos retardado. Este fenómeno ha sido extensamente estudiado sobre todo en semillas y yemas, partes de la planta relacionadas tanto con su propagación como con la continuidad de su desarrollo.

La dormición (también llamada latencia o letargo) se define como el estado en el cual una semilla viable no germina aunque se la coloque en condiciones normalmente adecuadas para hacerlo, es decir aunque se la incube bajo una temperatura, humedad y concentración de oxígeno idóneas.
La semilla es una unidad especialmente adaptada para la dispersión de la especie, por lo tanto cualquier mecanismo que tienda a posponer, diferir o escalonar la germinación en el tiempo, facilitará una máxima dispersión en el espacio. Pero también la dispersión en el tiempo tiene, por sí misma, un alto valor evolutivo. Así, la población de semillas que produce una planta en un año sufrirá en la mayoría de los ambientes riesgos mucho mayores si germina toda a la vez que si lo hace de forma gradual en varios años sucesivos.

También la dormición de semillas tiene muchas veces un importante valor ecológico y adaptativo, al estar los mecanismos que la producen más o menos ligados a factores que influyen decisivamente en el desarrollo posterior del vegetal.

Las principales causas fisiológicas que puedan determinar la dormición son las siguientes:

- Inmadurez del embrión
- Restricciones mecánicas para el desarrollo del embrión
- Impermeabilidad de las cubiertas seminales al agua y/o al oxígeno

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- Presencia de sustancias inhibidoras en diferentes tejidos de la semillas
- Requerimientos especiales de luz y/o temperatura

El estado durmiente primario, se establece, en su caso, durante el período de formación de la semilla. En el desarrollo posterior pueden darse diferentes alternativas que incluyan posibles dormiciones secundarias (Figura 33).

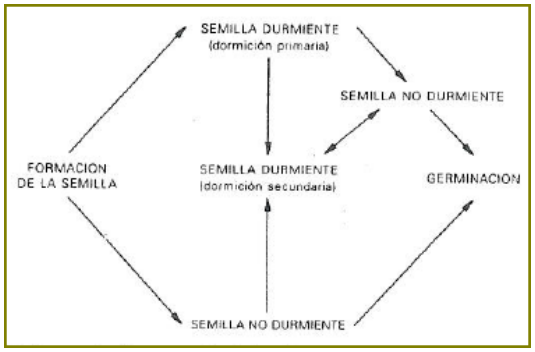


Figura 32. Representación esquemática de los diferentes estadios por lo que puede pasar una semilla (Bewley y Black, 1982 (modificado)).

Tipos de dormición de semillas

Simplificado al máximo lo expuesto anteriormente se pueden establecer dos categorías fundamentales de dormición de semillas:

- Dormición impuesta por las cubiertas seminales (Latencia exógena)
- Dormición embrionaria (Latencia endógena)

1. <u>Dormición impuesta por cubiertas seminales (Latencia exógena)</u>

Las semillas que presentan este tipo de latencia tienen un retraso en la germinación y es debido a propiedades físicas y químicas de las cubiertas seminales, por lo que podríamos denominarla "latencia impuesta por las cubiertas seminales". En este caso el embrión aislado puede germinar con normalidad.

La dormición se manifiesta solamente en la semilla intacta y el embrión aislado puede germinar con normalidad. La escarificación (eliminación total o parcial de las cubiertas seminales) suele ser, por tanto, suficientes para conseguir la germinación.

Los mecanismos por los cuales las cubiertas seminales imponen la dormición son los siguientes:

a) *Interferencia con la captación de agua.* La presencia de cubiertas impermeables al agua es una de las causas más comunes de dormición de semillas. Sólo cuando, con el transcurso del tiempo, vayan cediendo las causas de la impermeabilidad, la semilla podrá estar en condiciones de germinar. Las cubiertas impermeables (en mayor o menor grado) al agua es una característica de ciertas especies e incluso de ciertas familias de plantas (Fig. 34. La familia Leguminosae es una de las más conocidas en este sentido.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

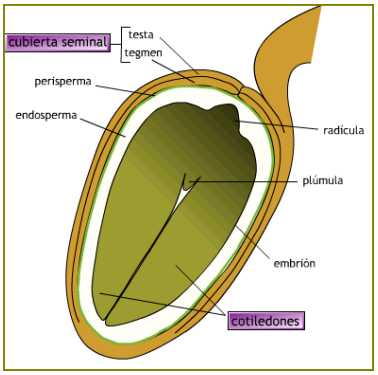


Figura 33. Ejemplo de semilla con cubierta impermeable al agua

Por otro lado, y en sentido más amplio, la impermeabilización no tiene que ser necesariamente una característica ligada exclusivamente a las cubiertas seminales. Así, en granos de algunas variedades de trigo (*Triticum aestivum*) que presentan resistencia a la entrada de agua, se comprobó que ésta venía determinada por el lento movimiento del agua en el endospermo, más que una obstrucción de las cubiertas (Figura 35).

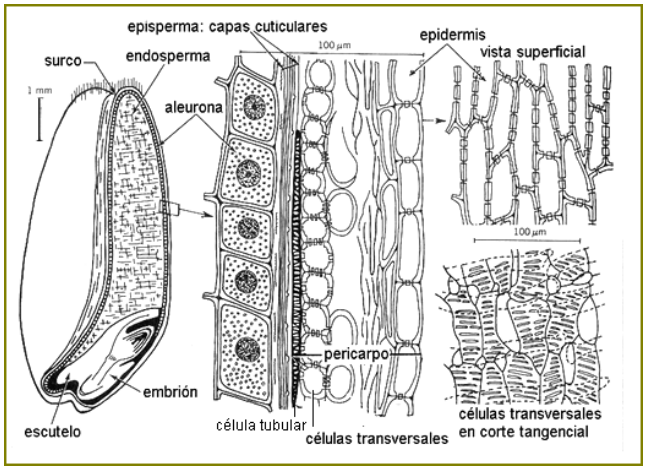


Figura 34. Grano de trigo mostrando la capa de endospermo, que determina el lento movimiento del agua a través de este.

b) *Interferencia con el intercambio gaseoso*. Las diferentes capas de tejidos que rodean al embrión pueden limitar el intercambio gaseoso de éste con el exterior y dificultar así la entrada del oxígeno. Esto supone una interferencia con el proceso de respiración que puede llegar a impedir la geminación se la semilla.

La existencia de un bajo coeficiente de difusión de oxigeno a través de la cubierta se debe generalmente a algunas de las dos causas siguientes:

- Presencia de una capa mucilaginosa sobre la cubierta seminal
- Consumo del oxígeno por los diferentes componentes de la propia cubierta, reduciéndose de este modo la cantidad total de este gas que pasa a su través.

c) *Presencia de inhibidores en las cubiertas seminales.* La naturaleza química de los inhibidores de la germinación presentes en las cubiertas es muy varada. Una de las principales sustancias asociadas con la dormición de semillas es el ácido abscísico (ABA).

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Sin embargo, la mayoría de los estudios realizados sobre este regular de crecimiento, se han llevado a cabo mediante aplicaciones exógenas de ABA (Fig. 36) y sólo en muy pocos casos se han podido correlacionar los niveles de ABA endógeno de las cubiertas o de otras partes de las semillas con los que determinan dormición. La presencia de inhibidores en las cubiertas seminales es el causante de que especies tropicales y subtropicales no puedan germinar en las estaciones secas.

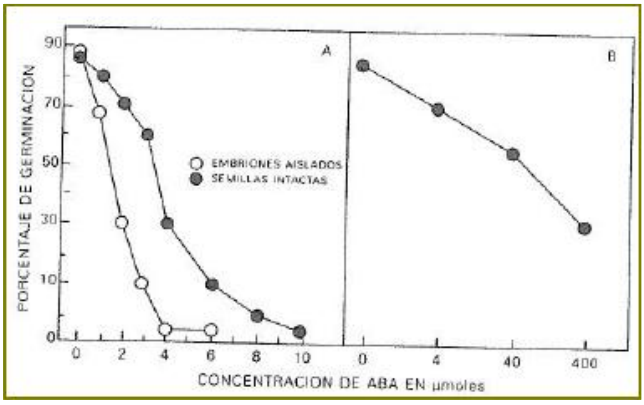


Figura 35. Efecto de las aplicaciones exógenas de ácido abscísico sobre la Germinación de semillas. A, lechuga (Lactuca sativa) y B, arce (Arce pseudoplatanus).

La naturaleza química de los inhibidores es muy variada, pero principalmente compuestos fenólicos. La eliminación manual de la cubierta o la lixiviación de los frutos es suficiente para que se inicie la germinación. En condiciones naturales esto ocurre durante las estaciones lluviosas

d) *Impedimentos para la salida de inhibidores.* Los inhibidores de la germinación pueden estar presentes en los tejidos de la semilla además de en las cubiertas seminales, por lo que éstas pueden impedir o al menos dificultar la salida de aquellos al exterior. El embrión retendrá así un alto nivel de inhibidores, y la dormición se mantendrá.

e) *Restricciones Mecánicas.* En muchos casos las cubiertas seminales ejercen una restricción mecánica a la expresión de la radícula. Este hecho es muy frecuente en semillas duras como las semillas de numerosas especies de leguminosas.

Frecuentemente, la escarificación por diferentes métodos de la cubierta en la zona radicular elimina la restricción y permite la emergencia de la radícula.

Por otra parte, en algunas semillas, como en las de ciertas variedades de lechuga (*Lactura sativa*), es el endospermo (muy complejo estructuralmente) y no las cubiertas, quien impone la dormición, al impedir el desarrollo de la radícula.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

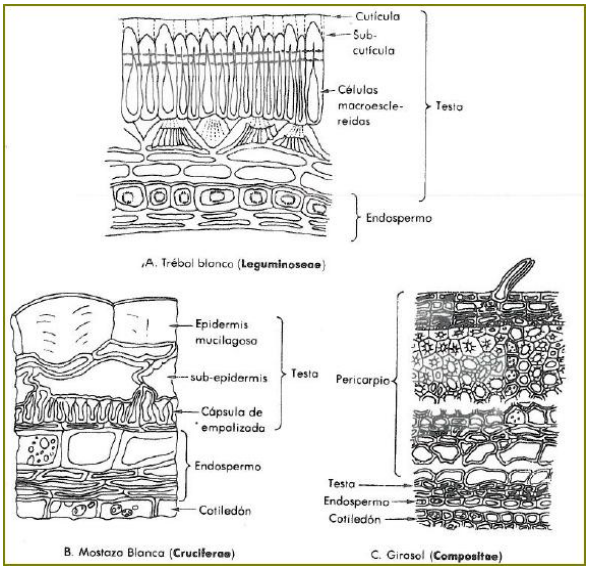


Figura 36. Tres tipos de cubierta de las semillas que influyen en las condiciones de letargo de las mismas. (A) Trébol blanco (*Melilotus alba)* Leguminosae: La capa exterior de células se vuelve dura e impermeable debido a las células macroesclereidas orientadas verticalmente que han sido cubiertas por una capa de cutícula. (B) Mostaza blanca *(Brassica hirta)* Cruciferae: Las cubiertas exteriores de la semilla desarrollan una capa mucilaginosa al remojarlas en agua. (C) Girasol *(Helianthus annuus)* Compositae: El pericarpio se endurece en una capa fibrosa que coalesce con la cubierta de la semilla. La capa endospérmica es delgada y más o menos membranosa, y en algunas especies y cultivares pueden funcionar en el control del letargo.

2. Dormición embrionaria (Latencia endógena)

El embrión es durmiente en sí mismo, de manera que la eliminación de las cubiertas no permite la germinación

La latencia endógena viene determinada por características anatómicas, morfológicas y fisiológicas del propio embrión (Latencia embrionaria). En este caso el embrión es durmiente en sí mismo, y es incapaz de germinar incluso si es aislado de la semilla y colocado en condiciones favorables. Este tipo de latencia sólo puede eliminarse cuando existan factores que puedan provocar cambios en las características anteriores, tales como la estratificación a ciertas temperaturas, condiciones de iluminación, administración de sustancias de crecimiento, etc. Podemos distinguir tres tipos de latencia endógena, dependiendo de la característica que provoque tal dormición: Latencia morfológica, latencia fisiológica, y latencia morfofisiológica.

a) *Latencia morfológica:* Este tipo de latencia se debe a que el embrión no está desarrollado totalmente y, por lo tanto, la germinación no puede producirse hasta que el embrión complete su total desarrollo. Las Palmáceas, Araliáceas, Magnoliáceas y Ranunculáceas son ejemplos que presentan este tipo de latencia. La inmadurez del embrión se completa en condiciones de estratificación a temperaturas adecuadas durante días o meses. Además, esta inmadurez embrionaria suele estar asociada con algún tipo de latencia morfofisiológica.
b) *Latencia fisiológica:* Se debe a una disminución en la actividad de los embriones. Las semillas que la presentan pueden eliminarla mediante un almacenamiento en sitio seco, con tratamiento frío o con tratamiento luminoso.
    - Semillas que necesitan un almacenamiento seco: Lo presentan la mayoría de los cereales (arroz, cebada, trigo, avena) y algunas variedades de lechuga y trébol. Las semillas así almacenadas

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

van perdiendo paulatinamente la latencia y van adquiriendo la capacidad de germinar al colocarlas en condiciones adecuadas. Es por lo tanto una latencia poco profunda, sin conocerse las causas que la provocan, ni los cambios que sufren las semillas tras el almacenamiento

- Semillas con un requerimiento frío: Algunas especies que necesitan pasar un período frío son: Corylus avellana (avellano), Fagus sylvatica (haya), Fraxinus excelsior (fresno), Betula sp. (abedul), Pinus sp. (pino), Malus sp. (manzano), Rosa sp. (rosa), etc. Estas semillas si se siembran en otoño y quedan expuestas al frío invernal germinará a la primavera siguiente. Por ello, la práctica habitual es colocar las semillas embebidas en agua entre capas de arena, y dejarlas así durante el tiempo que sea necesario, lo que varía según las especies
- Semillas sensibles a la luz: Existe un reducido número de especies en las que la germinación es inhibida por la luz (Nemophilla insignis, Phacelia tanacetifolia, Lythrum salicaria y Phlox drumondii). Para que estas semillas respondan a la luz han de estar embebidas en agua y percibir un corto período de iluminación. Además, las temperaturas elevadas también les afectan. El almacenamiento en sitio seco permite que al cabo de un cierto tiempo las semillas germinen en oscuridad completa. Parece ser que el fitocromo juega un papel decisivo en la respuesta de las semillas a la luz, tanto en las que la germinación es inhibida como estimulada (reversión rojo/rojo lejano). El fitocromo suministra un sensor luminoso que contribuye a desencadenar todo el proceso de la germinación cuando la semilla se encuentra muy cerca o en la superficie del suelo.

c) *Latencia morfofisiológica:* Es una combinación de las dos anteriores. Suele darse una inmadurez embrionaria con algún problema fisiológico, como ocurre en semillas de Viburnum opalus. Estas semillas germinan a temperaturas cálidas y es el hipocótilo el que presenta la dormición; pero sólo reanudan el crecimiento cuando la plántula, con un sistema radicular desarrollado, es sometida a un tratamiento frío.

3. Latencia combinada.

Generalmente, en la mayoría de los casos, las semillas presentan una latencia combinada, es decir, una combinación de latencia endógena y exógena. Así, en semillas de Tilia (tilo), por ejemplo, la dormición fisiológica está asociada con una impermeabilidad al agua de las cubiertas seminales. En otros casos, hay una asociación entre endocarpo duro y latencia fisiológica como en Crataegus (majuelo), Cornus (cornejo) y Rosa (rosa).

ECOLOGÍA DE LA LATENCIA DE SEMILLAS

Una semilla durmiente terminará germinando en algún momento, y en la Naturaleza sobran los factores capaces de ir gradualmente eliminando el estado de dormición. Generalmente la dormición de semillas suele suponer un fuerte valor adaptativo para la especie. He aquí algunos ejemplos que ilustran claramente este hecho.
Muchas especies anuales de zonas áridas tienen inhibidores hidrosolubles en la cubierta de sus semillas. La lluvia los lava y elimina, determinando la germinación en el momento más idóneo, cuando la joven plántula va a encontrar en el suelo el agua necesaria para su desarrollo.

La necesidad de luz que se puede observar en muchas semillas de malas hierbas, favorecerá la germinación de las semillas que queden en la superficie del suelo después de cada labor agrícola. Con ello la población total de semillas de la especie en el suelo va germinando escalonadamente, mientras un

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

buen número de ellas (el llamado <banco de semillas> del suelo) se mantiene en reserva para años sucesivos.

Las especies con frutos carnosos están en general adaptadas a que sus semillas sean dispersas por los animales, especialmente por las aves. En muchos casos existen inhibidores en la pulpa de los frutos, que evitan la germinación prematura en un medio donde se pueden das las condiciones necesarias para ello. Pero también es frecuente que las propias semillas contengan inhibidores de la germinación y que estos se eliminen al pasar por el tracto digestivo de los animales que se alimenten de los frutos. En el caso de semillas duras, los ácidos digestivos del animal pueden llegar incluso a escarificar las cubiertas seminales y de esta forma facilitar la germinación tras la dispersión de la semilla.

Algunas semillas de especies pirófitas (plantas suya propagación se ve favorecida por los incendios), frecuentemente en el matorral mediterráneo, contienen en sus cubiertas inhibidores de la germinación, que se destruyen con las altas temperaturas. Al eliminarse estos son el calor tras un incendio, las semillas que se mantengan viables podrán germinar rápidamente. Además muchas semillas de plantas pirófitas colonizadoras, como por ejemplo distintas especies de jaras (Cistus), presentan cubiertas impermeables al agua. Las altas temperaturas del suelo que se alcanzan durante los incendios escarifican las cubiertas seminales y posibilitan así la germinación de las semillas.

¿QUÉ PASA CON LA LATENCIA EN MÁIZ? ¿Y LA GERMINACIÓN?

Si bien es cierto que el maíz pertenece a la familia de las gramíneas comparado con algunos zacates como el zacate búfalo (*Buchloe dactyloides*) que presenta una latencia media, en el maíz la presencia de latencia es nula (Hérnandez et al., 2007).

Comparando las características morfológicas del maíz con el teocintle y *Tripsacum* podemos observar que el maíz no presenta latencia, a diferencia del teocintle que en algunas ocasiones puede presentar, y finalmente, el *Tripsacum* presenta cierto nivel de latencia (Tabla 12.).

Las comparaciones de las características morfológicas esenciales de la planta de maíz con aquellas de las especies más próximas como el teosinte y el *Tripsacum* se describen en la Tabla 12.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 22. Características morfológicas de maíz, teocintle y *Tripsacum.* tomada de: Paliwal R.L. *et al.*, 2001.

Aspecto de la planta	Maíz	Teocintle	Tripsacum
Hábito	Anual	Anual y perenne con rizomas	Perenne con rizomas
Multiplicación	Por semillas	Por semillas y vegetativa	Vegetativa y por semillas
Sistema radicular	Estacional	Persistente y estacional	Persistente
Sistema caulinar	Tallo principal, pocos macollos	Con macollos y ramificado	Macollos abundantes y ramificado
Hojas	Anchas	Similar al maíz	Angostas a medio angostas
Inflorescencia lateral	Femenina	Predominantemente femeninas y algunas mezcladas	Mezclada
Inflorescencia terminal	Masculina, grande y dominante	Masculina, media	Mezclada
Espiguillas femeninas	Apareadas	Simples	Simples
Espiguillas masculinas	Apareadas	Apareadas	Apareadas
Mazorca	Muchas filas, cubierta	Dos filas, cubierta	Dos filas, descubierta
Fruto	Desnudo, no dehiscente	Con cubierta rígida, cupulado, dehiscente	Con cubierta rígida, dehiscente
Reproducción	Sexual	Sexual	Apomíctica y sexual
Semilla	Sin latencia	Latencia en algunos casos	Latencia

Las semillas de maíz y teocintle tienen muchas características que sirven para diferenciarlas, una de ellas es la forma en que está constituido su germoplasma. El efecto más notorio en cuanto a cambios en el germoplasma, fue la pérdida de la cubierta dura del teocintle, cubierta que es una barrera a la permeabilidad ocasionando latencia. Como también un aumento en el maíz de la síntesis de antocianinas en la aleurona, estas semillas poseen mucho más almidón que las semillas de teocintle normales.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

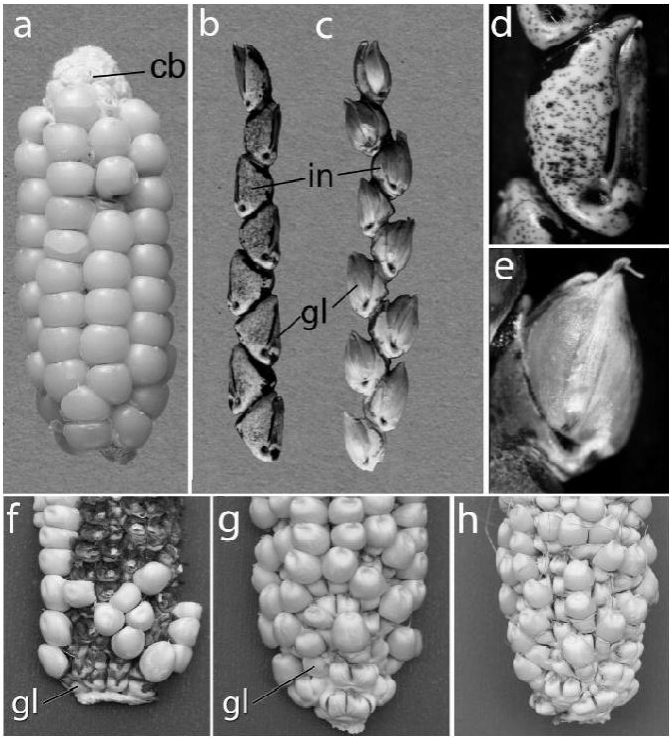


Figura 37. A) Mazorca de maíz mostrando el eje (cb); B) Mazorca de teocinte y C) Mazorca de teocinte con el alelo tga1 del maíz, *vemos los internodos (in) y la gluma (gl). D) Grano de teocinte, nótese la desarrollada cubierta protectora. E) Grano de teocinte con el alelo tga1 del maíz. F) Mazorca de maíz cultivado, véase las glumas (gl). G y H) Mazorca de maíz con el alelo tga1 del teocinte, las glumas se han alargado e incluso envuelto algunos granos (Wang, H. et al., 2005). Estos cambios morfológicos son claros pasos evolutivos hacia maíz debido a que el maíz NO posee cubierta dura.*

Otra diferencia (Fig. 38) destacable es el hecho de que las semillas del teocintle están protegidas por una corteza dura, oscura y lignificada; una protección que en el maíz está ausente y reducida a un formidable asiento para las semillas desnudas (Wang, H. *et al*., 2005).

Diversos estudios moleculares indican que uno de los QTL más importantes para el desarrollo de estas cubiertas es el teocintle glume architecture1 (tga1), cuyos avances más importantes se deben al equipo de Wang, H. et al. 2005. Sus resultados, publicados recientemente en Nature, concluyen que el teocintle glume architecture1 (tga1) es con toda probabilidad otro gen regulador que actúa como punto de partida en la formación de estas cúpulas (Wang, H. *et al*., 2005).

También observaron hasta seis diferencias genéticas fijadas entre el tga1 del maíz y el del teocintle, de las cuales, una de ellas, la sustitución de una lisina por una asparangina en la posición 6, es causante de la diferente actividad del gen en una planta u otra. Conforme el modelo de los autores, observamos que basta una única mutación en un gen clave para originar las semillas desnudas que vemos en el maíz a partir de las fuertemente protegidas semillas del teocintle

En el caso de maíz por el grado de domesticación no presenta latencia, ya que carece de la cubierta impermeable (característica del teocintle) que impida la germinación y emergencia de la plántula.

La germinación y emergencia solo se ve influenciada por factores ambientales. Cuando la semilla se siembra en suelo húmedo, absorbe agua y comienza a hincharse, un proceso que procede más rápidamente a temperaturas altas como las que prevalecen en muchos ambientes tropicales en la estación

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

húmeda; bajo estas condiciones, la semilla empieza a germinar en dos o tres días. En el invierno o en condiciones de bajas temperaturas del suelo como en las tierras altas, el proceso se demora y la emergencia de la radícula puede ocurrir a los seis u ocho días, dependiendo de la temperatura del suelo. Contrariamente a esto, la temperatura del suelo en algunos ambientes puede ser tan alta que la semilla puede morir, especialmente si falta humedad, por ejemplo en el cultivo de maíz de secano sembrado en suelo seco a la espera de las lluvias. Onderdonk y Ketcheson (1972).

MAÍZ **TEOCINTLE** ***TRIPSACUM***

Figura 39. Estructura de la semilla de maíz, teocintle y *Tripsacum*. Tomado de http://www.tropicalforages.info/key/Forages/Media/Html/Tripsacum_dactyloides.htm

Cuando se inicia la germinación, la coleorriza se elonga y sale a través del pericarpio; después aparece la radícula a través de la coleorriza. Inmediatamente después de la emergencia de la radícula también emergen tres o cuatro raíces seminales. Al mismo tiempo o muy pronto después, la plúmula cubierta por el coleóptilo emerge en el otro extremo de la semilla; el coleóptilo es empujado hacia arriba por la rápida elongación del mesocotilo, el cual empuja al naciente coleóptilo hacia la superficie de la tierra. El mesocotilo juega un papel importante en la emergencia de la plántula del maíz por encima de la superficie de la tierra y tiene una gran plasticidad sobre la tasa de crecimiento y la longitud a que llega. Cuando el extremo del coleóptilo surge a través de la superficie de la tierra cesa la elongación del mesocotilo, emerge la plúmula a través del coleóptilo y esta aparece sobre la tierra.

CONCLUSIÓN

Si bien es cierto que el maíz pertenece a la familia de las gramíneas, **en el maíz la presencia de latencia es nula** dado su grado de domesticación ya que, gracias a este proceso, **posee una cubierta permeable que permite la germinación y emergencia de la plántula**, caso contrario al teocintle que tiene una cubierta dura que funge como barrera a la permeabilidad ocasionando latencia. Asimismo, esta conclusión se aplica al maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 ya que los estudios moleculares y agronómicos realizados para caracterizar al maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 y establecer su equivalencia con el maíz convencional, demuestran que la modificación genética en ningún momento alteró sus características fenotípicas más allá de la deseada que es la tolerancia a la aplicación del herbicida glifosato y la resistencia a las plagas objetivo.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

f) Declaración sobre la existencia de efectos sobre la diversidad biológica y al medio ambiente que se puedan derivar de la liberación del OGM

Como ya se mencionó en el apartado *16 II. Identificación de la zona o zonas donde se pretenda liberar el OGM y el en subapartado 2: Descripción geográfica;* el sitio propuesto en el que se llevará a cabo la liberación no se encuentra cerca de Áreas Naturales Protegidas y, aún cuando uno de los polígonos se encuentra dentro de una zona determinada como prioritaria para la conservación por su alta riqueza en especies o endemismos de Perrito de la Pradera y de la Cotorra Serrana[32], no se esperan efectos a la diversidad biológica y al medio ambiente, ni a la sanidad animal, vegetal y acuícola de una liberación que será llevada a cabo en terrenos de uso de suelo agrícola.

- **Impacto potencial sobre el medio ambiente resultado de interacciones directas e indirectas entre el OGM y otros organismos como predadores, parasitoides y patógenos (en su caso).**

El híbrido de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 es comparable al maíz tradicional excepto por que expresa cinco proteínas. Dos de ellas (Cry1Ab y Vip3AA20) confieren el carácter insecticida para el control de ciertos lepidópteros plaga, otras dos le confieren al maíz la tolerancia a la aplicación de herbicidas, glufosinato y glifosato, y una última, la enzima fosfomanosa isomerasa (PMI) actúa como marcador de selección del rasgo.

Hasta la actualidad dada su antigüedad, no se han encontrado gusanos barrenadores de maíz resistentes a la proteína Cry1Ab en los campos de EE.UU. o Europa (Evans, 2002; Tabashnik *et al.*,2003; Bourguet *et al*., 2003; Farinós *et al*., 2004). Aunque los test de laboratorio han mostrado que las poblaciones de barrenador son capaces de desarrollar ciertos grados de tolerancia a la proteína Cry1Ab (Huang *et al.*, 2002), la selección de la proteína en laboratorio y el screening de la generación F2 para generar resistencia han fallado (Bourguet, 2004). No obstante, otras plagas de lepidópteros como *Plutella xylostella* (Tabashnik *et al*., 2003) han desarrollado resistencia a la toxina Bt en algunas poblaciones de insectos en campos comerciales de los Estados Unidos, **sin embargo los esquemas de manejo de resistencia de insectos, que son la utilización de refugios/dosis de las proteínas insecticidas y la utilización de tecnologías combinadas ("stacks"), han logrado mantener el control de la resistencia**.

Por ello, el cultivo a gran escala del maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 durante varios años, **utilizando un adecuado programa de manejo de la resistencia de insectos**, podría mitigar la presión selectiva en las plagas del maíz, lo cual hipotéticamente disminuiría el desarrollo de resistencia. Asimismo, el diseño de los ensayos de campo a pequeña escala y las medidas de bioseguridad adoptadas garantizan la reducción al mínimo de esta posibilidad.

No obstante de producirse este efecto, podría controlarse de varias formas, incluido el uso alternativo de medidas fitosanitarias para controlar las plagas, aunque como se mencionó anteriormente, la probabilidad de que este efecto indeseado ocurra es baja ya que bajo diferentes condiciones de cultivo y durante varios años no se han registrado resistencias (EFSA, 2005).

Asimismo, es política de Syngenta contar con un plan específico de vigilancia, que incluyen medidas de manejo para evitar cualquier tipo de resistencia de insectos, no obstante el cultivo de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 en México se haga en pequeña escala.

[32] http://www.pronatura.org.mx/sobre_pronatura/sistema_nacional_pronatura.php

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Los organismos no blanco que pueden interaccionar con las plantas del ensayo son la fauna que se alimenta de la planta, tejidos de planta, insectos herbívoros que pueden visitar el predio o bacterias del suelo. Este ensayo de campo será un ensayo a pequeña escala; por lo tanto la exposición de la planta a los organismos no blanco será corta y transitoria en la naturaleza. Además, los productos del ensayo de campo no serán utilizados como alimento humano o animal, aún cuando estos cuentan con la Autorización Sanitaria para tal efecto.

- **Efectos en predadores y parasitoides de los organismos blanco**

a) Predadores naturales del maíz (incluye parásitos)[33]

Como cualquier especie vegetal cultivada en gran escala, el maíz tiene una amplia variedad de organismos y microorganismos que establecen relaciones predadoras y/o parasíticas con él bajo condiciones de cultivo. En las variadas condiciones ambientales del cultivo en Tamaulipas, las especies más importantes que afectan el maíz son las siguientes:

1. **Hongos del follaje:** *Spiroplasma kunkelii, Puccinia polysora. Helminthosporium Maidis y Helminthosporium carbonum Curvularia lunata y C. Pallescen, Physoderma maydi.*

2. **Hongos que afectan la mazorca:** Son causados por hongos de los géneros Fusarium, causante de la "pudrición rosa", así como *Penicillium, Aspergillus, Macrophomina, Batryodiplodia y Giberella, Ustilago maydis.*

3. **Hongos que afectan el grano y la mazorca:** *Fusarium moniliforme, F. proliferatum,* y *F. subglutinans.* También *Gibberella zeae, Diplodia macrospora* y *D. maydis, Aspergillus flavus* y *A. parasiticus, Nigrospora orizae, Botryosphaeria zeae, Penicillium* spp., y *Cladosporium herbarum.*

4. ***Hongos que afectan el tallo y las raíces****: Las pudriciones de tallo son causadas por hongos de los géneros Fusarium, Diplodia, Pythium, Macrophomina y otros. Se considera a Fusarium como* el más frecuente en este tipo de problemas.

5. **Bacterias:** *Erwinia stewartii, Clavibacter nebraskense* y *Erwinia carotovora.*

6. **Micoplasmas:** Enanismo del maíz

Estos y otros parásitos también establecen relación hospedero-patógeno en otras regiones donde se cultiva maíz en el mundo (Smith and White, 1988).

También existe un buen número de especies de insectos que establecen relaciones parasíticas con el maíz, de acuerdo con las condiciones ambientales del cultivo en México. Entre los de mayor importancia económica se encuentran, *Agrotis ipsilon, Diabrotica* spp., *Heliothis zea, Spodoptera frugiperda, Diatraea saccharalis, D. grandiosella, Helicoverpa zea,* (Dicke and Guthrie, 1988).

b) Competidores

[33] http://www.agronet.com.mx

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

De acuerdo con la zona agroecológica donde se cultive en Tamaulipas, el maíz está sujeto a la competencia de las especies de malezas más comunes en las zonas respectivas. Entre las más habituales se pueden mencionar las que se enlistan en la Tabla 31.

c) Simbiontes: Ninguno

La abundancia de predadores no-blanco de los organismos objetivo variará en función de la abundancia de los organismos presa. Por lo tanto, una reducción en el número de presas, ya sea por el uso de insecticidas, o por el cultivo de maíz con tecnología Bt, puede afectar negativamente en la fuente de alimento de predadores como *Chrysoperla carnea* (Hilbeck *et al.* 1998 a,b). No obstante, los conocimientos actuales sobre toxicidad y exposición aportan suficientes evidencias científicas de que el maíz con tecnología Bt no supone un riesgo para este predador. (Dutton *et al*. 2003a, b; Romeis *et al.* 2004).

La mayoría de los estudios de campo confirman que la abundancia de predadores y parasitoides y las funciones de biocontrol son muy similares en los campos con tecnología Bt y los campos convencionales (Candolfi *et al.*, 2004; Pons and Stary, 2003; Musser and Shelton, 2003 a,b,c).

Es de prever una reducción de la densidad de población de los predadores especialistas en los organismos blanco y sus parasitoides, ya que este lepidóptero es el organismo objetivo en los campos con tecnología Bt. Bourget *et al*. (2002) y Siegfried *et al.* (2001) han hallado que las poblaciones de los enemigos naturales de *Ostrinia* (plaga blanco del desarrollo de SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9) son menos abundantes en los campos de maíz con tecnología Bt que en los de maíz no- Bt. Este efecto no es debido a los efectos directos provocados por la ingestión de la proteína Cry1Ab durante la predación o parasitación de *Ostrinia*, sino a la reducción de la disponibilidad de la presa específica.

Los resultados de los estudios de campo que comparan los efectos del maíz con tecnología Bt con los tratamientos insecticidas contra las plagas objetivo demuestran que los insecticidas de amplio espectro, como los piretroides reducen la abundancia de un amplio rango de especies predadoras y parasitoides que no son específicas de *Ostrinia*. Tales efectos no han sido reportados para el maíz con tecnología Bt.

- **Efectos en lepidópteros no blanco en la zona de liberación**

El rango de especies lepidópteras que se pueden ver afectadas por las proteínas Bt es bien conocido, y algunas de ellas pueden estar presentes en los campos de maíz. (Schmitz *et al*., 2003; para una revisión consultar Evans, 2002). Sin embargo, la exposición de algunas poblaciones de lepidópteros a las toxinas Bt se restringe a aquellos que naturalmente se alimentan de plantas de maíz o de alguna de sus partes (hojas, raíz, cogollo, grano), y generalmente son lepidópteros plaga.

Para un análisis de los posibles riesgos hacia este grupo taxonómico derivado de la liberación del maíz con la tecnología SYN-BT-Ø11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9, una aproximación es a partir de la información de línea base que se conoce del grupo y que se reporta en bases de datos de registros biológicos de los insectos y de los hospederos conocidos de las especies (Letourneau D. K., *et al*, 2003).

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Taxonomía (SIIT, 2009):**

Reino *Animalia*

Phylum *Arthropoda*

Subphylum *Hexapoda*

Clase *Insecta*

Subclase*: Pterygota*

Infraclase *Neoptera*

Orden *Lepidoptera*

Superfamilia Acanthopteroctetoidea

Superfamilia Alucitoidea

Superfamilia Bombycoidea

Superfamilia Choreutoidea

Superfamilia Copromorphoidea

Superfamilia Cossoidea

Superfamilia Drepanoidea

Superfamilia Epermenioidea

Superfamilia Eriocranioidea

Superfamilia Galacticoidea

Superfamilia Gelechioidea

Superfamilia Geometroidea

Superfamilia Gracillarioidea

Superfamilia Hepialoidea

Superfamilia Hesperioidea

Superfamilia Hyblaeoidea

Superfamilia Incurvarioidea

Superfamilia Lasiocampoidea

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Superfamilia Micropterigoidea

Superfamilia Mimallonoidea

Superfamilia Nepticuloidea

Superfamilia Noctuoidea

Superfamilia Papilionoidea

Familia Lycaenidae

Familia Nymphalidae

Familia Papilionidae

Familia Pieridae

Familia Riodinidae

Superfamilia Pterophoroidea

Superfamilia Pyraloidea

Superfamilia Schreckensteinioidea

Superfamilia Sesioidea

Superfamilia Thyridoidea

Superfamilia Tineoidea

Superfamilia Tischerioidea

Superfamilia Tortricoidea

Superfamilia Urodoidea

Superfamilia Yponomeutoidea

Superfamilia Zygaenoidea

De acuerdo a la CONABIO[34]: "*Las mariposas y las palomillas están entre los insectos más conocidos pues destacan por que comúnmente sus alas son muy coloridas. Su aparato bucal forma una probóscide succionadora y usualmente sus mandíbulas son vestigiales. Los adultos se alimentan de néctar, por lo que muchos son importantes polinizadores; por su parte las larvas u orugas se alimentan de plantas antes de formar su capullo y pasar por el proceso de metamorfosis (Brusca y Brusca, 2002).*

[34] Visitar: http://www.conabio.gob.mx/informacion/catalogo_autoridades/doctos/lepidopteros.html

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Las mariposas se distinguen de las palomillas por dos características principales: sus antenas son largas y delgadas y terminan en forma de bulbo o perilla y sus alas las mantienen juntas mientras están en descanso.

Heppner (1998) estima que existen 146,000 especies de Lepidopteros en el mundo, de los cuales alrededor de 13% corresponden a mariposas, es decir 18,000 especies. En México habitan aproximadamente 1,800 especies de mariposas, lo que representa cerca del 10% del total mundial (Llorente y Luis, 1998).”

Esta gran riqueza se debe a dos factores: i) México se localiza en la Zona de Transición Mexicana, una área de convergencia tectónica que conjuga el solapamiento de dos regiones biogeográficas, la Neártica y la Neotropical, que juntas contienen el 40% del total mundial de este orden, y cuya biota se estima en 150.000 especies, y ii) su situación extra tropical e intertropical que a la vez presenta gran cantidad de formaciones orográficas.

La superfamilia *Papilionoidea* está dividida en cinco familias. Corresponden a las *Hesperiidae* la mayor diversidad, siguiendo en orden de importancia *Lycaenidae* y *Nymphalidae* con un número aproximado de especies y por último *Pieridae* y *Papilionidae* (Luis M.A. *et al*., 2000).

De acuerdo a los estudios de recopilación de información sobre la distribución de los lepidópteros en México se sabe que el estado de Chihuahua en el que se pretende llevar a cabo la liberación del maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9, **no se encuentra reconocido como uno de los de mayor diversidad o endemismos**.

Figura 23: **Mapa de los Estados de la República Mexicana con más diversidad de los grupos** *Papilionoidea* y *Hesperioidea*. Figura tomada de: Luis M.A. *et al*., 2003

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Llorente B. et al., en 1996 enlistaron las especies de *Papilionoidea* y *Pieridae* presentes en cada uno de los estados de la República Mexicana. En el Estado de Chihuahua se encuentran solo 10 especies que a continuación se enumeran y de las que también se mencionan las plantas hospederas de las larvas, la fuente de alimentación del adulto y su estatus de conservación de acuerdo a la NOM-059-SEMARNAT-2001[35] y prioridad de acuerdo al Gobierno Federal, con el fin de concluir sobre los probables riesgos derivados de la liberación del maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9.

Nombre cientifico	
Cressonia juglandis	1
Eumorpha achemon	1
Eumorpha typhon	1
Euproserpinus wiesti	1
Hyles galli subsp. intermedia	1
Pachysphinx modesta	1
Paonias excaecatus	1
Paonias myops subsp. macrops	1
Proserpinus juanita subsp. oslari	1
Smerinthus jamaicensis	1

[35] Visitar: http://www.biodiversidad.gob.mx/pdf/NOM-059-ECOL-2001.pdf

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 23. Especies de *Papilionidae y Pieridae* en el Estado de Chihuahua. Datos de presencia de las especies tomados de: Llorente B. *et al.,* 1996).

Especie[36]	**NOM-059-SEMARNAT-2001**	**Endemismo/ en riesgo**[37]	**Hábitat/Distribución conocida**[38]	**Planta de la que se alimenta el adulto**	**Planta hospedara conocida**[39] **en la fase larvaria**	**Registros en el Estado**[40]	**Año colecta**	**Probabilidad de que se presenten riesgos**
Battus eracon (Godman & Salvin, 1897)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	Endémica de México según Luis M *et al* 2000, pero de amplia distribución en el país en las zonas del Pacífico. No declarada como prioritaria	Registros en Michoacán a una elevación de 350 m	N.D.	*Aristolochia tentaculata*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Battus laodamas iopas (Godman & Salvin, 1897)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No prioritaria	Nayarit y Colima	N.D.	*Aristolochia spp.*	REMIB=1 SNIB=0	1965	Nula
Battus philenor philenor Linnaeus, 1771	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria. G5: Seguridad global demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las	Una amplia variedad de hábitats abiertos, bosques, y bordes de los mismos. Nuevo León, Morelos e Hidalgo	Únicamente el néctar de las flores incluyendo *Phlox* sp., cardos (especies *Cirsium*), *Dipsacus sp., Brodiaea sp., Gilia sp., Lantana sp., Echium vulgare*, *Hesperis matronalis, Aesculus califórnica,*	*Aristolachia erecta, A. californica, A. marcrophylla, A. reticulata, A. serpentaria, A. tomentosa y Polygonum sp.*	REMIB=1 SNIB=0	1961	Nula

[36] Los nombres científicos de las especies se revisó en: http://www.nhm.ac.uk/jdsml/research-curation/research/projects/lepindex/indexadv.dsml y http://ftp.funet.fi/index/Tree_of_life/insecta/lepidoptera/ditrysia/papilionoidea/papilionidae/papilioninae/papilio/index.html#BOA

[37] Se empleó la información existente en la página de especies prioritarias para el Gobierno Federal: http://www.biodiversidad.gob.mx/especies/espPrioritaria.html y adicionalmente la de http://www.butterfliesandmoths.org/search , que contiene información sobre el grado de amenaza de las especies basada en la clasificación de riesgo de acuerdo a "NatureServe Conservation Status" http://www.natureserve.org/explorer/ranking.htm

[38] Se revisó la información en las páginas siguientes: http://www.mariposasmexicanas.com/Bfly_Names.htm y http://www.butterfliesandmoths.org/species?l=1412

[39] Se revisó la información en las páginas siguientes: http://www.nhm.ac.uk/jdsml/research-curation/research/projects/hostplants/index.dsml y la http://www.nhm.ac.uk/jdsml/research-curation/research/projects/lepindex/indexadv.dsml? de acuerdo a la metodología empleada por Letourneau D. K., *et al*, 2003, considerando que México se encuentra en región Neártica y Neotropical.

[40] Presencia de la especie de acuerdo a las consultas a la Red Mundial de Información sobre Biodiversidad http://www.conabio.gob.mx/remib/doctos/remibnodosdb.html y al Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad (Bálcazar L., 1999 y Luis M. 1998). Con dicha consulta también se corroboró el estatus de endemismos y de portección bajo la NOM-059-SEMARNAT-2001.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
		periferias.		bergamota, lila, azaleas, petunias, verbenas, altramuces, cardo estrella amarilla y yerba santa.				
Battus polydamas polydamas Linnaeus, 1758	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad global demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Bosques abiertos, campos abandonados y zonas perturbadas. Chiapas, Morelos, Tamaulipas, Mazatlán Sinaloa.	Néctar de *Lantana* sp., ocasionalmente se alimentan de néctar de flores de *Lonicera* sp., y *Yucca* sp.	*Aristolochia brasiliensis, A. elegans, A. fimbriata, A. littoralis, A. macrophylla, A. macroura, A. pentandra, A. ringens, A. rumicifolia, A. serpentaria, A. triangularis, A. trilobata, Citrus sp.*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Papilio androgeus epidaurus Godman & Salvin, 1890 (syn:*Calaides androgeus epidaurus;*)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria. G5: Seguridad global demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Solo hay registros en REMIB, para la ssp. epidaurus y ésta se encuentran en Chiapas. Chiapas, Jalisco, Nayarit, Oaxaca, Puebla.	Néctar de una gran variedad de flores.	*Citrus sp., C. aurantium, C. reticulata, C. sinensis, Choisya dumosa, Zanthoxylum americanum, Z. clava-herculis, Z.elephantiasis, Z. fagara, Z. setulosum.*	REMIB=0 SNIB=0		Nula

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	**NOM-059-SEMARNAT-2001**	**Endemismo/ en riesgo**[37]	**Hábitat/Distribución conocida**[38]	**Planta de la que se alimenta el adulto**	**Planta hospedara conocida**[39] **en la fase larvaria**	**Registros en el Estado**[40]	**Año colecta**	**Probabilidad de que se presenten riesgos**
Papilio astyalus bajaensis (JW Brown & Faulkner, 1992) (syn: *Calaides astyalus bajaensis, Heraclides astyalus bajaensis*)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	Endémica de México según Luis M etal 2000. No declarada como prioritaria. G5: Seguridad global demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Selvas Subtropical Jalisco (1000 m), Sonora,	Néctar de flores incluyendo *Lantana sp.*	*Citrus aurantium*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Papilio cresphontes Cramer, [1777] *(syn: Heraclides cresphontes)*	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad global demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Selva alta perennifola y subperennifolia, selva baja caducidufolia y subperennifolia, bosque lluvioso de montaña, bosque de niebla y vegetación xerófila. Muchos de los sitios incluyen laderas rocosas de arena y cerca de arroyos zonas de pino, plantaciones de cítricos. Morelos, Nuevo León, Sonora, Veracruz.	Néctar de *Lantana sp., Solidago sp., Saponaria officinalis, Hesperis matronalis, Lonicera japonica, Asclepias incarnata, Bougainvillea sp. y* azalea	Familias *Staphyleaceae y Rutacea, Citrus sp, Humulus lupulus, Ptelea trifoliata, Zanthoxylum americanum, Ruta graveolens*	REMIB=2 SNIB=0	1965	Nula
Papilio thoas autocles Rothschild & Jordan, 1906 *(syn: Heraclides thoas autocles)*	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria. G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas	Selvas tropicales de media altitude y Mid-elevation tropical forests y bordes de tierras bajas. Morelos, Oaxaca, San Luis Potosí, Tamaulipas, Veracruz,	Néctar de flores de *Lantana sp., Caesalpinia sp.,* y *Bougainvillea sp*.	*Citrus limon, Monnieria trifolia, Piper sp., Ptelea sp., Ruta graveolens, Zanthoxylum sp.,*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
		de su rango de distribución, especialmente en las periferias.						
Mimoides thymbraeus aconophos (Gray, [1853]) (syn: *Papilio aconophos* Gray, [1853]; *Eurytides thymbraeus*)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	Endémica de México según Luis M etal 2000. No declarada como prioritaria	Colima, Morelos (>1100m), Jalisco, Oaxaca, Puebla.	N.D.	N.D.	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Papilio polyxenes asterius Stoll, 1782	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria. G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Espacios abiertos incluidos los campos, zonas urbanas, pantanosas, desiertos y los bordes de las carreteras. Colima, Morelos (1300 m), Puebla, San Luis Potosí, Veracruz	*Néctar de flores entre las que se inluyen Trifolium pratense, Asclepias sp., y los cardos de la familia Asteraceae, además, Thamnosma texana, Cichlospermum leptophyllum.*	*Aegopodium sp., Anethum sp., Angelica., Apium., Cicuta sp., Conium sp., Daucus carota, D. dioica, Foeniculum vulgare, Heracleum maximum, Ligusticum scoticum, Lomatium sp., Pastinaca sp., Petroselinum crispum, Taenidia sp., Zizia sp.*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Parides alopius Godman & Salvin, [1890])	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria	Bosques de pino -encino Jalisco, Sonora	N .D.	*Aristolochia watsoni*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Parides erithalion trichopus (Rothschild & Jordan, 1906)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	Endémica de México según Luis M etal 2000 No declarada como prioritaria	Colima, Morelos (>1600 m), Sonora,	N.D.	*Aristolochia sp.*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
Parides montezuma montezuma Westwood, 1842	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria	Jalisco, Morelos (>1100 m), Oaxaca, Culiacán Sinaloa, San Luis Potosí, Tamaulipas,	N.D.	*Aristolochia sp.*	REMIB=0 SNIB=1	1965	Insignificante
Parides photinus (Doubleday, 1844)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria	Jalisco, Michoacán (1150 m), Morelos (1800 m) Nayarit (2100m),	N.D.	*Aristolochia sp.*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Papilio rogeri Boisduval, 1836 *(syn: Priamides pharnaces, Heraclides rogeri pharnaces)*	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G3 – Rara a lo largo de sus rango de distribución o que se encuentra localmente en un rango restringido (21 a 100 ocurrencias). Esquemas de conservación no requeridos para la variedad tropical.	D.F., Jalisco (900 m), Morelos (>1600 m), Oaxaca, Magistral y Mazatlán Sinaloa (>200 m),	Néctar de flores en general.	*Rutaceae*	REMIB=0 SNIB=3	N.D.	Insignificante
Protographium epidaus tepicus (Rothschild & Jordan, 1906)/ (*Eurytides epidaus tepicus*)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	Endémica de México según Luis M etal 2000 No declarada como prioritaria	Colima, Jalisco, Nayarit, Mazatlán Sinaloa,		Otras especies de *Protographium* se hospedan en *Asimina* sp. y en *Annona* sp.	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Protographium philolaus philolaus (Boisduval, 1836) /	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria. G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin	Selva baja caducifolia Colima (250m), Tamaulipas, Veracruz.	Néctar de flores en general	*Annona sp.*	REMIB=0 SNIB=3	N.D.	Nula

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
(*Eurytides p. philolaus*)		embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.						
Papilio garamas garamas (Geyer, [1829] *(syn: Pyrrhosticta garamas garamas*)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	Endémica de México según Luis M *et al* 2000 No declarada como prioritaria	Hidalgo, Jalisco (>1000 m), Morelos (>1800 m)	N.D.	*Persea americana*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Eurema nicippe (Cramer, [1779]) (syn: Abaeis nicippe)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Zonas de baja altitud de pino, campos cultivados, matorral desértico, jardines, terrenos baldíos y bordes de carreteras.Morelos (>300 m), Cosala Sinaloa, Tamaulipas	*Néctar de varias flores entre las que se encuentra Bidens pilosa.*	*Senna hirsuta* *Senna lindheimeriana*	REMIB=4 SNIB=34	De 1918 a 1982 el más reciente 6 registros en Culiacán (1956-1963)	Muy baja
Anteos clorinde nivifera (Godart, [1824])	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución,	Zonas Subtropicales abiertas y soleadas Colima (2200m), Morelos (1100 m), San Luis Potosí, Mazatlán Sinaloa, Sonora, Tamaulipas,	Néctar de flores rojas o púrpuras incluyendo Lantana sp., *Bougainvillea sp*. e *Hibiscus sp.*	*Pithecellobium sp., Senna atomaria, S. spectabilis.*	REMIB=1 SNIB=0	1983	Nula

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
		especialmente en las periferias.						
Anteos maerula lacordaieri (Fabricius, 1775)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Zonas Subtropicales abiertas y soleadas Morelos (1100 m), Tamaulipas, Sonora	Néctar de flores rojas o púrpuras incluyendo *Bougainvillea sp*. e *Hibiscus sp.*	*Senna atomaria, S. bicapsularis, Cassia surattensis, C.emarginata*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Anthocharis sara sara Lucas, 1852	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Bosque de roble en las colinas, huertos, campos, prados, bordes de ríos y cañones. Baja California	Néctar de flores entre los que se incluyen *Amsinckia* sp., *Brodiaea sp.,* cardos y brasicas.	*Arabis glabra*, *A. lyallii, A. perennans, A. platysperma, A. sparsiflora, A. suffrutescens, Athysanus pusillus, Barbarea orthoceras, B.verna, B. vulgaris, Brassica napus, B. nigra, B. rapa, Capsella bursa-pastoris, Cardamine californica, Descurainia pinnata, Erysimum capitatum, Guillenia lasiophylla, Hirschfeldia incana, Raphanus sativus, Sinapis alba, S. arvensis, Sisymbrium officinale,*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
					Streptanthus breweri, S. glandulosus, S. tortuosus, Thysanocarpus curvipes.			
Phoebis statira (Cramer, [1777]) *(syn:Aphrissa statira jada* (Cramer, [1777]) *)*	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Chiapas, Colima	Néctar de flores rojas incluyendo *Hamelia patens*.	*Calliandra sp., Cassia sp., Dalbergia ecastaphyllum*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Ascia monuste monuste Linnaeus, 1764	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Marismas, dunas costeras, campos abiertos y jardines. Morelos, Mazatlán Sinaloa, Sonora,	*Néctar de varias species de flores entre las que se encuentran: Lantana sp. Verbena sp., Lepidium virginicum, Polanisia dodecandra* y algunas plantas halófilas.	*Cleome sp., Nasturtium sp., Polanisia sp., Rorippa sp., Tropaeolum sp., Armoracia rusticana, Batis marítima, Brassica oleracea, B. rapa, Cakile edentula, C. marítima, Cleome gynandra, C. rutidosperma, C. spinosa, Lepidium virginicum, Raphanus sativus, Sinapis alba.*	REMIB=1 SNIB=3	1982 N.D.	Insignificante
Catasticta nimbice nimbice (Boisduval, [1836])	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G4: Aparentemente segura a nivel global, sin	Coahuila, D.F., Guanajutao (2000 m), Morelos (1800 m), Nuevo Léon, Oaxaca, Puebla, Sinaloa (1400	Néctar de *Fuchsia sp*., *Lantana sp*. y *Senecio sp*.	*Phoradendron velutinum*	REMIB=0 SNIB=3	1965 y 1983 2 registros en Culiacán	Muy baja

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
		embargo puede ser rara en algunas partes de su rango de distribución, especialmente en la periferia.	msnm)				de 1965	
Colias eurytheme Boisduval, 1852	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria Una de las mariposas más ampliamente distribuídas en Norte América. G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Ampliamente distriubuida en el centro de México. lugares abiertos, especialmente campos de trébol y alfalfa, campos cosechados, terrenos baldíos, prados ybordes de carreteras.	*Taraxacum* sp., *Asclepias sp* ., *Solidago* sp. y *Aster* sp.	*Arachis hypogaea, Astragalus alpinus, A. bisulcatus, A. crassicarpus, A. crotalariae, A. drummondii, A. flexuosus, A. plattensis, A. racemosus, A. trichopodus, A. whitneyi, Baptisia sp., Cassia sp., Coronilla sp., Cucumis melo, Glycine max, Glycyrrhiza lepidota, Lathyrus jepsonii, Lathyrus lanszwertii, Lespedeza sp., Lotus crassifolius, L. grandiflorus, L. scoparius, L. strigosus, L. unifoliatus, L. wrangelianus, Lupinus bicolor, L. minimus, L. perennis, L. succulentus, Medicago lupulina, M. polymorpha, M. sativa, Melilotus officinalis, Phaseolus sp., Pisum sativum, Psoralea sp.,*	REMIB=0 SNIB=5	1903, 1904 y 1964 2 registros en Culiacán de 1903.	Insignificante

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
					Sesbania herbacea, Thermopsis rhombifolia, Trifolium longipes, T. nanum, T.pratense, T. reflexum, T. repens, T. stoloniferum, T. willdenowii, T. wormskioldii, Vicia americana, V. cracca, V.sativa, V. villosa.			
Eucheira socialis westwoodi Beutelspacher, 1984	No citada en la NOM como riesgo o endémica	Endémica de México según Luis M etal 2000. No declarada como prioritaria	Bosques de Pino Durango, Morelos, Sonora	N.D.	*Arbutus*	REMIB=0 SNIB=1	1971	Insignificante
Eurema boisduvaliana Felder, 1865	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Bosques subtropicales y lindes de bosques, matorrales, bordes de caminos y pastizales Morelos, San Luis Potosí, Mazatlán Sinaloa, Sonora, Tamaulipas,	Néctar de flores en general.	*Senna bicapsularis, S. occidentalis, S. pallida, Cassia sp., Astragalus sp.*	REMIB=0 SNIB=40	De 1946 a 1978 1 registro en Culiacán fecha N.D.	Muy baja
Eurema daira (Godart, [1819])	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser	Dunas tropicales y subtropicales, pastizales y bosques de pinos Cosala y Mazatlán Sinaloa, Sonora	Néctar de una gran variedad de flores, incluyendo *Vicia* sp., y *Bidens pilosa.*	*Chamaecrista sp., Aeschynomene sp., Cassia sp., Astragalus sp., Glycine sp., Trifolium sp., Arachis hypogaea, Stylosanthes*	REMIB=3 SNIB=90	De 1916 a 1986 3 registros en Culiacán	Muy baja

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
		rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.			*biflora, Medicago lupulina, Mimosa pudica*		de 1957	
Eurema mexicana mexicana (Boisduval, [1836])	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Morelos (>1700 m)	Néctar de una gran variedad de flores, incluyendo *Acacia angustissima*	*Cassia sp., Astragalus sp. Caesalpinia sp., Robinia neomexicana, Acacia angustissima, Diphysa robinoides.*	REMIB=1 SNIB=0	1992	Nula
Ascia howarthi kuschei (Dixey, 1915) (syn. *Ganyra howarthi kuschei)*	No citada en la NOM como riesgo o endémica	Endémica de México según Luis M etal 2000. No declarada como prioritaria	Bosque espinoso y matorral desértico. Baja California Sur, Sonora	Néctar de varias flores.	*Atamisquea emarginata*	REMIB=0 SNIB=6	N.D.	Nula
Ascia josephina josepha (Salvin & Godman, 1868)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las	Bosques subtropicales secos. Zonas abiertas. Michoacán, Morelos (1100 m), San Luis Potosí, Tamaulipas,	Néctar de varias flores incluyendo *Lantana* sp., *Eupatorium* sp. y *Bougainvillea sp*.	*Capparis baducca, Forchhammeria hintonii*	REMIB=2 SNIB=9	1983	Nula

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
		periferias.						
Pieris drusilla Cramer, 1777 (Syn: Glutophrissa drusilla aff. Tenuis; Appias drusilla)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Selvas tropicales perenifolias de baja altitud o selvas caducifolias. Sonora, Tamaulipas	Néctar de flores de malezas o de plantas de hornato incluyendo de *Lantana* sp., *Eupatorium* sp. y *Castela texana*	*Capparis lateriflora, C. baducca, Drypetes lateriflora, Forchhammeria hintonii.*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Itaballia pandosia kicaha (Reakirt, 1863) (syn: Kricogonia pandosia kicaha)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria	Oaxaca	N.D.	En otras *Kricogonia spp: Guaiacum spp. Porliera angustifolia*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Leptophobia aripa Elodia (Boisduval, 1836)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria	Hidalgo, Morelos (1800 m), Nuevo León, Oaxaca, San Luis Potosí, Tamaulipas,	N.D.	*Nasturtium sp., Tropaeolum sp., Brassica oleracea*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Nathalis iole iole Boisduval, [1836]	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las	Espacios abiertos desérticos, incluyendo planicies costeras, campos con malezas, pastizales, bordes de carreteras, prados, y laderas. Sonora, Tamaulipas,	Néctar de flores de la familia *Ericaceae* , *Tagetes* sp, *Ericameria* sp. y otras asteráceas	*Erodium sp., Galium sp., Helenium sp., Stellaria sp., Tagetes sp., Dyssodia papposa, D.pentachaeta, Bidens pilosa, Erodium cicutarium, Helenium autumnale, H. bigelovii, Mollugo verticillata, Palafoxia linearis, Stellaria media, Thelesperma*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
		periferias.			*filifolium, T. megapotamicum*			
Neophasia terlooii Behr, 1869	No citada en la NOM como riesgo o endémica	Endémica de México según Luis M etal 2000 No declarada como prioritaria G3 – Muy rara o con rango de distribución restringido (21 a 100 ocurrencias).	Bosques de pino	N.D.	*Pinus sp., Pinus ponderosa*	REMIB=0 SNIB=8	1904, 1982 y 1987	Insignificante
Pereute charops leonilae Llorente, 1986	No citada en la NOM como riesgo o endémica	Endémica de México según Luis M etal 2000. No declarada como prioritaria	Bosque mesófilo, Nayarit (1100 m), Oaxaca, Puebla, San Luis Potosí.	Otras *Pereute charops* se alimentan de *Clethra mexicana* y *C. pyrogena*	Otras *Pereute charops se* hospedan en plantas de la familia Loranthaceae	REMIB=0 SNIB=3	N.D.	Nula
Phoebis agarithe agarithe (Boisduval, [1836])	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Zonas abiertas, zonas tropicales de baja altitud incluyendo jardínes, pastizales, bordes de caminos, vías de tren y parques públicos. Morelos (>1100 m), Nuevo León, san Luis Potosí, Mazatlán Sinaloa,	*Néctar de flores de Bougainvillea sp., Hibiscus sp. Lantana sp., Lilium sp., Pithocellobium sp., Bidens pilosa y Catharanthus roseus*	*Cassia* sp., *Lysiloma watsonii, Lysiloma microphylla, Inga vera, Pithecellobium ebano, P. dulce*	REMIB=4 SNIB=0	1971-1983	Insignificante
Phoebis argante argante (Fabricius, 1775)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser	Áreas perturbadas en bósques tropiclaes, pastizales y bordes de carreteras. Nayarit, San Luis Potosí, Mazatlán, Sinaloa Tamaulipas,	Néctar de una gran variedad de flores rojas.	*Caesalpinia sp., Pentaclethra sp., Inga sp., Cassia sp., Pithecellobium sp., Cassia fruticosa,*	REMIB=0 SNIB=3	N.D.	Insignificante

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
		rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.			*Pentaclethra macroloba,*			
Phoebis neocypris virgo (Butler, 1870)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria	Zonas tropicales, especialmente en selvas de mediana altitud, también en zonas abiertas y perturbadas. Michoacán, Morelos (1600 m), Nayarit, Oaxaca, San Luis Potosí, Sonora, Veracruz.	Néctar de flores entre las que se incluyen *Lantana* sp. e *Impatiens* sp.	*Cassia sp., Calliandra sp.*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Phoebis philea philea (Linnaeus, 1763)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	Sitios abiertos de baja altitud, como jardínes, bordes de bosques, parques y bordes de caminos. Morelos (>1100 m), Nuevo León, Oaxaca, San Luis Potosí, Tamaulipas,	*Pithocellobium dulce* y *néctar de varias flores.*	*Cassia sp., Caesalpinia sp., Salva sierra*	REMIB=1 SNIB=0	1947	Nula
Phoebis sennae marcellina (Cramer, [1779])	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de	Zonas perturbadas, incluyendo parques, traspatios, jardínes, playas, bordes de caminos, campos abandonados y matorrales. Morelos (>1100 m), Oaxaca, Mazatlán Sinaloa,	Néctar de una gran variedad de flores con largos tubos incluyendo *Lantana sp*., *Bougainvillea sp*., *Hibiscus sp. Cordia* sp., *Lobelia cardinalis* y	*Cassia sp., Phaseolus sp., Chamaecrista chamaecristoides, Ch. fasciculata, Crotalaria agatiflora, Senna armata, S. bicapsularis, S. corymbosa, S. covesii, S.*	REMIB=8 SNIB=6	1942-1983 1957	Insignificante

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
		distribución, especialmente en las periferias		flores silvestres de la familia *Convolvulaceae*	*hirsuta, S. marilandica, S. obtusifolia, S. occidentalis.*			
Pontieuchloia protodice (Boisduval & Leconte, [1830]) (syn: *Pontia protodice)*	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G4: Aparentemente segura a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas partes de su rango de distribución, especialmente en la periferia.	Una amplia variedad de sitios, incluyendo areas desérticas o con malezas, lotes abandonados, sembradíos, areas arenosas, laderas del ferrocarril y caminos. Amplia distribución en México	Néctar de flores entre las que se pueden incluir las mostazas, las compuestas alfalfa y de *Lepidium virginicum*.	*Arabis drummondii, A. glabra, Barbarea vulgaris, Brassica nigra, B. oleracea, B. rapa, Cakile edentula, Capsella bursa-pastoris, Caulanthus sp., Cleome lutea, C. serrulata, Descurainia pinnata, D. sophia, Guillenia lasiophylla, Hirschfeldia incana, Lepidium densiflorum, L. draba, L. fremontii, L. lasiocarpum, L. latifolium, L. virginicum, Lobularia marítima, Malcolmia africana, Physaria sp., Raphanus sativus, Reseda, Rorippa curvisiliqua, Selenia aurea, Sinapis arvensis, Sisymbrium altissimum, S. irio, S. officinale, Thelypodiopsis elegans, Thlaspi arvense, Wislizenia refracta.*	REMIB=0 SNIB=3	1903 y 1904	Nula
Phoebis clarki Schaus,	No citada en la NOM como riesgo o	Endémica de México	Oaxaca, Sinaloa	N.D.	N.D.	REMIB=0	1920	Insignificante

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
1920 (syn: *Prestonia clarki)*	endémica	según Luis M etal 2000. No declarada como prioritaria				SNIB=11		
Eurema dina westwoodi (Boisduval, 1836) (syn. *Pyrisitia dina westwoodi)*	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias	Hidalgo (400 m), Morelos (1100 m), San Luis Potosí, Sonora,	Néctar de *Lantana sp., Asclepias sp.,* y de pequñas *Asteraceae spp.*	*Picramnia antidesma, P. pentandra, Alvaradoa amorphoides*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
Eurema lisa Herrich-Schäffer, 1865 (syn: Pyrisitia lisa centralis)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias	Áreas abiertas y desérticas, incluyendo bordes de caminos, suelos arenosos, campos abandonados, laderas de ferrocarril y ocasionalmente bosques abiertos. Morelos (1300 m), San Luis Potosí, Mazatlán Sinaloa, Tamaulipas,	Néctar de flores de la familia Asteraceae.	*Amphicarpaea bracteata, Chamaecrista fasciculata, C. nictitans, Desmanthus sp., Glycine sp., Mimosa pudica, Senna marilandica, S. occidentalis, Trifolium sp.*	REMIB=8 SNIB=0	1982-1989	Muy baja
Eurema nise nelphe (R. Felder, 1869) *(syn: Pyrisitia nise nelphe)*	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas	Linderos de bosques Baja California Sur, Morelos (>1100 m), San Luis Potosí, Sonora.	Néctar de flores.	*Lysiloma latisiliquum, Mimosa pudica*	REMIB=0 SNIB=3	N.D.	Nula

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[36]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[37]	Hábitat/Distribución conocida[38]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[39] en la fase larvaria	Registros en el Estado[40]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
		de su rango de distribución, especialmente en las periferias						
Eurema proterpia proterpia (Fabricius, 1775) (syn: Pyrisitia proterpia proterpia)	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias	Zonas desérticas y subtropicales perturbadas, incluyendo matorrales, pastizales y linderos de bosques. Chihuahua, Morelos (>1300 m), Nuevo León, San Luis Potosí, Mazatlán Sinaloa	Néctar una gran variedad de flores.	*Desmodium sp., Chamaecrista nictitans, Ch. flexuosa, Prosopis reptans*	REMIB=5 SNIB=0	1971-1983	Nula
Zerene cesonia cesonia (Stoll, [1790])	No citada en la NOM como riesgo o endémica	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias	Áreas secas abiertas,como colinas de pastos cortos , matorrales y encinares, bisques abiertos, cuencas y laderas de caminos. Morelos (>1300 m), Mazatlán Sinaloa, Sonora,	*Néctar de flores entre las ques e incluyen alfalfa, coreopsis, houstonia, and verbena Coursetia axillaris*	*Amorpha californica, A. canescens, A. fruticosa, Dalea sp., D. frutescens, D.leporina, D. pogonathera, D. purpurea, Glycine sp., Medicago sativa, Trifolium sp.*	REMIB=0 SNIB=3	N.D.	Nula
Total de especies reportadas en Chihuahua			**52 especies**					
Total de especies reportadas en México			**1548 especies**					

N.D.: Información No Disponible al momento de la redacción de esta solicitud

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Para que se presenten riesgos a los lepidópteros no blanco (insectos no objetivo) es necesario que se cumplan todas y cada una de las siguientes premisas:

- Presencia de la especie en el sitio de liberación en el rango de movilidad promedio de las especies de lepidópteros y
- Que la especie se alimente del maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 o de alguna de sus partes (hojas, raíz, cogollo, grano)

Además, se conoce que no existen reportes de que alguna de las especies de lepidópteros no blanco reportadas en el Estado de Tamaulipas se alimenten o se hospeden en plantas de maíz.

Como consecuencia directa de lo expuesto anteriormente, se puede esperar una muy poco probable exposición a las plantas con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 de las especies de lepidópteros no blanco que podrían llegar a encontrarse en el sitio; dicha exposición será corta y transitoria en la naturaleza, por lo que finalmente se concluye que, es prácticamente improbable que se presenten riesgos a dichas especies.

Asimismo, las especies reportadas para el Estado de Chihuahua no se encuentra enlistada en la NOM-059-SEMARNAT-2001, ni son consideradas prioritarias por el Gobierno Federal, por lo que no se espera afectación alguna a la diversidad de lepidópteros por la probable exposición al maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21.

Dado que el híbrido de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 expresa la proteína mEPSPS que le confiere tolerancia a productos que contienen glifosato y a que no hay “organismos blanco” de la modificación genética (por ejemplo insectos), no existen “organismos no blanco” para esta característica que interactúen con el maíz de forma diferente que su contraparte no modificada.

Las proteínas EPSPS se involucran en la síntesis de los aminoácidos aromáticos y se encuentra en todas las plantas y microorganismos, no así en los animales. Al estar presente en fuentes naturales de alimento en el medio ambiente, es altamente improbable que represente un riesgo para organismos que se lleguen a alimentar de cualquier parte del híbrido de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9.

Adicionalmente se ha comprobado que la homología de la proteína modificada EPSPS es de 99.3% con la nativa de maíz, por lo que los posibles riesgos que pudiesen llegar a presentarse en los organismos que la consuman son prácticamente nulos.

Por lo tanto, es altamente improbable que se presenten efectos inmediatos o a largo plazo debido a las interacciones de los organismos con el híbrido de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9.

- **Efectos en otros organismos no-objetivo**

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Los estudios publicados acerca del efecto potencial de las plantas con tecnología Bt debido a la expresión de las toxinas Bt se han desarrollado principalmente con maíz Bt176 y SYN-BT-Ø11-1, productores ambos de proteína Bt. Tres años de estudios experimentales con Bt176 llevados a cabo en España no mostraron efectos en la mortalidad, tasa de reproducción, fecundidad o tasa intrínseca de crecimiento poblacional en la descendencia de áfidos ápteros en contacto con la proteína Bt durante varias generaciones (Lumbierres *et al.*, 2004), lo que es acorde con la ausencia de toxina Bt en el floema (Raps *et al*., 2001).

Los efectos directos o indirectos de las plantas Bt sobre los animales superiores en general se han discutido en varias publicaciones (Kjellson and Strandberg, 2001; Firbank *et al.*, 2003), sin que se hayan hallado indicios de intoxicaciones en sucesivas exposiciones a dietas que contenían proteína Bt. No se han reportado evidencias de la acumulación de toxinas en la cadena alimentaria lo cual no es previsible debido a que la toxina es una proteína fácilmente degradable. En la mayor parte de las situaciones la toxina se degrada a su paso por el tracto intestinal, aunque aun pueden hallarse pequeñas cantidades de ella en las heces, incorporándose posteriormente al medio ambiente. Se ha investigado la influencia del maíz con tecnología Bt en la microflora bacteriana del rumen del ganado vacuno, en comparación con el maíz isogénico convencional, no hallándose influencia significativa del carácter Bt del maíz en dicha flora. Por tanto, se deduce que el impacto medioambiental de la toxina Bt a través del estiércol es despreciable, ya que se excretarán muy pequeñas cantidades de toxina al medio y no es probable que se produzcan cambios persistentes en la composición de las comunidades microbianas del estiércol.

Dado que la reducción de la abundancia de presas puede ser una consecuencia de diversas prácticas de cultivo, se considera que no existe razón para pensar que el maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 causará cambios en las especies no-objetivo distintos a los causados por el cultivo convencional. (EFSA, 2005).

- **Transferencia planta-microorganismo**

La exposición de los microorganismos al DNA modificado derivado de las plantas de maíz GM tiene lugar en el medio durante los procesos naturales de descomposición de los tejidos vegetales en las zonas de cultivo y en los ecosistemas naturales que rodean a las áreas de cultivo.

Para el maíz con tecnología, la transferencia de genes a las bacterias es altamente improbable bajo condiciones naturales. Los genes expresados en el maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 están bajo el control de promotores eucarióticos con limitada o nula actividad en los organismos procarióticos, y como ya se mencionó anteriormente el maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 no posee genes marcadores de resistencia a antibióticos. Los genes controlados por elementos reguladores procarióticos que confieren los mismos caracteres que los expresados en las plantas

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

con tecnología, están ampliamente extendidos entre los microorganismos del medio natural.

Teniendo en cuenta el origen y la naturaleza de estos genes y la ausencia de presión selectiva en el tracto intestinal y/o el medio ambiente, la probabilidad de que la transferencia horizontal de genes confiera ventajas selectivas o aumente la fortaleza de los microorganismos es muy limitada. Por esta razón, es altamente improbable que los genes del maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 se establezcan en el genoma de los microorganismos del medio ambiente o del tracto intestinal de humanos y animales.

En el muy improbable caso de que la transferencia horizontal de genes tuviera lugar, no se prevén efectos adversos en la salud humana o animal ni en el medio ambiente, ni en la salud animal, vegeta y acuícola, ya que no se introducirían nuevos caracteres en las comunidades microbianas.

- **Efectos en suelo**

Como consecuencia del cultivo del maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9, las respectivas toxinas con tecnología Bt se incorporarán al suelo. Algunas publicaciones científicas apuntan a que este hecho puede afectar a los organismos del suelo, indicando que las toxinas Bt podría ser persistente y acumularse en el suelo durante el cultivo del maíz con tecnología Bt de los años posteriores. Se postuló la posibilidad de que las proteínas Bt pudieran afectar negativamente a especies distintas de los lepidópteros, y por lo tanto, a la biodiversidad, incluidos el suelo y las plantas y los organismos involucrados en los procesos de descomposición de la cadena trófica. No obstante, las proteínas Cry se descomponen rápidamente en el suelo (Glare and O´Callaghan, 2000). En diversos estudios realizados sobre organismos de suelos de cultivos del evento parental SYN-BT-Ø11-1, se hallaron muy escasos efectos en las poblaciones microbianas del suelo debidos a la presencia de la toxina Bt, mientras que el tipo de suelo sí influía significativamente en la composición de la microflora del suelo.

Asimismo, se hizo lo propio para la proteína Vip3Aa. En cuatro suelos vivos (tres de diferentes regiones agrícolas de Brasil y uno de Illinois, EE.UU.) y en un suelo artificial se utilizaron para evaluar el ritmo al que pierde bioactividad la proteína Vip3Aa19 en el suelo. Los suelos representan cuatro texturas: arcilloso, arcillo arenoso, franco arenoso y franco limoso. La fuente de Vip3Aa19 para este estudio fue la proteína extraída de hojas liofilizadas del evento de maíz Pacha.[41]

En este estudio se encontró que hubo un rápido descenso de la bioactividad de la proteína Vip3Aa19, en todo tipo de suelos, a ambas concentraciones. En el modelo matemático que mejor describe los datos se produjo una disminución exponencial con una cinética de primer orden. Los valores estimados de DT_{50} fueron entre 6.0 y 12.6

[41] "Pacha" es un evento de maíz con resistencia a leidopteros y que tiene como proteína insecticida a la proteína Vip3Aa19, y fue desarrollado por Syngenta en el pasado.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

días (Privalle, 2002a; los datos re-analizados por Kramer, 2006). Los resultados muestran que la proteína Vip3Aa19 es intrínsecamente degradable en suelos sanos e indican que es probable que se degrade rápidamente en el campo. Aunque la hipótesis de que la proteína Vip3Aa20 no se acumula en el suelo, como resultado del cultivo de maíz con la tecnología MIR162, no ha sido probado directamente, los valores DT_{50} para Vip3Aa19 en suelos con diferentes contenidos de arcilla indican que la acumulación de la proteína Vip3Aa20 es poco probable. De ahí que la persistencia de la proteína Vip3Aa20 en el suelo, tras el cultivo de maíz con la tecnología MIR162 será breve, y la propagación de la proteína Vip3Aa20 fuera de los campos de maíz a través del suelo será mínima.

Análogamente, otros estudios sobre plantas modificadas genéticamente que expresan proteínas Bt no revelaron ningún impacto negativo persistente en el suelo o en la planta asociado a los microorganismos. (Flores *et al*., 2005; Devare *et al.,* 2004; Donegan *et al*., 1995).

Por otro lado, la descomposición de diferentes especies de plantas que expresan proteínas Bt se ha analizado en experimentos de laboratorio y los resultados se han discutido en lo referente al contenido en lignina y las potenciales consecuencias medioambientales. (Flores *et al.,* 2005). Generalmente, las plantas con tecnología Bt mostraron menor descomposición que las plantas no-Bt. Sin embargo, este efecto no se atribuyó claramente a la lignificación o a la menos actividad microbiana en el suelo, sino que los autores concluyeron que la menor tasa de descomposición podría ser beneficiosa puesto que la materia orgánica derivada de las plantas podría persistir por un mayor período de tiempo mejorando así la estructura del suelo y reduciendo la erosión.

Teniendo en cuenta la información disponible sobre los efectos potenciales de las plantas Bt en el suelo y en particular en los organismos no objetivo, los efectos adversos debidos a la ligera alteración de las tasas de descomposición son muy improbables (Blackwood and Buyer 2004; Motavelli *et al.,* 2004; Evans, 2002).

Por tanto, es evidente que en condiciones de cultivo comercial en las que se intercalan rotaciones, las consecuencias de los efectos en la funcionalidad del suelo y en los organismos del suelo son despreciables.

Los efectos sobre los procesos biogeoquímicos resultantes de la expresión del gen *pat*, es muy probable que sean los mismos que los efectos resultantes del cultivo de maíz no-GM (EFSA, 2005).

El glifosato no persiste en el ambiente. El glifosato se somete a la degradación microbiana en el suelo, y las aguas naturales, tanto en condiciones aeróbicas y anaeróbicas (Giesy et al. 2000). La tasa de disminución de la concentración de glifosato en el suelo depende en general de la actividad microbiana (Carlisle y Trevors 1988; Moshier & Penner, 1978). El principal metabolito que se forma es el ácido aminometilfosfónico (AMPA), que sufre una mayor degradación microbiana. El glifosato es metabolizado a dióxido de carbono, fosfato inorgánico, y otros compuestos naturales. Por la baja volatilidad glifosato es muy poco probable que se

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

mueven fuera del sitio en forma de vapor y que pueda daños la vegetación fuera del sitio de aplicación

Las propiedades herbicidas de glifosato se pierden al entrar en contacto con el suelo o los sedimentos. El glifosato se une fuertemente a la mayoría de los tipos de suelos y sedimentos, por lo que es poco probable que sea adsorbido por las raíces de la vegetación fuera de sitio (Giesy et al. 2000).

Esto reforzado por el hecho de que no se aplicará ningún tratamiento con glufosinato de amonio.

g) Descripción de uno o más métodos de identificación del evento específico del OGM, incluyendo niveles de sensibilidad y reproducibilidad, con la manifestación expresa del promovente de que los métodos de identificación son los reconocidos por el desarrollador del OGM para la detección del mismo OGM

Los métodos de detección y cuantificación evento específico basados en la amplificación del ADN de interés mediante la reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (RT – PCR), desarrollados por Syngenta para los eventos parentales BT11, MIR162 y GA21, son los utilizados para detectar al híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21.

Para el caso de los eventos parentales BT11 y GA21, los métodos de detección usando RT – PCR, junto con la validación del método y el protocolo para la extracción del ADN, han sido recientemente publicados por el Laboratorio de Referencia de la Comunidad Económica Europea (Community Reference Laboratory, CRL por sus siglas en inglés), del Centro Común de Investigación de la Unión Europea (Joint Research Centre, JRC por sus siglas en inglés) y son públicos en su página de internet [http://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/statusofdoss.htm].

Existe material de referencia certificado en el Instituto de Materiales de Referencia y Medidas del JRC de Europa, (Institute for Reference Materials and Measurements (IRMM)): número de catálogo ERM-BF412 (series de la a-f)[42].

Adicionalmente, Syngenta desea declarar**, que en cumplimiento al artículo 66 del RLBOGM**, se hizo entrega al Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria, en la fecha de ingreso de la presente solicitud, el material de referencia positivo y negativo que permite la detección, identificación y cuantificación del maíz con la tecnología SYN-IR162-4, evento parental del híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21, objeto de esta solicitud. Por otro lado, sobre lo referente a la entrega de los materiales de referencia positivos y negativos que permiten la detección, identificación y cuantificación de los maíces con las tecnologías SYN-BT-Ø11-1 y MON-ØØØ21-9, estos se entregaron al Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria el día 23 de febrero de 2010, De forma comercial existen

[42] Visitar: http://irmm.jrc.ec.europa.eu/html/reference_materials_catalogue/catalogue/RM_Catalogue.pdf Página 26.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

métodos de detección rápidos que pueden ser útiles en actividades de monitoreo e inspección, empleadas como pruebas presuntivas dado que no son evento específico. Algunos métodos disponibles[43] con capacidad para detectar las proteínas presentes en el maíz con la tecnología SYN-BT-Ø11-1 y en el maíz con la tecnología MON-ØØØ21-9, son:

- QuickStix™ Kit for Cry1 Ab Bulk Grain - AS 003 BG, Número de Catálogo: AS 003 BG
- QuickStix™ Kit for Cry1Ab Leaf & Seed - AS 003 CRLS, Número de Catálogo: AS 003 LS
- QualiPlate™ Kit for Cry1Ab/Cry1Ac - AP 003 CRBS, Número de Catálogo: AP 003 CRBS
- Envirologix™ QuickStix™ Kit for Roundup Ready® Corn – Número de catálogo AS 010 BG
- Envirologix™ QuickStix™ Kit for Roundup Ready® Plant Tissue – Número de catálogo AS 010
- Envirologix™ QualiPlate™ Kit for Roundup Ready® Corn –Número de catálogo AP 010
- Agdia®Inc. PathoScreenRoundupReady® ELISA: Complete Kit Número de catálogo: PSP 74000/0288

Igualmente, los eventos parentales se pueden diferenciar mediante pruebas de tolerancia a un rango más amplio de insectos lepidópteros objetivo (eventos parentales BT11 y MIR162) y mediante pruebas de tolerancia a glifosato (evento parental GA21).

h) Existencia potencial de flujo génico del OGM a especies relacionadas

- **Tasas de entrecruzamiento y distancias de aislamiento**

Feil y Schmid (2002), Brookes y *et al*. (2004) y Sanvido *et al*. (2008) han repasado recientemente la literatura en la dispersión del polen del maíz y tasas de entrecruzamiento. Estas revisiones, así como un número de otras publicaciones (Ingram 2000; Luna *et al*. 2001; Stevens *et al.* 2004; Halsey *et al.*, 2005; Ireland *et al.* 2006; Messeguer *et al.* 2006; Bannert y Stamp 2007; Lentini Z., *et al* 2007) precisan un número de factores bióticos y abióticos que puedan influenciar las tasas de entrecruzamiento de maíz, incluyendo:

- Sincronía floral entre el donador y receptor del polen
- Temperatura ambiental al momento de la dehiscencia del polen

[43] Para mayor referencia por favor visitar: http://envirologix.com/artman/publish/cat_index_5.shtml

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- Humedad relativa del ambiente al momento de la dehiscencia del polen
- Velocidad y dirección de los vientos prevalecientes (incluidas las turbulencias)
- Topografía del terreno
- Distancia entre el donador y el receptor del polen
- Competencia entre el polen foráneo y polen de la parcela receptora (la escala de la emisión del polen en la parcela receptora y la escala de la emisión del polen del donador relativo al tamaño de la parcela receptora del polen, así como el tamaño absoluto de la parcela receptora – entre más grande sea la parcela receptora, más grande la presencia del polen foráneo, éste se diluirá y así promedio de entrecruzamiento por lote será más bajo, por ejemplo, el entrecruzamiento es más alto en los márgenes de las parcelas que en los puntos medios de las mismas.
- Diseño experimental, por ejemplo, arreglos físicos entre el donador y el receptor del polen (concéntricos, vecinos o distantes uno del otro), método para determinar las tasas de entrecruzamiento (colecta de polen o colecta de semillas resultantes).
- Prácticas agronómicas como el desespigado, uso de surcos borderos, etc.

Existen diversos estudios acerca de las distancias a las que se presenta o no flujo entre parcelas o lotes de maíz a continuación se hace un breve recuento de ellos.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 24. Distancias y tasas a las que se he presentado entrecruzamiento en diversos estudios en campo

Autor del estudio y año	Distancia a la fuente del polen	Tasa de entrecruzamiento (%)
Sauthier M.A., *et al* 2004 (considerando condiciones muy favorables para la viabilidad del polen)	597 m	0.17
Halsey M.E. *et al*., 2005	30	0.1-1.0
	60	0.1-1.0
	120	0.01-0.1
	240	0.01-0.1
	480	0.001-0.01
	750	<0.001
Goggi S. *et al* 2006 (promedio de mediciones de flujo en 8 puntos cardinales durante 2 años)	1	23.45
	10	2
	35	0.4
	100	0.04
	150	0.02
	200	0.0185
	250	0.016
Weekes R. *et al*., 2007 (Se muestran datos promedio de %GM a distancias representativas, en el estudio se mencionan 18 distancias a la fuente de polen y se sugiere el asilamiento necesario dependiendo del tamaño del campo)	0	0.74
	20	0.16
	50	0.12
	100	0.10
	200	0.02
Lentini Z. *et al.,* 2007	24-98 m	0.3 y >0.9
	278m	>0.07
	328 m	0.01
Sanvido O. *et al.,* 2008 (análisis estadístico de varios estudios)	0-10 m	5.72
	10-25m	0.35
	25-50 m	0.23
	Más de 50 m	0.19

Como ya se revisó anteriormente, casi todas la variantes de *Z. mays* ssp. *mays* pueden entrecruzar fácilmente y formar híbridos viables. Dado que el maíz es un cultivo que se reproduce principalmente por entrecruzamiento, las cruzas intraespecíficas pueden ocurrir entre plantas vecinas siempre y cuando los tiempos de floración entre ellas se sobrelapan y los factores agrometeorológicos y agronómicos mencionados más arriba lo permitan.

Las plantas voluntarias son agentes poco probables de transferencia de genes ya que los granos polinizados no son liberados naturalmente de la mazorca (OGTR, 2008).

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

La polinización mediada por viento puede ocurrir entre cultivos de maíz hasta varios metros, sin embargo **debido al peso relativamente grande y al diámetro de los granos de polen, la mayor cantidad de polen es depositado dentro de los primeros 60 m a partir de la fuente del mismo** (Raynor *et al*. 1972; Luna *et al*. 2001; Aylor 2002; Jarosz *et al*. 2003) **y existe poca o nula polinización más allá de los 300m** (Luna *et al*. 2001). En los estudios llevados a cabo por Halsey *et al*. (2005) **se consideró que tanto el tiempo de floración como la distancia de aislamiento son importantes para que se lleve a cabo el flujo mediado por polen, concluyeron que para el caso de maíz, bajo condiciones experimentales, 200 m fueron suficientes para reducir el polen a < 0.1%.** También se debe tomar en cuenta que la probabilidad de entrecruzamiento depende de la competencia del polen local vs. polen foráneo, como ya se mencionó anteriormente. **El hecho de que una sola planta de maíz produzca millones de granos de polen quiere decir, que aún cuando un grano de polen pueda viajar cientos de metros, la planta receptora siempre se verá rodeada por un número muchísimo mayor de polen local, disminuyendo con esto la probabilidad de polinización cruzada.** (Bannert & Stamp 2007). Algunas medidas tendientes a disminuir la producción del polen como el desespigado, la esterilidad citoplásmica masculina o el uso de barreras biológicas de especies diferentes del maíz (Langhof M., *et al*., 2008), contrariamente a lo pensado, podrían incrementar el flujo a larga distancia debido a la reducción de competencia de polen (Bannert & Stamp 2007).

En los estudios llevados a cabo en Argentina, en condiciones climáticas diferentes de México, se encontró que en dirección de los vientos dominantes podía existir polinización cruzada a una distancia de 597 m, aunque a partir de los 97 m no existió diferencia significativa, también concluyeron que comparando sus resultados con los de Luna *et al*., 2001, pueden concluir que son menores las tasas de flujo en México, debido a las temperaturas elevadas que se presentan en nuestro país, y recomendaron que en el caso de realizar la producción del cultivo transgénico, ésta se debería llevar a cabo en épocas en las que la floración coincida con vientos de poca intensidad y/o con temperaturas elevadas (mayores a 38ºC), con lo cual se reduciría por un lado el tiempo en el que el polen queda viable y, por el otro, el desplazamiento del mismo (Sauthier *et al*., 2004).

- **Probabilidad de que se presente flujo génico del OGM a especies relacionadas en el sitio de liberación experimental propuesto**

De acuerdo a la evidencia científica presentada en el punto anterior y a la información contenida en el inciso 16. II. ***"Identificación de la zona o zonas donde se pretenda liberar el OGM"*** de esta solicitud, en la que se incluye el listado de especies sexualmente compatibles en las zonas aledañas al sitio (considerando la información disponible al momento de presentar esta solicitud), **las características geográficas y tomando en cuenta las medidas de bioseguridad propuestas, se estima que la probabilidad de que se presente flujo génico a poblaciones de maíces nativos es prácticamente nula**, **debido a las distancias de aislamiento natural, la topografía del sitio, y la separación temporal,** mientras que es imposible que se presente flujo hacia poblaciones de teocintle,

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

dado que hasta donde Syngenta tiene conocimiento por información de libre acceso, éste no ha sido reportado en los sitios de liberación propuestos.

CONCLUSIÓN DE LA EVALUACIÓN DE RIESGOS MEDIOAMBIENTALES

El híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 no ve afectada sus características de supervivencia, multiplicación o diseminación excepto en presencia de glufosinato de amonio y glifosato. La probabilidad de que ocurran efectos medioambientales no deseados, incluyendo efectos directos o indirectos hacia plantas o sus productos, debido al cultivo de híbridos de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 no difiere de la del cultivo del maíz convencional. Con base a los datos disponibles, se prevé que la probabilidad de los efectos adversos sobre organismos no-blanco (plagas no objetivo) o sobre la funcionalidad del suelo sea muy baja o casi nula. Aún con la presencia del gen *mepsps* que le permite a la planta de maíz tolerar la aplicación de glifosato, no es probable que se provoque un efecto sobre la diversidad botánica adicional al que se genera con la aplicación de herbicidas, práctica común de manejo de malezas en México.

Por tanto, no se han identificado riesgos significativos en el análisis de riesgos medioambientales, incluidos los riesgos a la sanidad animal, vegetal y acuícola, a excepción de la resistencia de los insectos objetivo (plagas objetivo), cuya vigilancia se atribuye al plan de seguimiento específico. El diseño de los ensayos de campo a pequeña escala, las medidas de seguridad adoptadas y el hecho de que el híbrido de maíz tiene una combinación de tecnologías insecticidas con diferentes modos de acción, garantizan la reducción al mínimo de esta posibilidad.

i) Bibliografía reciente de referencia a los datos presentados,

Con fines de mantener un estilo científico uniforme, toda la bibliografía empleada se presenta al final en un apartado específico, se pide amablemente al lector referirse a él.

j) Las demás que establezcan las NOM que deriven de la Ley.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

La Ley Federal de Procedimiento Administrativo en su Artículo 4 menciona que los actos administrativos de carácter general, tales como reglamentos, decretos, acuerdos, **normas oficiales mexicanas**, circulares y formatos, así como los lineamientos, criterios, metodologías, instructivos, directivas, reglas, manuales, disposiciones **que tengan por objeto establecer obligaciones específicas cuando no existan condiciones de competencia y cualesquiera de naturaleza análoga a los actos anteriores**, que expidan las dependencias y organismos descentralizados de la administración pública federal, **deberán publicarse en el Diario Oficial de la Federación para que produzcan efectos jurídicos**.

Al momento de la presentación de esta solicitud de permiso de liberación en fase experimental de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9, no han sido publicadas en el Diario Oficial de la Federación ninguna Norma Oficial Mexicana aplicable derivada de la LBOGM[44] aplicable a los permisos de liberación en fase experimental, piloto o comercial.

[44] Consulta llevada a cabo el 03 de mayo de 2010. Visitar: http://dof.gob.mx/busqueda_detalle.php?textobusqueda=bioseguridad&vienede=

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

IV. Medidas y procedimientos de monitoreo de la actividad y de bioseguridad a llevar a cabo

a) Medidas y procedimientos de monitoreo de la actividad

Se efectuará un monitoreo durante la liberación y la cosecha del maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9. Las actividades incluyen:

- Efectuar una localización georreferenciada de los lotes de los agricultores cooperantes que siembren el maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 con el propósito de tener un control sobre los sitios de liberación y de esa manera evitar que se siembre en predios no permitidos.

- Realizar un monitoreo de canales de riego y drenes adyacentes a los predios con el fin de detectar el posible establecimiento de plántulas en sus orillas.

- Realizar una capacitación a todo el personal involucrado en el proceso de producción con el objeto de que toda persona relacionada con el cultivo conozca las posibles implicaciones, riesgos y beneficios de uso y manejo del maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9. Además, todo el personal involucrado deberá saber que el maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 tiene como característica la tolerancia a la aplicación del herbicida glifosato.

- Proporcionar la asistencia técnica necesaria a los agricultores para un adecuado manejo del cultivo por parte de un investigador o técnico reconocido de la zona.

2. Estrategias de monitoreo posteriores a la liberación del OGM, con el fin de detectar cualquier interacción entre el OGM y especies presentes relevantes, directa o indirectamente, en la zona o zonas donde se pretenda realizar la liberación, cuando existan

Después de la destrucción de la cosecha y material vegetal remanente, se establecerá un programa de monitoreo que pudiera incluir la búsqueda y destrucción de plantas voluntarias durante el ciclo de cultivo siguiente.

3. Estrategias para la detección del OGM y su presencia posterior en la zona o zonas donde se pretenda realizar la liberación y zonas vecinas, una vez concluida la liberación.

El administrador del experimento, o a quién se le designe, deberá monitorear cada cuatro semanas el sitio y sus vecindades para verificar la no aparición de plantas voluntarias durante un período de seis meses. Fuera del sitio experimental se emplearán tiras reactivas que identifiquen la presencia de las proteína Cry1Ab, Vip3Aa20 y proteína

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

mEPSPS, y en caso de ser necesario se tomarán muestras adicionales para su identificación evento específico.

b) Medidas y procedimientos de bioseguridad:

PROCEDIMIENTOS DE BIOSEGURIDAD

Excellence through Stewardship® *(Excelencia A Través de la Gestión o ETS por sus siglas en Inglés)* es la primer iniciativa coordinada por la industria biotecnológica para promover la adopción global de programas de gestión y sistemas de gestión de la calidad para el ciclo de vida de los productos vegetales derivados de la biotecnología (desde su origen, durante su vida útil y hasta su descontinuación final), y tiene como finalidad complementar los programas de la industria y las partes interesadas que están dedicados a la gestión y la sustentación agrícola, además de estar diseñado para promover la comprensión y el conocimiento.

La gestión se define como el manejo responsable de un producto desde su origen, durante su vida útil y hasta su descontinuación final. En la biotecnología vegetal, la gestión incluye prestar mucha atención a la introducción y al uso responsable de los productos.

Las **Guías para la gestión** están diseñadas con el fin de brindar a los responsables del desarrollo de productos vegetales biotecnológicos, a los proveedores y las partes interesadas una descripción general de las consideraciones de la gestión en diferentes fases de la vida útil de los productos vegetales obtenidos por biotecnología.

Una organización que se dedica a descubrir, desarrollar o proporcionar productos vegetales biotecnológicos debe tener implementados programas de gestión y sistemas de gestión de calidad. Estos componentes se deben adaptar e incorporar, según sea adecuado, para abordar el tipo y el alcance de las operaciones y las actividades de la organización referidas a la vida útil del producto. Si bien un programa de gestión está definido por los sistemas de administración y estructura de una organización, también debe incluir funciones, políticas, procesos, capacitación y requisitos de documentación para un manejo responsable de productos.

Para apoyar estos esfuerzos, ETS ofrece las siguientes guías en el desarrollo y aplicación de programas de gestión y sistemas de gestión de la calidad[45]

1. Guide for Stewardship of Biotechnology-Derived Plant Products
2. Guide for Product Launch Stewardship of Biotechnology-Derived Plant Products
3. Guide for Maintaining Plant Product Integrity of Biotechnology-Derived Plant Products
4. Guide for Incident-Response Management of Biotechnology-Derived Plant Products

[45] http://www.excellencethroughstewardship.org/ETSOverview.aspx

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

5. Guide for Product Discontinuation of Biotechnology-Derived Plant Products

Dentro de este expediente, estas guías se abordan de manera general para conocer el alcance dentro del programa de gestión y sistema de gestión de la calidad.

Guía para la gestión de productos vegetales obtenidos por biotecnología[46]

Esta *Guía* se aplica a la gestión en toda la vida útil del producto biotecnológico (Fig. 32). La Guía brinda orientación a los responsables de desarrollo, a los proveedores y a quienes participan en la investigación en biotecnología vegetal, a través de un programa de gestión general, junto con consideraciones para la gestión específica en cada fase de la vida útil. Existen otras *Guías* de *Excellence Through Stewardship* que ofrecen información adicional relacionada con fases específicas de la vida útil contenidas en esta Guía, además de otras actividades.

Además, la Guía está diseñada con el fin de brindar información útil a las partes interesadas asociadas, que incluyen a quienes venden, compran y usan productos vegetales obtenidos por biotecnología.

Figura 32. Vida útil de los productos vegetales obtenidos por biotecnología

Programa de gestión

Se debe considerar e incorporar apropiadamente el siguiente listado de componentes del programa a cada fase de la vida útil del producto, cuando se desarrollen nuevos programas de gestión o se mejoren los programas existentes que son acordes al tipo y al alcance de las operaciones y las actividades de la organización.

- La estructura de una organización, que incluye responsabilidades y funciones definidas, centrada en mantener y mejorar políticas y prácticas de gestión para garantizar la responsabilidad en todas las regiones del mundo.

[46] http://www.excellencethroughstewardship.org/LinkClick.aspx?fileticket=1bxJGf1Odcs%3d&tabid=62

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- Políticas, procesos y procedimientos de gestión integrados a los sistemas de gestión de calidad.
- Programas de capacitación y concientización de la gestión para empleados, contratistas, colaboradores, titulares de licencias y productores.
- Redes de comunicación establecidas para diseminar información de forma interna y externa a las partes interesadas.
- Un proceso para mantener la integridad de los productos vegetales. Para obtener orientación detallada sobre este proceso.
- Procesos definidos de verificación de la gestión para las operaciones internas y externas.
- Un proceso para incluir gestión y responsabilidades y requisitos de gestión de calidad en contratos y acuerdos de licencias aplicables.
- Una política y un proceso para la comercialización y el lanzamiento responsable de productos vegetales obtenidos por biotecnología.
- Un proceso para manejar efectivamente incidentes potenciales que involucren a los productos vegetales obtenidos por biotecnología.
- Un proceso para la descontinuación responsable de productos biotecnológicos vegetales.
- Revisiones de administración de la gestión en los hitos de la vida útil de un producto.

Consideraciones de la gestión para cada fase de la vida útil de un producto vegetal obtenido por biotecnología:

1. Descubrimiento del gen

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

La fase de *descubrimiento del gen* incluye actividades para identificar y evaluar los genes específicos y otros elementos que se pueden utilizar para producir o construir un nuevo producto vegetal a través de la biotecnología.

La gestión para esta fase del ciclo de vida de un producto incluye garantizar que los procesos de diseño y construcción generen el producto deseado y que se mantenga la integridad del producto vegetal.

Las siguientes consideraciones se deben evaluar e incluir, según corresponda, en programas de gestión relacionados con el descubrimiento de genes.

Gestión de la calidad

Implementar un sistema de gestión de la calidad para mantener la integridad del producto vegetal. La *Guía para el mantenimiento de la integridad*[47] de los productos vegetales proporciona orientación sobre tal sistema.

Diseño del producto

Evaluar los elementos genéticos para determinar los factores que pueden afectar la seguridad en el medio ambiente y en la salud humana, por ejemplo:

- potencial de alergenicidad o toxicidad de las proteínas expresadas;
- consecuencias técnicas y regulatorias de los marcadores de selección, si se utilizan.

Selección del producto

Considerar las consecuencias técnicas y regulatorias cuando se seleccionan líneas vegetales transformadas para su avance en el proceso.

2. Desarrollo del producto vegetal

La fase de *desarrollo del producto vegetal* incluye actividades que tienen lugar antes de que un producto vegetal obtenido por biotecnología se pueda comercializar. Estas actividades incluyen la transformación y regeneración de la planta, la selección del

[47] http://www.excellencethroughstewardship.org/LinkClick.aspx?fileticket=P4qw2mlAeLc%3d&tabid=62

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

evento en instalaciones cerradas de confinamiento o pruebas de campo bajo confinamiento, y la evaluación del evento para estudios agronómicos y regulatorios.

La gestión para esta fase del ciclo del producto incluye garantizar que existan sistemas implementados para mantener la integridad del producto vegetal, el cumplimiento de las normas y el uso efectivo y perdurable del producto.

Se deben evaluar e incluir las siguientes consideraciones, según corresponda, en programas de gestión relacionados con el desarrollo del producto vegetal.

Gestión de la calidad

Implementar un sistema de gestión de la calidad para mantener la integridad del producto vegetal. La *Guía para el mantenimiento de la integridad de los productos vegetales* proporciona orientación sobre tal sistema e incluye pautas para verificar que:

- se segregue el material vegetal en el almacenamiento y que tenga lugar un proceso para la identificación y enumeración precisas del mismo;
- existan procedimientos implementados para evitar la mezcla accidental del material vegetal;
- existan sistemas implementados para responder a los requisitos regulatorios asociados con las pruebas de campo bajo confinamiento;
- existan sistemas para responder a las consideraciones pertinentes al uso previo y posterior de la tierra; y
- las instalaciones y los equipos estén limpios y los materiales vegetales se usen o se desechen adecuadamente.

Para el uso sostenible del producto, desarrollar estrategias adecuadas de gestión, por ejemplo:

- control de la resistencia a los insectos, incluidas estrategias de refugio correctamente definidas; y
- control de la tolerancia de las malezas, como estrategias de rotación o combinación de herbicidas.

Planificación del lanzamiento del producto

Desarrollar una estrategia de lanzamiento de productos que incluya un proceso para la evaluación comercial y de mercado, para ser utilizado en el desarrollo de estrategias regulatorias y de comercialización. Además, considerar la descontinuación de productos como una parte del proceso de planificación. La *Guía para la gestión de lanzamiento de productos*[48] *y la Guía para la descontinuación de productos*[49] brindan las guías pertinentes.

48 http://www.excellencethroughstewardship.org/LinkClick.aspx?fileticket=U8SEhLYSZYA%3d&tabid=62

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Planificación y cumplimiento de la regulación

- Desarrollar una estrategia regulatoria basada en la ciencia para realizar análisis y recolectar datos adecuados de seguridad en humanos, eficacia y seguridad ambiental para cumplir con los requisitos regulatorios apropiados para los planes de uso previstos para el producto.

- Garantizar el cumplimiento de las normas para el transporte global, los requisitos de importación/exportación y las pruebas de campo. *Las fuentes de referencia para este componente se pueden encontrar en Confined Field Trials of Regulated Genetically Engineered Corn, Cotton and Soybean in the United States (Pruebas de campo bajo confinamiento de maíz, algodón y soja modificados por ingeniería genética y regulados, en los Estados Unidos) de BIO (Organización de la industria biotecnológica) (2007); en Compliance Management of Confined Field Trials of Genetically Engineered Plants (Gestión de cumplimiento de pruebas de campo bajo confinamiento de plantas modificadas por ingeniería genética) de CropLife International (2005) y en Handbook for Understanding and Implementing the Containment Analysis and Critical Control Point Plan for the Production of Plant-Made Pharmaceuticals and Plant-Made Industrial Products (Manual para comprender e implementar el plan de análisis de contención y de puntos críticos de control para la producción de productos farmacéuticos obtenidos de plantas y productos industriales obtenidos de plantas) de BIO 2007.*

- Proporcionar una contención segura del material vegetal o las semillas durante el transporte y el almacenamiento intermedio.

-

3. Producción de plantas y semillas

La fase de *producción de plantas y semillas* incluye actividades diseñadas para garantizar que los productos vegetales se cultiven conforme a normas y requerimientos definidos.

Las siguientes consideraciones se deben evaluar e incluir, según corresponda, en programas de gestión relacionados con actividades de producción de plantas y semillas.

Gestión de la calidad

Implementar o adaptar un sistema de gestión de la calidad para mantener la integridad y la calidad del producto vegetal de acuerdo con normas internas para la producción y el procesamiento, y verificar que:

- se segregue el material vegetal en el almacenamiento y que tenga lugar un proceso para la identificación y enumeración precisas de todo el material vegetal plantado y cosechado;

[49] http://www.excellencethroughstewardship.org/LinkClick.aspx?fileticket=13x-wiedNrM%3d&tabid=62

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- existan procedimientos implementados para evitar la mezcla accidental del material vegetal durante la siembra o la cosecha;
- existan sistemas implementados para tratar las consideraciones pertinentes al uso anterior y posterior de la tierra;
- existan sistemas implementados diseñados para mantener la integridad del producto vegetal en el campo; y
- los equipos estén limpios y que cualquier material vegetal cosechado sea usado o desechado adecuadamente.
-

Producción de contratos/Otorgamiento de licencias

1. Implementar un proceso para que los contratos y las licencias contengan los requerimientos adecuados de gestión. Esto incluye a los terceros, la producción en el campo, la producción de semillas y las licencias comerciales.
2. Implementar programas de verificación, capacitación y conciencia de la gestión para contratistas, titulares de licencias y productores.

Cumplimiento de la regulación

Garantizar el cumplimiento de las normas pertinentes, que incluyan el transporte, producción, tratamiento y almacenamiento de los materiales vegetales.

Lanzamiento de productos

Implementar la estrategia de gestión de lanzamiento de productos. La *Guía para la gestión de lanzamiento de productos* brinda las guías pertinentes.

4. Comercialización y distribución de las semillas y las plantas

La fase de *comercialización y distribución de semillas y plantas* incluye actividades relacionadas con la distribución de productos a través de la cadena interna de suministro y las cadenas externas de distribución hacia los clientes. Antes de la venta comercial de cualquier producto vegetal o de semillas obtenidas por biotecnología, el responsable del desarrollo del producto, o el titular de las licencias, deben haber obtenido todas las autorizaciones regulatorias necesarias como requisito previo al lanzamiento en el mercado.

Las siguientes consideraciones se deben evaluar e incluir, según corresponda, en programas de gestión relacionados con la comercialización y la distribución comercial de plantas y semillas.

Lanzamiento de productos

Implementar la estrategia de gestión de lanzamiento de productos para el producto. La *Guía para la gestión de lanzamiento de productos* brinda la orientación pertinente.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Educación sobre la gestión

Educar a la cadena de valor y distribución para que tenga conciencia y comprenda las recomendaciones de uso, incluyendo las guías específicas para permitir a las partes interesadas que definan prácticas de gestión que respalden el uso adecuado del producto.

Gestión de la calidad

Implementar o adaptar sistemas para mantener y documentar la integridad del producto vegetal, el control de las existencias y el rastreo[50] del producto. La *Guía para el mantenimiento de la integridad de los productos vegetales* brinda la orientación pertinente.

Retiro o devolución del producto

Implementar un proceso para controlar los materiales en las cadenas de suministro internas, como así también para recuperar o controlar el material en las cadenas de distribución comercial. Estos procesos deben incluir la documentación adecuada.

Cumplimiento de la regulación

Garantizar el cumplimiento de las normas pertinentes (por ejemplo, condiciones de autorización, requisitos de supervisión, requisitos fitosanitarios y de importación/ exportación).

Plan de discontinuación del producto

Desarrollar un plan de discontinuación de productos que trate estrategias regulatorias de registro, impactos potenciales en acuerdos de licencias comerciales en todo el mundo y que integre las necesidades de las partes interesadas en la cadena de valor. La *Guía para la discontinuación de producto*[51] brinda la orientación pertinente.

5. Producción del cultivo

La fase de producción del cultivo incluye actividades asociadas con el cultivo para

[50] **"Rastreo"** es la capacidad de seguir el movimiento de una planta obtenida por biotecnología a través de las etapas específicas de desarrollo, producción y distribución de semillas o plantas a los productores.

[51] Si bien esta *Guía* se refiere a productos como granos y semillas, la guía es válida para otros productos vegetales obtenidos por biotecnología. Sin embargo, esta *Guía* no tiene como propósito abordar variedades convencionales.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

cosecha de una planta o semilla obtenida por biotecnología, autorizada y disponible comercialmente. Las siguientes consideraciones se deben evaluar e incluir, según corresponda, en los programas de gestión relacionados con la producción de cultivos y plantas.

Uso del producto

Implementar prácticas de manejo de productos para permitir el uso adecuado y la sustentación. Éstas incluyen una guía sobre el uso del producto y la tecnología, y sus condiciones de uso.

Educación y capacitación

Brindar la comunicación y la capacitación adecuadas con respecto a las prácticas de manejo de productos que aumentan la eficacia del producto a largo plazo, por ejemplo, control de la resistencia a insectos o mezclas/rotación de herbicidas.

Opinión del cliente

Establecer procesos para capturar y manejar adecuadamente las opiniones del cliente sobre los atributos o el uso de los productos.

6. Utilización del cultivo

La fase de *utilización del cultivo* incluye el uso de productos vegetales obtenidos por biotecnología para alimento, pienso, fibra u otros propósitos (por ejemplo, biocombustibles, aplicaciones industriales, etc.). Las siguientes consideraciones se deben evaluar e incluir, según corresponda, en programas de gestión relacionados con la utilización del cultivo.

Integridad del producto

- Evaluar las recomendaciones y los requisitos regulatorios y de las partes interesadas en relación con la identidad y la pureza del grano.
- Cuando corresponda, promover que las partes interesadas implementen sistemas, a fin de mantener y documentar la integridad del producto vegetal, el control de las existencias y el rastreo del producto.
- Evaluar la necesidad de disponer de pruebas de diagnóstico para confirmar la identidad del producto en el grano y abordar determinadas necesidades.

Opinión de las partes interesadas

Implementar procesos para capturar y manejar adecuadamente las opiniones de las partes interesadas sobre los atributos o el uso del producto.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

7. Descontinuación del producto

La fase de *descontinuación del producto* incluye actividades relacionadas con productos que se autorizaron para el uso comercial, pero que han alcanzado el final de su vida útil. Esta actividad es independiente y diferente a la que se asocia con los retiros y las devoluciones del producto. La descontinuación de un producto es una decisión empresarial que tiene en cuenta muchos factores, entre los que se incluyen los requisitos regulatorios imperantes, las fuerzas del mercado y el reemplazo del producto. La industria considera la descontinuación como una parte normal de la vida útil del producto. Para obtener información adicional, se debe consultar la *Guía para la discontinuación de productos*[52].

Al implementar un programa de gestión relacionado con la descontinuación del producto, se deben evaluar e incluir las siguientes consideraciones, según corresponda.

Política de descontinuación del producto

Desarrollar una política que contemple los requisitos regulatorios, las fuerzas del mercado, el reemplazo del producto y la capacidad de cumplimiento de los titulares de licencias.

Proceso de descontinuación de productos

Implementar los procesos adecuados para la planificación, comunicación, ejecución y documentación de la discontinuación del producto.

Syngenta, representada por Syngenta Agro S.A. de C.V y Syngenta Seeds, Inc. – Field Crops – NAFTA, es miembro del programa ETS, por lo que el manejo de nuestros productos vegetales derivados de la biotecnología están en conformidad con ETS y las políticas internas de Syngenta.

En Syngenta reconocemos nuestra responsabilidad en gestión y cumplimiento como miembro de la industria desarrolladora de biotecnología vegetal. Con este fin, en 2008 implementamos un Programa de Gestión de Calidad (QMP) para LATAM que acompaña el desarrollo de nuevos productos biotecnológicos de la compañía. Nuestro programa establece prácticas y controles destinados a garantizar la integridad del producto vegetal en todos los procesos involucrados y así minimizar el riesgo, que productos

[52] http://www.excellencethroughstewardship.org/LinkClick.aspx?fileticket=13x-wiedNrM%3d&tabid=62

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

biotecnológicos no autorizados estén presentes en las semillas permitidas, alimentos autorizados, o los canales de alimentación.

En el grupo de Cumplimiento de Biotecnología Vegetal de Syngenta, unidad funcional del grupo de Asuntos Regulatorios de Biotecnología, apoyamos al negocio en relación a los requerimientos regulatorios para la conducción de ciertas actividades con plantas genéticamente modificadas. Estas actividades se dividen en dos categorías:

1. Cumplimiento previo al registro de comercialización, tal como importación, movimiento y ensayos de campo (confinados y a gran escala).

2. Cumplimiento posterior al registro de comercialización que consiste en cumplir las obligaciones o las condicionantes del registro de comercialización (siembras comerciales), específicamente de manejo de resistencia a insectos para los productos que se comercializan.

Las actividades previas al pre registro son las siguientes:

- Obtención del permiso de movilización y de ensayos en campo con productos biotecnológicos regulados
- Desarrollo y mantenimiento de los Procedimientos de Operación Estandarizados (SOPs).
- Desarrollo y operación de un programa de capacitación de personal involucrado directamente en los ensayos de campo
- Auditorias e Inspecciones a los ensayos de campo
- Resolución a las cuestiones de cumplimento
- Interacción con las agencias regulatorias
- Gestión del riesgo asociado con productos derivados de la biotecnología previo a la aprobación comercial.

Syngenta Agro S.A. de C.V al ser miembro del programa ETS, manejamos nuestros productos vegetales derivados de la biotecnología en conformidad con el programa ETS y las políticas internas de Syngenta, por lo que hemos desarrollado una serie de SOPs (Procedimientos de Operación Estandarizados) para el manejo seguro de los productos vegetales derivados de la biotecnología que se pretenden liberar en etapa experimental en México, como es el caso del maíz con la tecnología Bt11xMIR162xGA21.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

MEDIDAS DE BIOSEGURIDAD

Las medidas de bioseguridad se resumen brevemente a continuación, más adelante se describen para cada etapa del cultivo y los procesos documentados se presentan en la **carpeta de información confidencial en el Apéndice E: Procedimientos estandarizados para el manejo seguro del maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9).**

El maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 se cultivará respetando las buenas prácticas de realización de ensayos.

- El lugar de ensayo se localizará en áreas donde el maíz no se cultive para la producción de semilla y la distancia mínima al campo de maíz más cercano no será en ningún caso menor de entre 300 m de cualquier zona sembrada con maíz convencional, distancia que dependerá en gran medida de la geometría tanto del sitio, como la de los vecinos de los alrededores.

- Los ensayos estarán rodeados por un bordo de al menos seis surcos de plantas de maíz convencional, u otro cultivo, que harán el efecto de barrera tampón del polen. Estas líneas de borde barrera serán tratadas como el resto del ensayo y finalmente serán devitalizado, y no se emplearán como alimento ni pienso.

- Durante el tiempo que dure el ensayo, el lugar de la liberación será visitado periódicamente por el administrador del experimento, o por la persona así designada, y por el oficial de cumplimiento para hacer observaciones y asegurar que se están tomando las medidas adecuadas para controlar posibles plagas y enfermedades, así como el cumplimiento de todos los términos del permiso que apliquen al campo y medidas de bioseguridad.

- El grano producido en los ensayos de campo será cosechado; al momento de la cosecha se colocarán plásticos a ras de suelo en cada surco para mantener aislado cualquier mazorca o grano que se pudiese caer.

- Algunas variables de rendimiento requieren que el grano se mueva de la parcela a la casa del agricultor o algún almacén, por lo que esto se hará apegado al SOP desarrollado para este caso.

- Al final del ensayo, cualquier material vegetal sobrante tras la cosecha que no vaya a ser utilizado para análisis será devitalizado de acuerdo a los métodos aprobados en los procedimientos estándares de la compañía, tan pronto como las condiciones agronómicas y medioambientales lo permitan.

- Toda semilla que no haya germinado y permanezca en el suelo tras la siembra o que pudiese permanecer en suelo a pesar de las medidas tomadas podría prosperar como rebrote. Bajo las condiciones del lugar de ensayo, este hecho es altamente improbable porque todo el grano producido será cosechado y utilizado para análisis o destruido. En el caso de la probable aparición de rebrotes (voluntarias), éstas serán monitoreadas y deberán ser destruidas lo más pronto

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

posible (obligatoriamente dentro de 14 días y no permitir floración). No obstante, en el ciclo siguiente se sembrará en el lugar de ensayo un cultivo distinto del maíz convencional con destino a la cadena agroalimentaria y se inspeccionará periódicamente para asegurar que cualquier rebrote de maíz será fácilmente identificado y posteriormente destruido. El uso de herbicidas convencionales o de medios mecánicos destruirá cualquier rebrote detectado antes de la floración.

- Todas las plantas utilizadas en las liberaciones serán destruidas e incorporadas al suelo al final del ensayo.

1. Medidas y procedimientos para prevenir la liberación y dispersión del OGM fuera de la zona o zonas donde se pretende realizar la liberación; (

Medidas de manejo de la semilla desde su empacado en punto de origen hasta llegada a sitio experimental incluyendo el transporte

- Toda la semilla regulada y/o material vegetal viable deberá almacenarse en envases/empaques seguros para su transporte.
- Deberá completarse un Registro de Transporte (ROT) o equivalente, y acompañará cualquier envío de material vegetal regulado.
- Semilla regulada y/o material vegetal viable deberá mantenerse separado (p. ej., empaque principal separado) de otras semilla y/o material vegetal durante el transporte.
- Semilla regulada y/o material vegetal viable deberá estar claramente etiquetado como material regulado.
- Empaques primarios, secundarios y terciarios usados para transportar semilla regulada y/o material vegetal viable deberán estar libres de granos previo al llenado y después de que se ha removido el material vegetal regulado. Alternativamente, los empaques podrían ser destruidos por autoclave o incineración.
- Cualquier residuo de material vegetal no identificado recuperado dentro del proceso de limpieza de granos (p. ej., mezcla de dos o más eventos durante el proceso de transporte) se designarán como no viable por una o más de las siguientes opciones: calor seco, vapor, trituración, destrucción biológica u otro método aprobado en el país correspondiente, comunicándolo primero al administrador del ensayo.

Medidas de manejo de la semilla al momento de la siembra y los potenciales remanentes

La siembra de ensayos con materiales genéticamente modificados es similar a la siembra de materiales convencionales, con excepción de que se debe de verificar la información de las actividades y de las condiciones de siembra. Específicamente, antes de efectuar la siembra se debe verificar:

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- Que la superficie sembrada se ajuste a la autorizada en el permiso de liberación
- La ubicación georreferenciada (GPS) del predio antes de sembrar
- Verificar que los materiales estén en orden de siembra planeado y de acuerdo al protocolo de ensayo
- Verificar que las tolvas de siembra (si se utilizan) están completamente limpias antes de entrar al predio a sembrar.

Medidas de manejo del cultivo en pie

Establecer medidas efectivas para lograr el aislamiento espacial y reproductivo.

- **Aislamiento espacial:** Los ensayos deben aislarse reproductivamente de otras plantas de la misma especie o de parientes sexualmente compatibles separándolos con una distancia mínima de 300 m.

- **Aislamiento temporal (se usara esta opción, si no se cumple con la condición de aislamiento espacial):** Bajo ciertas condiciones ambientales, el aislamiento reproductivo de los lugares en los que se realizan los ensayos puede lograrse mediante el aislamiento temporal. Ello requiere escalonar la siembra del ensayo para que la liberación del polen se haya completado totalmente antes o después de la liberación del polen correspondiente de cualquier planta de la misma especie que pueda haberse cultivado dentro de la zona de aislamiento reproductivo. El aislamiento temporal se debe utilizar cautelosamente y no se recomienda en muchos ambientes por la variabilidad inherente a las condiciones de crecimiento que no hacen posible la predicción exacta del momento de la antesis.

- **Bordo:** El ancho del bordo es específico según la especie. Comúnmente, la variedad convencional utilizada para sembrar en el bordo debe: 1) madurar al mismo tiempo que el evento transgénico; 2) ser sembrada a una densidad comparable a la del ensayo; y 3) ser manejada utilizando prácticas agronómicas comunes. El administrador del ensayo a campo deben monitorear estrechamente la emergencia de las hileras de los bordos y resembrarlos rápidamente si no resultó adecuado. Para que los bordos sean efectivos, se debe contar con un sistema de monitoreo frecuente que confirme que la antesis del material experimental y de las plantas del bordo son concurrentes.

Medidas de manejo en el momento de la cosecha y medidas de manejo de todos los productos de la cosecha

El Administrador del ensayo, o la persona que se designe, deberá monitorear la cosecha en los sitios de los ensayos para asegurarse de que el material vegetal regulado remanente, será destruido como se indica en este proceso central:

- Debe mantenerse la identificación del evento en todo momento
- Cuando aplique, los ensayos regulados deberán terminarse y cosecharse de acuerdo a las regulaciones locales o gubernamentales. Seguir los códigos de colores establecidos para material regulado (p. ej. azul para material regulado).

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- Ningún material vegetal del sitio del ensayo, incluyendo material no regulado de las borduras, entrará en la cadena de consumo humano o animal, a no ser que sea autorizado por la Secretaría competente. Si este fuera el caso, asegurarse de contar con la autorización de uso o consumo humano incluyendo granos.
- Todo el equipo usado para cosechar en un sitio de ensayo (o para la terminación previo a la cosecha) deberá ser limpiado en el sitio del ensayo para eliminar el transporte no intencional de material regulado del sitio del ensayo. Métodos aceptables para la limpieza incluyen limpieza manual, aire comprimido, limpieza con aspiradora de la semilla remanente e hidrolavadora.
- Cualquier material vegetal residual no identificado recuperado durante el proceso de limpieza del equipo de campo se determinará como no viable por los siguientes métodos: calor seco, autoclave, trituración, incineración o tratamiento con herbicidas y/o químicos debidamente etiquetados y desechados en el sitio del ensayo.
- Todo el equipo de cosecha/terminación debe limpiarse e inspeccionarse visualmente para que esté libre de material vegetal antes de que entre al sitio del ensayo, incluyendo semilla y material vegetativo que pueda estar presente de operaciones anteriores.
- Cuando aplique, en los sitios de los ensayos que son terminados antes de la producción de semilla deberán ser destruidos y subsecuentemente incorporado al suelo o tratado con herbicidas/químicos debidamente etiquetados para hacer al material vegetal no viable. Las restricciones post-cosecha deberán aplicarse inmediatamente a los sitios de los ensayos que son terminados de forma temprana debido a que aún puede encontrarse semilla del material regulado de la siembra
- La destrucción del cultivo debe ocurrir en el momento oportuno.

2. Medidas y procedimientos para disminuir el acceso de organismos vectores de dispersión, o de personas que no se encuentren autorizadas para ingresar al área de liberación a dicha zona o zonas;

El sitio en el que se pretende llevar a cabo la liberación en fase experimental, se encuentra en propiedad privada y se colocara cerco eléctrico para evitar la dispersión por terceros.

3. Medidas para la erradicación del OGM en zonas distintas a las permitidas.

Como se menciono en el apartado **b) Medidas y procedimientos de bioseguridad;** en el caso de la probable aparición de rebrotes (voluntarias) éstas serán monitoreadas y deberán ser destruidas lo más pronto posible (obligatoriamente dentro de 14 días y no permitir floración). No obstante, el ciclo siguiente se sembrará en el lugar de ensayo un cultivo distinto del maíz convencional con destino a la cadena agroalimentaria y se inspeccionará periódicamente para asegurar que cualquier rebrote de maíz será fácilmente identificado y posteriormente destruido. El uso de herbicidas convencionales o de medios mecánicos destruirá cualquier rebrote detectado antes de la floración.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

4. Medidas para el aislamiento de la zona donde se pretenda liberar experimentalmente el OGM.

De acuerdo a los datos presentados para cumplir con lo solicitado por el artículo 16 III h) "*Existencia potencial de flujo génico del OGM a especies relacionadas"* en esta solicitud, se propone que el sitio experimental esté a una distancia de por lo menos 300 m de cualquier zona sembrada con maíz convencional, distancia que dependerá en gran medida de la geometría tanto de los propios sitios, como la de los vecinos de los alrededores.

Los surcos experimentales serán rodeados por 6[53]surcos borderos de plantas de maíz convencional, u otro cultivo, a fin de atrapar el polen que pudiese llegar a salir del experimento. Alrededor de los surcos borderos se dejará una zona arada sin sembrar o con pasto de entre 5 a 10 m que se determinará dependiendo del sitio y su geometría.

La siembra del sitio experimental se llevará a cabo con un desfasamiento de la fecha de siembra de 21 días, con el fin de evitar o minimizar lo más posible la compatibilidad fenológica con cualquier campo de maíz que pudiese encontrar en los alrededores más allá de los 300 m[54] de aislamiento propuesto.

5. Medidas para la protección de la salud humana y del ambiente, en caso de que ocurriera un evento de liberación no deseado

Es importante destacar que la inocuidad para el uso y consumo humano, animal y para procesamiento del cultivo de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 ha sido demostrada ante la autoridad competente en México (Comisión Federal para la Protección contra Riesgos Sanitarios – COFEPRIS). Sin embargo, cabe aclarar que por tratarse de un ensayo experimental no se requiere, como bien lo dice el artículo 42 de la LBOGM… *que el solicitante cuente con la autorización del OGM que expida la SSA de conformidad con esta Ley, cuando dicho organismo tenga finalidades de salud pública o se destine a la biorremediación.*

Por otra parte, los eventos parentales que dan lugar al híbrido de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9, ya cuentan con la autorización sanitaria de COFEPRIS que avala su inocuidad con fecha 04 de Agosto de 2010. Además, los eventos parentales SYN-BT-Ø11-1 del 16 de Julio de 2007; para MON-ØØØ21-9 del 24 de Mayo de 2002 y para el evento parental SYN-IR162-4 el 20 de enero

[53] Se proponen 6 surcos debido al tamaño de la parcela experimental y la distancia propuesta a de asilamiento, de acuerdo a las distancias de aislamiento para producción de semilla certificada publicadas en las "Normas específicas para la certificación de semilla de maíz de polinización libre"del Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas

[54] Se proponen 300 m de acuerdo a las distancias de aislamiento para producción de semilla certificada publicadas en las "Normas específicas para la certificación de semilla de maíz de polinización libre"del Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

de 2010[55]. Estos también están aprobados en el país de origen, por lo que no se espera ningún riesgo a la salud humana en el caso de que se presentase la liberación no deseada del evento SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9.

6. Métodos de limpieza o disposición final de los residuos de la liberación.

1. Todo el equipo de cosecha/terminación (si se utiliza) debe limpiarse e inspeccionarse visualmente para que esté libre de material vegetal antes de que entre al sitio del ensayo, incluyendo semilla y material vegetativo que pueda estar presente de operaciones anteriores.
2. Los sitios de los ensayos que son terminados antes de la producción de semilla deberán ser destruidos y subsecuentemente subsolados o tratado con herbicidas/químicos debidamente etiquetados para hacer al material vegetal no viable. Las restricciones post-cosecha deberán aplicarse inmediatamente a los sitios de los ensayos que son terminados de forma temprana debido a que aún puede encontrarse semilla del material regulado de la siembra
3. Todo el equipo usado en la cosecha de un ensayo (o para la terminación previo a la cosecha) deberá ser limpiado en el sitio para eliminar el transporte no intencional de material vegetal del el sitio. Métodos aceptables de limpieza incluyen limpieza manual, aire comprimido, limpieza con aspiradora de la semilla remanente e hidrolavadora.
4. Cualquier material vegetal residual no identificado recuperado durante el proceso de limpieza del equipo de campo se determinará como no viable por los siguientes métodos: calor seco, autoclave, trituración, incineración o tratamiento con herbicidas y/o químicos debidamente etiquetados y desechados en el sitio del ensayo.
5. La destrucción del cultivo debe ocurrir en el momento oportuno.

55 http://www.cofepris.gob.mx/work/sites/cfp/resources/LocalContent/521/5/lista_evaluacion_casoxcaso_ogm_ene_2010.pdf

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

V. Antecedentes de liberación del OGM en otros países, cuando esto se haya realizado, debiendo anexar la información pertinente cuando ésta se encuentre al alcance del promovente:

El híbrido de maíz con la tecnología BT11 x SYN-IR162-4 x GA21 (identificador de la OCDE: SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9) es un hibrido F1 resultado de la hibridación de la línea de maíz BT11 (SYN-BTØ11-1) resistente a lepidópteros, por la línea de maíz MIR162 (SYN-IR162-4) resistente también a lepidópteros, y por la línea de maíz GA21 (MON-ØØØ21-9) tolerante a la aplicación de herbicidas. Este híbrido de maíz apilado es producto del mejoramiento tradicional de plantas, y por lo tanto no es automáticamente sujeto a la normativa en todas las jurisdicciones, como son los eventos parentales resultantes de las tecnologías del ADN recombinante.

Los eventos parentales que dieron origen por mejoramiento tradicional al híbrido de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9, han sido aprobados en los siguientes países y para las siguientes actividades[56] presentando un historial de uso seguro:

Tabla 25. Historial de aprobaciones a nivel mundial de maíz SYN-BT-Ø11-1. Adaptada de: http://cera-gmc.org/index.php?action=gm_crop_database&mode=Submit&evidcode=BT11%20(X4334CBR,%20X4734CBR)

País	Liberación al ambiente	Alimentación humana, animal o procesamiento	Alimentación humana	Alimentación animal
Argentina	2001		2001	2001
Australia		2001		
Brasil	2007	2007		
Canadá	1996		1996	1996
China		2004		
Colombia	2008		2008	2008
Unión Europea			2003	2006
Japón	1996		1996	1996
Corea			2003	2006
México		2007		

[56] visitar: http://cera-gmc.org/index.php?action=gm_crop_database

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Filipinas	2005		2003	2003
Rusia			2003	
Sudáfrica	2003	2002		
Suiza			1998	1998
Taiwán			2004	
Reino Unido			1998	1998
Estados Unidos	1996	1996		
Uruguay	2004	2004		

Tabla 26. Historial de aprobaciones a nivel mundial de maíz SYN-IR162-4. Adaptada de: http://cera-gmc.org/index.php?action=gm_crop_database&mode=Submit&evidcode=MIR162

País	Liberación al ambiente	Alimentación humana, animal o procesamiento	Alimentación humana	Alimentación animal
Australia			2009	
Brasil	2009	2009		
Canadá	2010		2010	2010
Japón			2010	
México		2010		
Filipinas			2010	2010
Rusia			2010	
Taiwán			2009	
Estados Unidos	2010	2008		

Tabla 27. Historial de aprobaciones a nivel mundial de maíz MON-ØØØ21-9. Adaptada de: http://cera-gmc.org/index.php?action=gm_crop_database&mode=Submit&evidcode=GA21

País	Liberación al ambiente	Alimentación humana, animal o procesamiento	Alimentación humana	Alimentación animal

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Argentina	1998	2005		
Australia			2000	
Brasil	2008	2008		
Canadá	1998		1999	1998
China		2004		
Unión Europea			2006	2005
Japón	1998		1999	1999
Corea			2002	2005
México		2002		
Filipinas	2009		2003	200
Rusia			2007	2007
Sudáfrica		2002		
Taiwán			2003	
Estados Unidos	1997	1996		

a) Descripción de la zona en donde se realizó la liberación;

Previo a obtener el estatus de des-regulado ante la APHIS, el maíz SYN-BT-Ø11-1 fue liberado en las zonas agrícolas de los siguientes estados de la Unión Americana y adicionalmente en una provincia de Canadá[57]

Tabla 28. Estados de la Unión Americana en los que se libero maíz SYN-BT-Ø11-1, previo a la de-regulación**.**

Estado	Tipo de Ecoregiones	Número aprobación de las liberaciones
Carolina del Norte	Bosques templados del Este	95-065-18n
Colorado	Grandes Planicies/Montañas Boscosas Noroccidentales/ Desiertos de Norteamérica	95-068-04n
Dakota del	Grandes Planicies	95-068-15n

[57] Visitar: http://www.isb.vt.edu/cfdocs/fieldtests2.cfm

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Norte		
Dakota del Sur	Grandes Planicies	95-068-21n
Delaware	Bosques templados del Este	95-068-05n
Georgia	Bosques templados del Este	95-065-13n
Hawái	Trópico	93-127-01n, 93-237-03n, 94-112-01n, 94-237-01n, 95-052-05n, 95-068-06n
Idaho	Montañas Boscosas Noroccidentales/ Desiertos de Norteamérica	95-068-07n
Illinois	Bosques templados del Este	92-017-03r, 93-014-03r, 94-080-04n, 95-068-08n
Indiana	Bosques templados del Este	94-080-04n, 95-068-09n
Iowa	Bosques templados del Este/ Grandes Planicies	93-014-03r, 94-080-04n, 95-065-14n
Kansas	Grandes Planicies	95-065-15n
Kentucky	Bosques templados del Este	93-014-03r, 94-080-04n, 95-065-16n
Maryland	Bosques templados del Este	95-068-10n
Michigan	Bosques templados del Este/Bosques Septentrionales	94-080-04n, 95-052-05n, 95-068-11n
Minnesota	Bosques templados del Este/ Bosques Septentrionales/ Grandes Planicies	92-017-03r, 94-080-05n, 95-068-12n
Mississippi	Bosques templados del Este	94-069-01n, 95-060-02n
Missouri	Bosques templados del Este/Grandes Planicies	94-080-04n, 95-065-17n
Montana	Grandes Planicies/ Montañas Boscosas Noroccidentales	95-068-13n
Nebraska	Grandes Planicies	93-014-03r, 94-080-04n, 95-068-14n
Nueva York	Bosques templados del Este/ Bosques Septentrionales	95-068-17n
Ohio	Bosques templados del Este	93-014-03r, 94-080-04n, 95-068-18n
Pennsylvania	Bosques templados del Este/ Bosques Septentrionales	93-014-03r, 95-068-20n
Puerto Rico	Trópico	92-169-02r, 93-238-01n, 94-245-02n, 94-347-04n, 95-068-25n
Tennessee	Bosques templados del Este	95-065-19n
Texas	Bosques templados del Este/Grandes Planicies/Desiertos de Norteamérica	95-058-17n
Virginia	Bosques templados del Este/Sierras Templadas	95-068-22n
Washington	Montañas Boscosas Noroccidentales/Bosque Costero Occidental/ Desiertos de Norteamérica	95-068-23n
Wisconsin	Bosques templados del Este	93-014-03r, 94-080-04n, 95-068-24n

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

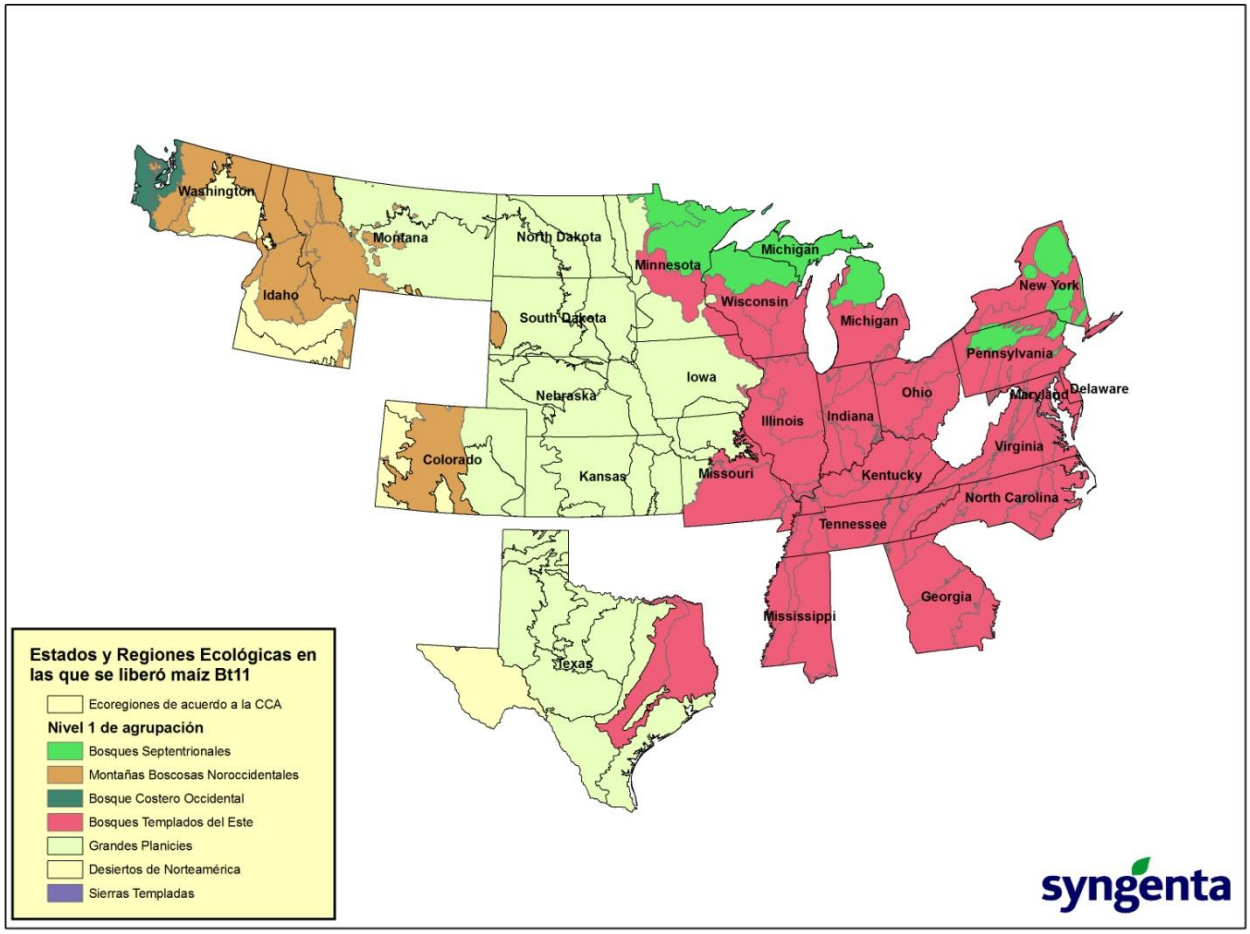


Figura 40. Mapa de los Estados de la Unión Americana en los que se liberó maíz SYN-BT-Ø11-1. Datos de la página de APHIS. Cartografía empleada: "Regiones Ecológicas de América del Norte", CCA, 2006. "Generalización de los Estados de USA", ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1:20,000,000.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Previo a obtener el estatus de des-regulado ante la APHIS, el maíz SYN-IR162-4 fue liberado en las zonas agrícolas de los siguientes estados de la Unión Americana:[58]

Tabla 29. Estados de la Unión Americana en los que se libero maíz SYN-IR162-4, previo a la de-regulación**.**

Año	Estados	Notificación USDA
1999	Illinois	99-032-02r
2000	Hawái	00-024-02r
2001	Arkansas, Florida, Idaho, Illinois, Minnesota, Puerto Rico	01-022-07r/m
2002	Illinois. Minnesota, Missouri	022-022-01r/m
2002	Hawái	02-022-02r/m
2003	Arizona, California, Florida, Iowa, Illinois, Kansas, Minnesota, Missouri, Mississippi, Carolina del Norte, Nebraska, Puerto Rico, Texas, Wisconsin	03-021-01r/m
2004	Florida, Hawái, Iowa, Illinois, Minnesota, Puerto Rico, Wisconsin	04-072-06n
2004	Puerto Rico	04-203-05n
2005	Arkansas, California, Florida, Hawái, Iowa, Illinois, Indiana, Kansas, Kentucky, Louisiana, Maryland, Minnesota, Carolina del Norte, Nebraska, New York, Ohio, Pennsylvania, Puerto Rico, Texas, Virginia, Wisconsin	05-062-02n
2005	Hawái	05-104-09n
2005	Ohio	05-117-07n
2005	Hawái	05-255-03n
2006	California, Colorado, Florida, Hawái, Iowa, Illinois, Indiana, Kansas, Lousiana, Minnesota, Mississippi, Nebraska, New York, Ohio, Puerto Rico, Dakota del Sur, Texas, Wisconsin	06-055-08n
2006	Illinois	06-059-07n
2006	Puerto Rico	106-284-101n
2006	Hawái	06-284-102n
2007	Florida, Georgia, Idaho, Minnesota	07-032-104n
2007	Arkansas, Colorado, Delaware, Florida, Georgia, Hawái, Idaho, Illinois, Indiana, Iowa, Kansas, Kentucky, Lousiana, Maine, Maryland, Minnesota, Missouri, Nebraska, Carolina del Norte, Ohio, Puerto Rico, Dakota del Sur, Texas, Virginia, Wisconsin,	07-043-109n
2007	Hawái, Iowa, Illinois, Minnesota, Nebraska, Puerto Rico, Tennessee, Wisconsin	07-050-101n
2007	Iowa	07-166-101n

[58] Visitar: http://www.isb.vt.edu/cfdocs/fieldte_sts2.cfm

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

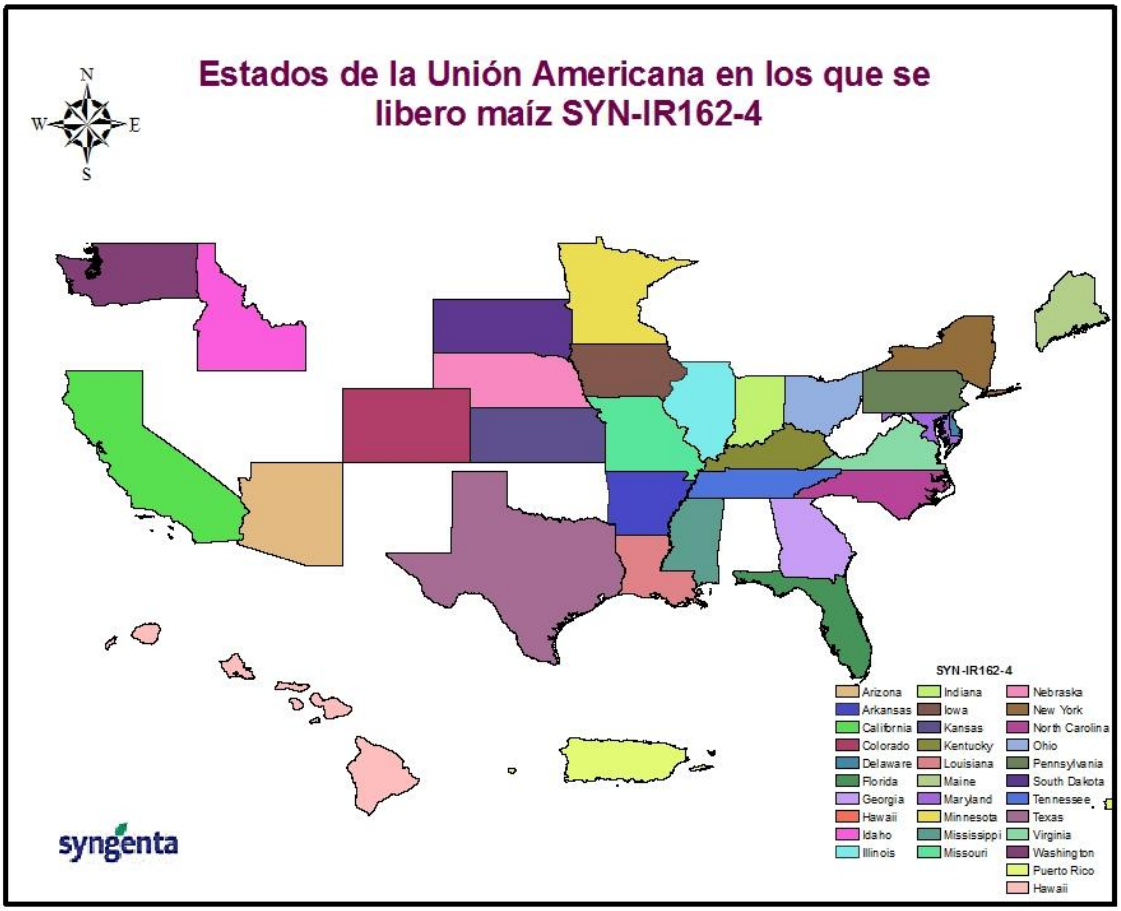


Figura 29: **Mapa de los Estados de la Unión Americana en los que se liberó maíz** SYN-IR162-4. Datos de la página de APHIS. Cartografía empleada: "Generalización de los Estados de USA", ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1:20,000,000.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Previo a obtener el estatus de des-regulado ante la APHIS, el maíz MON-ØØØ21-9 fue liberado en las zonas agrícolas de los siguientes estados de la Unión Americana:[59]

Tabla 30. Estados de la Unión Americana en los que se libero maíz MON-ØØØ21-9 , previo a la de-regulación**.**

Año	Localización	Notificación USDA
1994	Maui, HI	94-182-03N
1995	Maui, HI	94-283-02N
1995	Champaign, IL	95-074-01N
1996	New London, CT	96-137-02N
1996	Maui, HI	95-158-01N, 96-241-02N
1996	Champaign, IL	96-071-07N
1996	DeKalb, IL	96-071-07N
1996	Jersey, IL	96-071-07N
1996	Warren, IL	96-071-07N
1996	Yauco, PR	96-278-02N

[59] Visitar: http://www.isb.vt.edu/cfdocs/fieldte_sts2.cfm

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

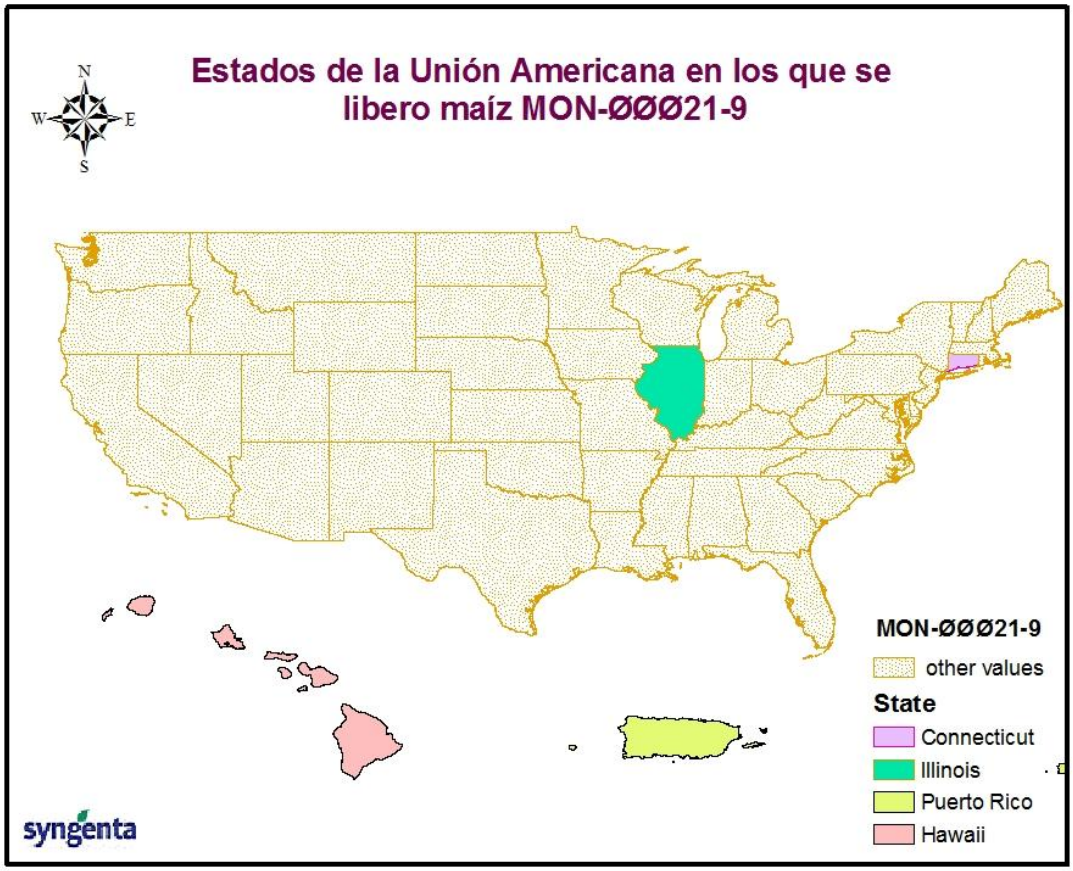


Figura 29: **Mapa de los Estados de la Unión Americana en los que se liberó maíz MON-ØØØ21-9**. Datos de la página de APHIS. Cartografía empleada: "Generalización de los Estados de USA", ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1:20,000,000.

b) Efectos de la liberación sobre la flora y la fauna;

El híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 fue producido mediante el cruzamiento convencional de los eventos parentales de maíz BT11 (SYN-BTØ11-1), MIR604 (SYN-IR162-4) y GA21 (MON-ØØØ21-9), utilizando técnicas tradicionales de cultivo. Asimismo, y para corroborar la herencia de los rasgos, se realizaron análisis Southern para confirmar la integridad de los insertos de las líneas parentales de maíz BT11, MIR162 y GA21 en el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21, encontrándose que estos se heredaron sin ninguna modificación no esperada.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

A continuación se expone lo referente a los eventos parentales del híbrido de maíz BT11 x MIR162 x GA21:

Como se describió en el documento preparado por Northrup King en 1995, en la sección V, titulada: *"Description of the phenotype of the Regulated Article"*, en la que se concluye sobre las liberaciones de BT11, llevadas a cabo en los estados arriba mencionados, no se encontraron diferencias significativas sobre los siguientes parámetros:

- Adquisición de características de maleza o de incrementarla en especies con las que puede entrecruzar
- No hubo impactos negativos en los cambios de prácticas agrícolas o de cultivo
- No se encontraron efectos en organismos no blanco
- No se encontraron cambios o efectos en organismos benéficos
- No se encontraron efectos en organismos de suelo
- No se encontraron efectos en aves.
- No se encontraron efectos en invertebrados acuáticos
- No se encontraron efectos en mamíferos

Adicionalmente la APHIS concluyó que "…el maíz BT11 *no tendrá impactos significativos adversos en organismos benéficos a las plantas o a la agricultura, ni organismos no blanco y no afectará a especies amenazadas o especies en peligro de extinción*". APHIS concluyó que el cultivo de la línea de maíz BT11 y cualquier progenie derivada del cruce híbrido con variedades de maíz no transformadas será tan seguro como las líneas de maíz cultivadas de manera tradicional que no están reguladas por la CRF7 parte 340" . Para más detalles favor de revisar la siguiente sección.

Para el caso de la línea parental MIR162 la APHIS concluyó que "…el maíz MIR162 *no tendrá impactos significativos adversos en organismos benéficos a las plantas o a la agricultura, ni organismos no blanco y no afectará a especies amenazadas o especies en peligro de extinción*". APHIS concluyó que el cultivo de la línea de maíz MIR162 y cualquier progenie derivada del cruce híbrido con variedades de maíz no transformadas será tan seguro como las líneas de maíz cultivadas de manera tradicional que no están reguladas por la CRF7 parte 340". Para más detalles favor de revisar la siguiente sección.

Para el caso del evento parental GA21 APHIS concluyó que "…el maíz MON-ØØØ21-9 *no tendrá impactos significativos adversos en organismos benéficos a las plantas o a la agricultura, ni organismos no blanco y no afectará a especies amenazadas o especies en peligro de extinción*" "… APHIS concluyó que el cultivo de la línea de maíz GA21 y cualquier progenie derivada del cruce híbrido con variedades de maíz no transformadas será tan seguro como las líneas de maíz cultivadas de manera tradicional que no están reguladas por la CRF7 parte 340". Para más detalles favor de revisar la siguiente sección.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

c) Estudio de los posibles riesgos de la liberación de los OGMs presentado en el país de origen, cuando haya sido requerido por la autoridad de otro país y se tenga acceso a él. La descripción de las medidas y procedimientos de monitoreo de bioseguridad establecidos deberá incluirse en el estudio.

La solicitud de des-regulación[60] ante la USDA-APHIS se presentó el 13 de julio de 1995 (Ver archivo anexo: 05-097-001.pdf)[61], en el que se presentó el estudio de los posibles riesgos por la liberación del maíz SYN-BT-Ø11-1 **en Estados Unidos de Norteamérica**, al que la APHIS contestó oficialmente (Ver archivo anexo: 95_19501p_com.pdf) concluyendo que:

"La APHIS ha evaluado la información de la literatura científica, así como los datos sometidos por Northup King Co. Que caracterizan al maíz BT11. Después de un análisis cuidadoso la APHIS ha identificado que no hay impactos significativos al medio ambiente por la expedición de una determinación de que el maíz BT11 no debiera ser más un artículo regulado bajo la regulación de la APHIS en el CFR 7 parte 340. Este hallazgo está basado en las siguientes conclusiones:

1. *El maíz BT11 no presenta propiedades patogénicas. Aunque el ADN de organismos patogénicos fueron empleados en su desarrollo, las plantas de maíz no fueron infectadas por esos organismos ni estas plantas pueden incitar enfermedades en otras plantas.*

2. *El maíz BT11 no es más probable que se vuelva una maleza que un maíz resistente a insectos que potencialmente pudiera ser desarrollado mediante métodos de mejoramiento tradicional. El maíz no es una maleza común, seria o principal en los Estados Unidos y no hay razones para pensar que la resistencia a insectos pudiera permitirle al maíz volverse una plaga de maleza.*

3. *Existen múltiples barreras que asegura que la introgresión del maíz BT11 en plantas silvestres es extremadamente improbable, y que dichos eventos extraños*

[60] De-regulación: Cualquier persona puede solicitar a la APHIS que ésta determine si un organismo GM regulado ya no debe ser regulado por la autoridad. La petición contiene información científica que evalúa la APHIS y ésta permite que el público aporte cometarios antes de tomar una decisión. La APHIS concede el estado de no-regulado si organismo GM no plantea riesgos de volverse plaga a los cultivos, comparado con una planta equivalente al organismo no GM. El estatus de no regulado significa que los permisos y las notificaciones ya no son necesarios para la introducción de este organismo al ambiente y que se puede comercializar para su siembra, uso y consumo. Ver: http://www.aphis.usda.gov/biotechnology/submissions.shtml

[61] Este documento es de libre acceso en su idioma original a través de la siguiente páginas de internet: http://www.agbios.com/docroot/decdocs/05-097-001.pdf . En la siguiente página se pueden encontrar también las decisiones de los gobiernos en las que se ha solicitado su siembra o liberación al medio ambiente: http://bch.cbd.int/database/record.shtml?id=14797

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

no debería incrementar el potencial de convertirse en maleza de cualquier progenie resultante

4. *El maíz BT11 es sustancialmente equivalente en composición, calidad y otras características al maíz no transgénica y no debería tener impactos adversos en materias primas o mercancías agrícolas procesadas.*

5. *El maíz BT11 no tendrá impactos significativos adversos en organismos benéficos a las plantas o a la agricultura, ni organismos no blanco y no afectará a especies amenazadas o especies en peligro de extinción."*

Por lo tanto, después de revisar las evidencias disponibles, la APHIS concluye que el maíz BT11 será tan seguro de cultivar como el maíz no transgénico, que no es sujeto de regulación bajo el código 7 del CFR Parte 340, y que no debería haber ningún impacto significativo sobre el medio ambiente humano, si el maíz BT11 no se considera más un artículo reglamentado en virtud de su regulación (7 CFR Parte 340)."

La solicitud de desregulación para el evento SYN-IR162-4 [62] ante la USDA-APHIS se presentó el 13 de Enero de 2010 (Ver archivo anexo: 01-290-061.pdf)[63], en el que se presentó el estudio de los posibles riesgos por la liberación del maíz MON-ØØØ21-9 **en Estados Unidos de Norteamérica**, al que la APHIS contestó oficialmente (Ver archivo anexo: 95_19501p_com.pdf) concluyendo que:

"…el maíz MIR162 *no tendrá impactos significativos adversos en organismos benéficos a las plantas o a la agricultura, ni organismos no blanco y no afectará a especies amenazadas o especies en peligro de extinción*". APHIS concluyó que el cultivo de la línea de maíz MIR162 y cualquier progenie derivada del cruce híbrido con variedades de maíz no transformadas será tan seguro como las líneas de maíz cultivadas de manera tradicional que no están reguladas por la CRF7 parte 340".

La solicitud de desregulación para el evento MON-ØØØ21-9 [64] ante la USDA-APHIS se presentó el 19 de Abril de 1997 (Ver archivo anexo: 01-290-061.pdf)[65], en el que se

[62] De-regulación: Cualquier persona puede solicitar a la APHIS que ésta determine si un organismo GM regulado ya no debe ser regulado por la autoridad. La petición contiene información científica que evalúa la APHIS y ésta permite que el público aporte cometarios antes de tomar una decisión. La APHIS concede el estado de no-regulado si organismo GM no plantea riesgos de volverse plaga a los cultivos, comparado con una planta equivalente al organismo no GM. El estatus de no regulado significa que los permisos y las notificaciones ya no son necesarios para la introducción de este organismo al ambiente y que se puede comercializar para su siembra, uso y consumo. Ver: http://www.aphis.usda.gov/biotechnology/submissions.shtml

[63] Este documento es de libre acceso en su idioma original a través de la siguiente páginas de internet: http://www.agbios.com/docroot/decdocs/01-290-061.pdf . En la siguiente página se pueden encontrar también las decisiones de los gobiernos en las que se ha solicitado su siembra o liberación al medio ambiente: http://bch.cbd.int/database/record.shtml?id=14797

[64] De-regulación: Cualquier persona puede solicitar a la APHIS que ésta determine si un organismo GM regulado ya no debe ser regulado por la autoridad. La petición contiene información científica que evalúa la APHIS y ésta permite que el público aporte cometarios antes de tomar una decisión. La APHIS concede el estado de no-regulado si organismo GM no plantea riesgos de volverse plaga a los cultivos, comparado con una planta equivalente al organismo no GM. El estatus de no regulado significa que los permisos y las notificaciones ya no son necesarios para la introducción de este organismo al ambiente y que se puede comercializar para su siembra, uso y consumo. Ver: http://www.aphis.usda.gov/biotechnology/submissions.shtml

[65] Este documento es de libre acceso en su idioma original a través de la siguiente páginas de internet: http://www.agbios.com/docroot/decdocs/01-290-061.pdf . En la siguiente página se pueden encontrar también las decisiones de los

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

presentó el estudio de los posibles riesgos por la liberación del maíz MON-ØØØ21-9 **en Estados Unidos de Norteamérica**, al que la APHIS contestó oficialmente (Ver archivo anexo: 95_19501p_com.pdf) concluyendo que:

"La APHIS ha evaluado la información de la literatura científica, así como los datos sometidos por Monsanto Co y Dekalb Genetics. Que caracterizan al maíz MON-ØØØ21-9 *. Después de un análisis cuidadoso la APHIS ha identificado que no hay impactos significativos al medio ambiente por la expedición de una determinación de que el maíz* MON-ØØØ21-9 *no debiera ser más un artículo regulado bajo la regulación de la APHIS en el CFR 7 parte 340. Este hallazgo está basado en las siguientes conclusiones:*

6. *El maíz GA21 no presenta propiedades patogénicas. Aunque el ADN de organismos patogénicos fueron empleados en su desarrollo, las plantas de maíz no fueron infectadas por esos organismos ni estas plantas pueden incitar enfermedades en otras plantas.*

7. *El maíz GA21 no tiene más probabilidades de convertirse en hierba que el maíz desarrollado con técnicas tradicionales de cultivo. El maíz no es una maleza común, seria o principal en los Estados Unidos y no hay razones para pensar que la resistencia a insectos pudiera permitirle al maíz volverse una plaga de maleza.*

8. *El maíz GA21 no es probable que aumente las posibilidades de que otras especies cultivadas o silvestres con las que pueda cruzarse se conviertan en hierba.*

9. *El maíz GA21 es sustancialmente equivalente en composición, calidad y otras características al maíz no transgénico y no debería tener impactos adversos en materias primas o mercancías agrícolas procesadas.*

10. *El maíz GA21 no tendrá impactos significativos adversos en organismos benéficos a las plantas o a la agricultura, ni organismos no blanco y no afectará a especies amenazadas o especies en peligro de extinción."*

Por lo tanto, después de revisar las evidencias disponibles, la APHIS concluye que el maíz GA21 será tan seguro de cultivar como el maíz no transgénico, que no es sujeto de regulación bajo el código 7 del CFR Parte 340, y que no debería haber ningún impacto significativo sobre el medio ambiente humano, si el maíz GA21 no se considera más un artículo reglamentado en virtud de su regulación (7 CFR Parte 340)."

Abajo se enlistan varios estudios de riesgo llevados a cabo por las autoridades competentes de diversos países sobre el uso y adopción de la línea de maíz Bt11 x MIR162 x GA21 con tolerancia a herbicida glifosato**.**

Decisiones sobre la línea parental Bt11

gobiernos en las que se ha solicitado su siembra o liberación al medio ambiente: http://bch.cbd.int/database/record-v4.shtml?documentid=14794

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Australia New Zeland Food Authority	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/2001079-A.pdf
Canadian Food Inspection Agency, Plant Biotechnology Office	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/01-290-043.pdf
Comissão Técnica Nacional de Biossegurança - CTNBio	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/08-179-001.pdf
European Commission	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/06-286-019.pdf
European Commission Press Release	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/04-166-003.pdf
European Commission Scientific Committee on Plants	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/04-166-003.pdf
European Commission: Community Register of GM Food and Feed	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/01-290-044.pdf
European Commission: Scientific Committee on Food	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/06-286-020.pdf
Japanese Biosafety Clearing House, Ministry of Environment	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/07-122-003.pdf
Philippines Department of Agriculture, Bureau of Plant Industry	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-131-007.pdf
THE COMMISSION OF THE EUROPEAN COMMUNITIES	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/01-290-045.pdf
U.S. Food and Drug Administration	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/bnfL017.pdf
USDA-APHIS Environmental Assessment	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/01-290-046.pdf
USDA-APHIS Petition	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/05-097-001.pdf

Decisiones sobre la línea parental MIR162

Ministério da Ciência e Tecnologia - MCT Comissão Técnica Nacional de Biossegurança - CTNBio Secretaria Executiva	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-276-001.pdf
Food Standards Australia New Zealand (FSANZ)	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-050-003.pdf
Australia New Zealand Food Standards Code – Amendment No. 106 – 2009	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-050-004.pdf
Petition for Determination of Nonregulated Status for Insect-Resistant MIR162 Maize	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/10-024-001.pdf
U.S. Environmental Protection Agency	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/10-024-001.pdf
Food and Drug Administration (FDA)	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-050-001.pdf
The Environmental Protection Agency (EPA)	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-050-002.pdf

Decisiones sobre la línea parental GA21

Australia New Zealand Food Authority	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/01-290-058.pdf

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Australia New Zealand Food Authority	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/01-290-058.pdf
Canadian Food Inspection Agency, Plant Biotechnology Office	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/01-290-060.pdf
Comissão Técnica Nacional de Biossegurança - CTNBio (Brazil)	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-060-004.pdf
European Commission. Placing on the market of foods and food ingredients produced from genetically modified Roundup Ready maize line GA21	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/06-286-011.pdf
European Commission. Placing on the market of products containing, consisting of, or produced from genetically modified maize GA21 (MON-ØØØ21-9)	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/08-094-001.pdf
European Commission. Opinion of the Scientific Committee on Food on the safety	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/06-031-001.pdf
European Commission. Committee on Plants	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/2001093-a.pdf
European Commission: Community Register of GM Food and Feed.	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/06-286-012.pdf
Japanese Biosafety Clearing House, Ministry of Environment	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/06-291-009.pdf
Office of Food Biotechnology, Health Canada	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/ofb-099-133-a.pdf
Philippines Department of Agriculture, Bureau of Plant Industry	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-131-004.pdf
Secretaria de Agricultura, Ganaderia, Pesca y Alimentos: Republica Argentina	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/05-291-003.pdf
U.S. Department of Agriculture, Animal and Plant Health Inspection Service	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/04-225-008.pdf
US Food and Drug Administration	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/bnfM051.pdf
USDA-APHIS Environmental Assessment	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/01-290-061.pdf

Evaluaciones de riesgo llevadas a cabo por otras autoridades:

1. Advisory Committee on Novel Foods and Processes A (2000) ACNFP Report on grain from maize genetically modified for insect resistance. 1-13

2. Australian New Zealand Food Authority A (2000) DRAFT FINAL RISK ANALYSIS REPORT -APPLICATION A386 - Food derived from insect-protected, herbicide-tolerant Bt-11 corn. In. ANZFA, pp 1-82

3. Canadian Food Inspection Agency PHaPD, Plant Biosafety Office (1996) Decision Document DD96-12 : determination of environmental safety of Northrup King Seeds' European corn borer (ECB) resistant corn (Zea mays L.). 1-8

4. California EPA. (1997). Public health goal for glyphosate in drinking water. Pesticide and Environmental Toxicology Section, Office of Environmental Health Hazard

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Assessment, California Environmental Protection Agency. Url: http://www.oehha.ca.gov/water/phg/pdf/glypho_c.pdf

5. Carlisle, S.M. & Trevors, J.T. (1988). Glyphosate in the Environment. Water, Soil and Air Pollution 39, 409-420. Pesticides in water: Report of The Working Party on the Incidence of Pesticides in Water, Department of the Environment, HMSO, May 1996.

6. Comissão Técnica Nacional de Biossegurança - CTNBio (Brasil, 2009) Technical Opinion No. 2042/2009 URL: http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-276-001.pdf

7. European Commission (2002). Report for the Active Substance Glyphosate, Directive 6511/VI/99, Jan. 21. Url: http://europa.eu.int/comm/food/fs/ph_ps/pro/eva/existing/list1_en.htm.

8. European Food Safety Authority, 2005. Opinion of the Scientific Panel on Genetically Modified Organisms on a request from the Commission related to the notification (Referente C/F/96/05.10) for the placing on the market of insect resistant genetically modified maize BT11, for cultivation, feed and industrial processing, under Part C of Directive 2001/18/EC from Syngenta Seeds (Question No EFSA-Q-2004-012) Opinion adopted on 20 April 2005. The EFSA Journal (2005) 213, 1-33. http://www.efsa.eu.int/science/gmo/gmo_opinions/922/gmo_opinion_ej213_BT11maize_cultivation_en1.pdf

9. European Food Safety Authority, 2009. Opinion on application reference EFSA-GMO-RX-BT11 for renewal of the authorisation of existing products produced from insect-resistant genetically modified maize BT11, under Regulation (EC) No 1829/2003 from Syngenta. Scientific Opinion. Scientific Opinion of the Panel on Genetically Modified Organisms (Question No EFSA-Q-2007-146) Adopted on 28 January 2009. http://www.gmo-compass.org/pdf/regulation/maize/BT11_maize_assessment_renewal.pdf

10. EPA (2000) Biopesticide Fact Sheet - Bacillus thuringiensis Cry1Ab delta-endotoxin and the genetic material necessary for its production (Plasmid Vector pZO1502) in corn BT11. 1-26 EPA (2001) Biopesticides Registration Action Document - Bacillus thuringiensis Plant-Incorporated Protectants. I1-VII. Health Canada FD, Health Protection Branch (1999) Novel food information - Food Biotechnology - insect resistant and herbicide tolerant corn BT11. In, pp 1-3

11. EXTOXNET (2001) Glyphosate profile. URL: http://ace.ace.orst.edu/info/extoxnet/pips/ghindex.html.

12. Food Standards Australia New Zealand (2009). Application A1001 Food Derived from Insect-Protected Corn Line MIR162: Assessment Report. URL: http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-050-003.pdf

13. Franz, J.E., Mao, M.K. & Sikorski, J.A. (1997). Glyphosate: A Unique Global Herbicide. ACS Monograph No. 189. American Chemical Society. Washington, DC.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

14. Giesy, J.P., Dobson, S. & Solomon, K.R. (2000). Ecotoxicological risk assessment for Roundup herbicide. Reviews of Environmental Contamination and Toxicology 167: 35-120.

15. Kishore, G. & Shah, D. (1988). Amino acid biosynthesis inhibitors as herbicides. Annu. Rev. Biochem. 57:627-663.

16. Levin, J.G. & Sprinson, D.B. (1964). The enzymatic formation and isolation of 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate. J. Biol. Chem. 239:1142-1150.

17. Moshier, L.J., Penner, D. (1978). Factors influencing microbial degradation of 14C-glyphosate to 14CO2 in soil. Weed Science 26(6): 686-91.

18. Nida, D.L., Kolacz, K.H., Buehler, R.E., Deaton, W.R., Schuler, W.R., Armstrong, T.A., Taylor, M.L., Ebert, C.C. and Rogan, G.J. (1996). Glyphosate-tolerant cotton: Genetic characterization and protein expression. J. Agric. Food Chem. 44(7):1960-1966.

19. Padgette, S.R., Kolacz, K.H., Delannay, X., Re, D.B., La Vallee, B.J., Tinius, C.N., Rhodes, W.K., Otero, Y.I., Barry, G.F., Eichholtz, D.A., Peschke, V.M., Nida, D.L., Taylor, N.B. and Kishore, G.M. (1995). Development, identification, and characterization of a glyphosate-tolerant soybean line. Crop Science 35(5): 1451-1461.

20. Scientific-Committee-on-Plants (1998) Opinion of the Scientific Committee on Plants on the genetically modified maize lines notified by the Novartis Company. 1-5.

21. Scientific-Committee-on-Plants (2000) Opinion concerning a submission from the Italian authorities raising concerns for the safety of certain products approved under the notification procedure of regulation (EC) 258/97 (expressed on 7 September 2000). In. Scientific-Committee-on-Plants, pp 1-5

22. Scientific-Committee-on-Plants (2000) Opinion of the Scientific Committee on Plants on the submission for placing on the market of genetically modified insect resistant and glufosinato ammonium tolerant (BT11) maize for cultivation. Notified by Novartis Seeds Sa Company (notification C/F/96/05-10) - (Opinion adopted by the Scientific Committee on Plants on 30 November 2000). 1-10

23. Speth, T.F. (1994). Glyphosate removal from drinking water. J. Envir. Engr. 119: 1139-1157.

24. USDA/APHIS (1996) USDA/APHIS Petition 95-195-01 for determination of nonregulated status for BT11 corn. 1-11

25. USDA/APHIS (2010) Petition for Determination of Nonregulated Status for Insect-Resistant MIR162 Maize. URL: http://cera-gmc.org/docs/decdocs/10-024-001.pdf

26. USDA/FDA BVK (1996) Note to file (BNF0017). In, pp 1-3

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

27. US/FDA (2008). Biotechnology Consultation Agency Response Letter BNF No. 000113 y Biotechnology Consultation Note to the File BNF No. 000113 http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-050-001.pdf y http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-050-002.pdf

28. U.S. EPA (1993) Re-registration Eligibility Decision (RED): Glyphosate. U.S. Environmental Protection Agency. Office of Prevention, Pesticides and Toxic Substances. Washington, D.C.

29. U.S. EPA (2000). Drinking water standards and health advisories. EPA 822-B-00-001. Office of Water, U.S. Environmental Protection Agency.

    URL: http://www.epa.gov/waterscience/drinking/standards/dwstandards.pdf

30. U.S. EPA (2009). Bacillus thuringiensis Cry1Ab Delta-Endotoxin Protein and the Genetic Material Necessary for Its Production (via Elements of Vector pZO1502) in Event Bt11 Corn (OECD Unique Identifier: SYNBTØ11-1)(006444) & Bacillus thuringiensis Vip3Aa20 Insecticidal Protein and the Genetic Material Necessary for Its Production (via Elements of Vector pNOV1300) in Event MIR162 Maize (OECD Unique Identifier: SYN-IR162-4) (006599) Fact Sheet.

    URL: http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-131-024.pdf

31. WHO (1994). Glyphosate. Environmental Health Criteria No. 159. World Health Organization¸ International Programme of Chemical Safety (IPCS), Geneva.

32. WHO (1997). Rolling Revisions of WHO Guidelines for Drinking Waster Quality Report of Working Group Meeting on Chemical Substances for the Updating of WHO Guidelines for Drinking Water Quality. World Health Organization, Geneva.

33. Williams, G.M., Kroes, R. & Munro, I.C. (2000). Safety evaluation and risk assessment of the herbicide Roundup and its active ingredient, glyphosate, for humans. Regulatory Toxicology and Pharmacology 31: 117-165.

d) En caso de que el promovente lo considere adecuado, otros estudios o consideraciones en los que se analicen tanto la contribución del OGM a la solución de problemas ambientales, sociales, productivos o de otra índole, así como las consideraciones socioeconómicas que existan respecto de la liberación de OGMs al ambiente. Estos análisis deberán estar sustentados en evidencias científicas y técnicas, en los antecedentes sobre uso, producción y consumo, y podrán ser considerados por las Secretarías competentes como elementos adicionales para decidir sobre la liberación experimental al ambiente, y consecuentes liberaciones al ambiente en programa piloto y comercial, respectivamente, del OGM de que se trata.

Diversos estudios en impactos económicos de los cultivos GM resistentes a insectos han revelado beneficio para los agricultores, muchos de ellos cuando los rendimientos se ven

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

comprometidos debido a la alta incidencia de plagas o malezas, o cuando las plagas presentes han desarrollado resistencia a algunos plaguicidas. Los beneficios relacionados a la adopción de los cultivos Bt pueden comprender tanto altos rendimientos como una significante reducción en la aplicación de insecticidas para el control de las plagas.

Dado que el control que se logra de las plagas con los cultivos Bt es generalmente más efectiva que los insecticidas químicos, las disminuciones de rendimiento son menores en los cultivos Bt comparados con los cultivos convencionales tratados con insecticidas químicos. Los cultivos Bt proveen un control sobre las plagas simple y confiable, ya que la planta está constantemente expresando la proteína insecticida a lo largo de toda la temporada de crecimiento, mientras que la eficacia de los tratamientos con insecticidas es a menudo menor debido a condiciones ambientales desfavorables y dificultades en valorar el momento adecuado para la aplicación. (Sanvido O. *et al*., 2006).

Otra motivación para el cultivo de maíz Bt, es la reducción en contaminación por micotoxinas. Los hongos del género Fusarium son patógenos comunes del maíz y también son conocidos por producir micotoxinas, que pueden ser peligrosos tanto para la salud humana como animal. (Bakan *et al*. 2002). El daño por insectos es uno de los factores que predispone al maíz a la contaminación con micotoxinas debido a que los insectos crean lesiones en los granos que promueven la colonización fungal y además los insectos en sí mismos son vectores de las esporas de los hongos (Wu F. 2006). Por lo tanto la protección del maíz Bt al ataque de las plagas de lepidópteros evita la formación de puntos de entrada para los hogos toxigénicos.

Se ha demostrado que el maíz Bt posee menor podredumbre de mazorca y contaminación por fumonisina comparado contra plantas de maíz convencional, lo que podría indicar, que bajo ciertas condiciones el uso de maíz Bt podría asegurar la inocuidad humana y animal debido a la disminución de los riesgos por consumo de micotoxinas (Munkvold *et al*. 1999).

Asimismo, recientemente un grupo de científicos de la República Checa publicó un documento expresando su opinión respecto de la experiencia de la Unión Europea en el uso/cultivo de organismos genéticamente modificados dentro de la Comunidad, a lo que a continuación nos permitimos exponer lo referente al resumen de dicho documento:

La regulación para la biotecnología agrícola tiene dos consecuencias socioeconómicas, inmediatas y a largo plazo, y que afectan a la sostenibilidad de los agroecosistemas. Las autoridades son responsables de la formulación de las normas mientras que los científicos deben proporcionar los datos necesarios para tomar decisiones prudentes.

Todas las actividades humanas tienen un cierto riesgo; el riesgo cero no existe, pero el riesgo relativo se puede estimar cuando se observan las dos siguientes condiciones:

1) El riesgo es la probabilidad de que ocurra un daño o peligro; el término probabilidad por definición expresa la incertidumbre, por ejemplo, refleja el hecho de que cierta información no está disponible. La adhesión al "principio de precaución" refleja la falta de voluntad para considerar, o incompetencia para llevar a cabo una evaluación de riesgo justa.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

2) La evaluación de riesgos debe ir acompañada de la evaluación de los beneficios realizados en las mismas condiciones y con una metodología idéntica. La relación beneficio / riesgo es esencial para la identificación de riesgos aceptables como de información crucial para la toma de decisiones.

Los riesgos y beneficios de los cultivos GM sólo pueden ser evaluados por comparación con las variedades convencionales no transgénicas, ambos cultivados usando procedimientos estándar, incluidas las aplicaciones de insecticidas, herbicidas, etc. La ausencia de un comparador adecuado hace que los datos obtenidos a partir de cultivos GMs no tengan sentido.

Inevitablemente, la agricultura ha convertido a los ecosistemas naturales y diversificados en agroecosistemas basados sólo en monocultivo que a veces son explotados hasta el punto de causar daños irreversibles. La evaluación del impacto ambiental de las nuevas tecnologías es dictada por la necesidad de mitigar este daño en aras de la sostenibilidad agrícola. Los cultivos GM deberían ser examinados como cualquier otra tecnología en cuanto a posibles efectos en las comunidades de organismos en los ecosistemas, en particular sobre las especies que son esenciales para "servicios ecológicos" (control de plagas, ventilación de suelos, formación de humus, etc.) o servir como indicadores de la conservación de la biodiversidad.

Nuevos cultivares traen al ecosistema una nueva configuración genética; la posible transferencia de genes entre plantas sexualmente compatibles debe ser examinada en todos ellos.

Se debe tener cuidado en discriminar entre el impacto de las variedades vegetales y el de la agricultura per se, es decir, incluyendo los métodos de manejo del campo, las aplicaciones de productos químicos, la selección de cultivo, la rotación, etc.

El impacto de las nuevas tecnologías puede ser positivo o negativo; no hay razón para clasificar a priori algunas tecnologías como negativas y peligrosas. Numerosos estudios científicos se han llevado a cabo con cultivos GM y no se han encontrado efectos adversos superiores a los encontrados en la agricultura estándar. Los cultivos GM se han recomendado para los agricultores orgánicos.

Los datos científicos son ignorados en la implantación de la regulación para los cultivos GM. La actitud de las autoridades regulatorias hacia los cultivos GM depende de sus opiniones personales e ideológicas y se ve afectada por acuerdos políticos, disposiciones como los impuestos y subsidios, resultados económicos y los insumos de la agricultura nacional, el nivel de desempleo, la evaluación del comercio internacional con productos agrícolas, estado de ánimo del electorado, etc.

No existen datos científicos que muestren una posición excepcional de las plantas GM con respecto a las técnicas de mejoramiento "clásico". Las medidas regulatorias para los cultivos GM fueron justificables posiblemente hace una década dada la novedad de la técnica de obtención, sin embargo ahora han quedado obsoletas.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

La regulación Europea para los OGMs es comparable con la de los productos químicos tóxicos, explosivos y narcóticos, lo que implica para el público en general y para muchos políticos que los OGMs presentan un nivel similar de peligro. El público debe ser correctamente informado sobre la naturaleza de los diferentes métodos de reproducción, así como sobre los principios de la ciencia ecológica.

Solamente los ciudadanos bien educados son capaces de contribuir en las discusiones relativas a las medidas de seguridad e implantación de cultivos GM. Las prohibiciones científicamente injustificadas en la implantación de los cultivos GM, disminuye la producción agrícola, priva a los agricultores del derecho a elegir lo que quieren cultivar, reduce la competitividad de la Unión Europea en términos de comercio global, y adoctrina a los ciudadanos de la UE a que las nuevas tecnologías se deben evitar. Este es un legado muy peligroso para las generaciones futuras.

Los factores socioeconómicos que afectan el uso de los cultivos GM incluyen la presión de distintos grupos de interés. Todos estos temas son muy volátiles y difíciles de controlar. Las decisiones con base en estos factores deben ser claramente declaradas como políticas, y no deben pretender tener una base científica.

El uso de los cultivos GM se ha propagado rápidamente fuera de Europa. La cooperación con los países en desarrollo en la investigación agrícola debe ser ampliada y con un enfoque en la evaluación de riesgos de las tecnologías de nueva implantación.

Esta declaración resume las sugerencias de los científicos Checos que tienen experiencia práctica con modificaciones genéticas (MG) aplicables, o que ya explotadas, en la agricultura.

Listado de estudios publicados en referencia al maíz SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9.

Se presenta una lista no exhaustiva de estudios conocidos por Syngenta, en los que se evaluó la seguridad ambiental o la eficiencia de la modificación genética para el manejo de plagas. Esta lista puede considerarse una selección de las publicaciones disponibles referidas al líneas parentales que dieron lugar al evento SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9.

1. Cao-guo Yu, *et al*., (1997). The *Bacillus thuringiensis* Vegetative Insecticidal Protein Vip3A Lyses Midgut Epithelium Cells of Susceptible Insects, Applied and Environmental Microbiology, February 1997, p. 532–536.

2. Blackwood CB, Buyer JS (2004) Soil microbial communities associated with Bt and non-Bt corn in three soils. In Journal of Environmental Quality, Vol 33, pp 832-836

3. Doohan JF, Felix J, Jasinski J, Welty C, Kleinhenz MD (2002) Insect management and herbicide tolerance in near-isogenic sister lines of transgenic and non-transgenic sweet corn. In Crop Protection, Vol 21, pp 375-381

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

4. Dutton A, Klein H, Romeis J, Bigler F (2002) Uptake of Bt-toxin by herbivores feeding on transgenic maize and consequences for the predator *Chrysoperla carnea*. Ecol Entomol 27: 441-447

5. Dutton A, Romeis J, Bigler F (2003) Assessing the risks of insect resistant transgenic plants on entomophagous arthropods: Bt-maize expressing Cry1Ab as a case study. In BioControl, Vol 48, pp 611-636.

6. Escher N, Kach B, Nentwig W (2000) Decomposition of transgenic *Bacillus thuringiensis* maize by microorganisms and woodlice *Porcellio scaber* (Crustacea: Isopoda). Basic and Applied Ecology 1: 161-169.

7. Estruch, J. J., G. W. Warren, M. A. Mullins, G. J. Nye, J. A. Craig, and M. G. Koziel. 1996. Vip3A, a novel Bacillus thuringiensis vegetative insecticidal protein with a wide spectrum of activities against lepidopteran insects. Proceedings of the National Academy of Sciences (USA) 93:5389–5394.

8. Fang, Jun., et al., (2007). Characterization of Chimeric *Bacillus thuringiensis* Vip3 Toxins, Applied and Environmental Microbiology, February 2007, p. 956–961.

9. Hanley AV, Huang ZY, Pett WL (2003) Effects of dietary transgenic Bt corn pollen on larvae of *Apis mellifera* and *Galleria mellonella*. In Journal of Apicultural Research, Vol 42, pp 77-81

10. Hellmich RL, Siegfried BD, Sears MK, Stanley Horn DE, Daniels MJ, Mattila HR, Spencer T, Bidne KG, Lewis LC (2001) Monarch larvae sensitivity to *Bacillus thuringiensis*-purified proteins and pollen. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 98: 11925-11930.

11. Huang FN, Buschman LL, Higgins RA, Li HR (2002) Survival of Kansas Dipel-resistant European corn borer (Lepidoptera: Crambidae) on Bt and Non-Bt corn hybrids. Journal of Economic Entomology 95: 614-621.

12. Jesse LCH, Obrycki JJ (2002) Assessment of the non-target effects of transgenic Bt corn pollen and anthers on the milkweed tiger moth, *Euchatias egle* Drury (Lepidoptera: Arctiidae). J. of Kansas Entomological Society 75: 55-58.

13. Keeler, K. 1989. Can genetically engineered crops become weeds? Bio/Technology 7:1134- 1139.

14. Kyong Lee, Mi., et al., (2003). The Mode of Action of the *Bacillus thuringiensis* Vegetative
Insecticidal Protein Vip3A Differs from That of Cry1Ab _-Endotoxin, Applied and Environmental Microbiology, Aug. 2003, p. 4648–4657

15. Losey JE, Rayor LS, Carter ME (1999) Transgenic pollen harms monarch larvae. Nature London 399: 214

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

16. Lynch RE, Hamm JJ, Myers RE, Guyer D, Stein J (2003) Baseline susceptibility of the fall armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) to Cry1Ab toxin: 1998-2000. In Journal of Entomological Science, Vol 38, pp 377-385.

17. Meier MS, Hilbeck A (2001) Influence of transgenic Bacillus thuringiensis corn-fed prey on prey preference of immature *Chrysoperla carnea* (Neuroptera: Chrysopidae). Basic and Applied Ecology 2: 35-44.

18. Miki B, and S. McHugh. 2004. Selectable marker genes in transgenic plants: applications, alternatives and biosafety. Journal of Biotechnology 107:193–232

19. Pons X, Stary P (2003) Spring aphid-parasitoid (Hom., Aphididae, Hym., Braconidae) associations and interactions in a Mediterranean arable crop ecosystem, including Bt maize. In J. Pest Science, Vol 76, pp 133-138.

20. Raps A, Kehr J, Gugerli P, Moar WJ, Bigler F, Hilbeck A (2001) Immunological analysis of phloem sap of *Bacillus thuringiensis* corn and of the nontarget herbivore *Rhopalosiphum padi* (Homoptera: Aphididae) for the presence of Cry1Ab. Molecular Ecology 10: 525-533.

21. Romeis J, Dutton A, Bigler F (2004) Bacillus thuringiensis toxin (CryAb) has no direct effect on larvae of the green lacewing *Chrysoperla carnea* (Stephens) (Neuroptera : Chrysopidae). In Journal of Insect Physiology, Vol 50, pp 175-183.

22. Padgette, S.R., Re, D.B., Barry, G.F., Eichholtz, D.E., Delannay, X., Fuchs, R.L., Kishore, G.M. and Fraley, R.T. (1996). New weed control opportunities: Development of soybeans with a Roundup Ready gene. In: Duke, S.O. (ed.), Herbicide-resistant crops: Agricultural, environmental, economic, regulatory, and technical aspects. CRC Press Inc., Boca Raton, Florida, and London, England, pp. 53-84.

23. Shelton, A. M., J-H. Zhao, and R. T. Roush. 2002. Economic, ecological, food safety, and social consequences of the deployment of Bt transgenic plants. Annual Review of Entomology 47:845-881.

24. Steinrucken, H.C. & Amrhein, N. (1980). The herbicide glyphosate is a potent inhibitor of 5- enolpyruvyl-shikimate-3-phosphate synthase. Biochem. Biophys. Res. Comm. 94:1207-1212.

25. Sullivan DS, Sullivan TP (2000). Non-target impacts of the herbicide glyphosate: A compendium of references and abstracts. 5th Edition. Applied Mammal Research Institute, Summerland, British Columbia, Canada.

26. Saxena D, Flores S, Stotzky G (1999) Insecticidal toxin in root exudates from Bt corn. Nature London 402: 480

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

27. Saxena D, Flores S, Stotzky G (2002) Bt toxin is released in root exudates from 12 transgenic corn hybrids representing three transformation events. Soil Biology and Biochemistry 34: 133-137.

28. Saxena D, Flores S, Stotzky G (2002) Vertical movement in soil of insecticidal Cry1Ab protein from *Bacillus thuringiensis*. Soil Biology and Biochemistry 34: 111-120.

29. Saxena D, Stotzky G (2000) Insecticidal toxin from bacillus thuringiensis is released from roots of transgenic Bt corn in vitro and in situ. FEMS Microbiology Ecology 33: 35-39.

30. Saxena D, Stotzky G (2001) *Bacillus thuringiensis* (Bt) toxin released from root exudates and biomass of Bt corn has no apparent effect on earthworms, nematodes, protozoa, bacteria, and fungi in soil. Soil Biology and Biochemistry 33: 1225-1230.

31. Saxena D, Stotzky G (2001) Bt corn has a higher lignin content than non-Bt corn. American Journal of Botany 88: 1704-1706

32. Saxena D, Stotzky G (2001) Bt toxin uptake from soil plants. Nature Biotechnology 19: 199

33. Scriber J (2001) Bt or not Bt : is that the question? Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 98: 12328-12330

34. Sears MK, Hellmich RL, Stanley Horn DE, Oberhauser KS, Pleasants JM, Mattila HR, Siegfried BD, Dively GP (2001) Impact of Bt corn pollen on monarch butterfly populations: a risk assessment. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 98: 11937-11942

35. Stanley Horn DE, Dively GP, Hellmich RL, Mattila HR, Sears MK, Rose R, Jesse LCH, Losey JE, Obrycki JJ, Lewis L (2001) Assessing the impact of Cry1Ab-expressing corn pollen on monarch butterfly larvae in field studies. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 98: 11931-11936

36. Storer NP, Van Duyn JW, Kennedy GG (2001) Life History Traits of *Helicoverpa zea* (Lepidoptera: Noctuidae) on Non-Bt and Bt Transgenic Corn Hybrids in Eastern North Carolina. In Journal of Economic Entomology, Vol 94, pp 1268-1279.

37. U.S. EPA (1992). Pesticide tolerance proposed rule. Federal Register 57: 8739-8740.

38. Wandeler H, Bahylova J, Nentwig W (2002) Consumption of two Bt and six non-Bt corn varieties by the woodlouse Porcellio scaber. Basic and Applied Ecology 3: 357-365.

39. Williams, G.M., Kroes, R. & Munro, I.C. (2000). Safety evaluation and risk assessment of the herbicide Roundup and its active ingredient, glyphosate, for humans. Regulatory Toxicology and Pharmacology 31: 117-165.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

40. Wu, F., J. D. Miller, and E. A. Casman. 2004. The economic impact of Bt corn resulting from mycotoxin reduction. Journal of Toxicology 23:397-424.

41. Zwahlen C, Hilbeck A, Gugerli P, Nentwig W (2003) Degradation of the Cry1Ab protein within transgenic *Bacillus thuringiensis* corn tissue in the field. Molecular Ecology 12: 765-775.

42. Zwahlen C, Hilbeck A, Howald R, Nentwig W (2003) Effects of transgenic Bt corn litter on the earthworm *Lumbricus terrestris*. Molecular Ecology 12: 1077-1086

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

e) En caso de importación copia legalizada o apostillada de las autorizaciones o documentación oficial que acredite que el OGM está permitido conforme a la legislación del país de origen, al menos para su liberación experimental, traducida al español. La Secretaría competente, de considerarlo necesario, podrá requerir copia simple de la legislación aplicable vigente en el país de exportación traducida al español.

Con el fin de dar cumplimiento al presente requerimiento, se presenta la documentación oficial que acredita que la tecnología SYN-BT-Ø11-1 está permitida en el país de origen (Estados Unidos de Norteamérica) para su comercialización y subsecuente liberación al ambiente:

a) Documento de decisión de la APHIS de conceder la des-regulación al maíz SYN-BT-Ø11-1, objeto de esta solicitud, para su venta comercial como semilla para siembra sin tener que presentar requisitos adicionales. Emitido el 29 de enero de 1996.[66]

b) Se presenta la documentación que acredita que el grano proveniente de variedades de maíz SYN-BT-Ø11-1, está permitida para su utilización como grano (consumo humano), forraje y ensilado (y animal) en Estados Unidos por parte de la Agencia de Alimentos y Medicamentos (Food and Drug Administration, FDA por sus siglas en inglés). Emitido el 22 de mayo de 1996.[67]

c) Se presenta la aprobación de la Agencia de Protección del Ambiente (Environmental Protection Agency, EPA por sus siglas en inglés) para el uso de la proteína Cry1Ab expresada en el maíz SYN-BT-Ø11-1 como insecticida producida en plantas. Emitido el 17 de agosto de 1998 y la renovación de la misma emitida el 10 de septiembre de 1997.[68]

Para la línea parental MIR162, se presenta la documentación oficial que acredita que la tecnología SYN-IR162-4 está permitida en el país de origen (Estados Unidos de Norteamérica) para su comercialización y subsecuente liberación al ambiente:

a) Documento de decisión de la APHIS de conceder la des-regulación al maíz MIR162, objeto de esta solicitud, para su venta comercial como semilla para siembra sin tener que presentar requisitos adicionales. Emitido el 20 de abril de 2010.[69]

b) Se presenta la documentación que acredita que el grano proveniente de variedades de maíz MIR162, está permitida para su utilización como grano (consumo humano), forraje y ensilado (y animal) en Estados Unidos por parte de

[66] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://www.aphis.usda.gov/brs/aphisdocs2/95_19501p_com.pdf
[67] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://www.cfsan.fda.gov/~rdb/bnfl017.html
[68] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://www.epa.gov/EPA-PEST/1998/August/Day-17/p22013.htm
[69] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://www.aphis.usda.gov/brs/aphisdocs2/95_19501p_com.pdf

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

la Agencia de Alimentos y Medicamentos (Food and Drug Administration, FDA por sus siglas en inglés). Emitido el 09 diciembre de 2008[70]

c) Se presenta la aprobación de la Agencia de Protección del Ambiente (Environmental Protection Agency, EPA por sus siglas en inglés) para el uso de la proteína Vip3Aa20 expresada en el maíz MIR162 como insecticida producida en plantas. 26 de noviembre de 1998

La tecnología MON-ØØØ21-9 está permitida en el país de origen (Estados Unidos de Norteamérica) para su comercialización y subsecuente liberación al ambiente:

a) Documento de decisión de la APHIS de conceder la des-regulación al maíz MON-ØØØ21-9 , objeto de esta solicitud, para su venta comercial como semilla para siembra sin tener que presentar requisitos adicionales. Emitido el 5 de diciembre de 1997.[71]

b) Se presenta la documentación que acredita que el grano proveniente de variedades de maíz MON-ØØØ21-9 , está permitida para su utilización como grano (consumo humano), forraje y ensilado (y animal) en Estados Unidos por parte de la Agencia de Alimentos y Medicamentos (Food and Drug Administration, FDA por sus siglas en inglés). Emitido el 10 de Febrero de 1998.[72]

c) El registro y aprobación por la Agencia de Protección del Ambiente (Environmental Protection Agency, EPA por sus siglas en inglés) para el uso del herbicida Roundup® Emitido el 28 de marzo de 1997.[73]

[70] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://www.cfsan.fda.gov/~rdb/bnfl017.html

[71] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://www.aphis.usda.gov/brs/aphisdocs2/95_19501p_com.pdf

[72] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://www.cfsan.fda.gov/~rdb/bnfl017.html

[73] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://www.epa.gov/EPA-PEST/1998/August/Day-17/p22013.htm

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

VI. Consideraciones sobre los riesgos de las alternativas tecnológicas con que se cuente para contender con el problema para el cual se construyó el OGM, en caso de que tales alternativas existan;

Los problemas fitosanitarios de maíz en México entre los que destacan las plagas, enfermedades y malezas ocupan un lugar prioritario en la relación de factores que limitan la productividad del cultivo, ya que cada uno de estos tres problemas señalados puede por sí solo ser la causa de pérdidas en rendimiento que van desde bajos porcentajes hasta la pérdida total de la cosecha, lo cual se refleja en cifras significativas entre la superficie sembrada versus la cosecha obtenida, situación que desalienta a los productores quienes no ven compensados sus esfuerzos con rendimientos satisfactorios que paguen su trabajo y su inversión. Por esta razón entre otras, muchos de ellos han dejado de sembrar maíz para dedicarse a otros cultivos y en ocasiones a otras actividades diferentes, lo que trae como consecuencia una considerable disminución de la superficie sembrada y por ende de volúmenes producidos.

Para un adecuado seguimiento e inspección de los diversos problemas fitosanitarios de un cultivo es conveniente tener conocimiento de las distintas etapas fenológicas del mismo. Dadas las condiciones tan variadas de clima, suelo y variedades que se cultivan en nuestro país, a la duración del desarrollo del cultivo es también variable, por ello no se consideran datos de tiempo de duración de cada una de las etapas fenológicas del maíz.

El maíz es atacado por muchos insectos. En la figura 44 se representan las plagas de importancia económica con relación a las etapas fenológicas del cultivo.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

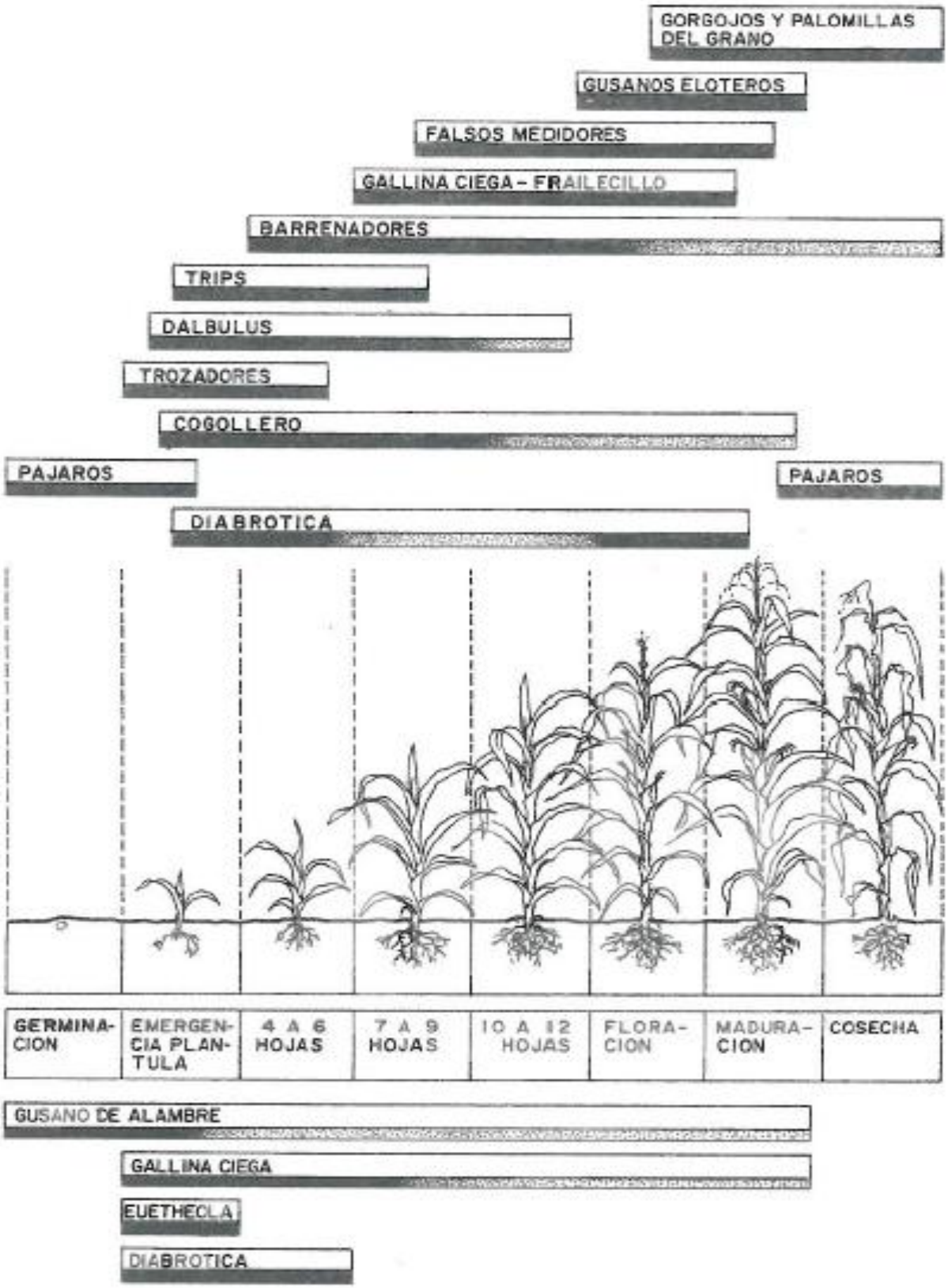


Figura 43.Plagas del cultivo del maíz en México con relación a sus etapas fenológicas (Tomado Guía fitosanitaria para el cultivo del maíz).

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Pueden clasificarse de manera general por la parte de la planta donde causan daño principal (raíz, hoja, tallo, mazorca y el grano almacenado).

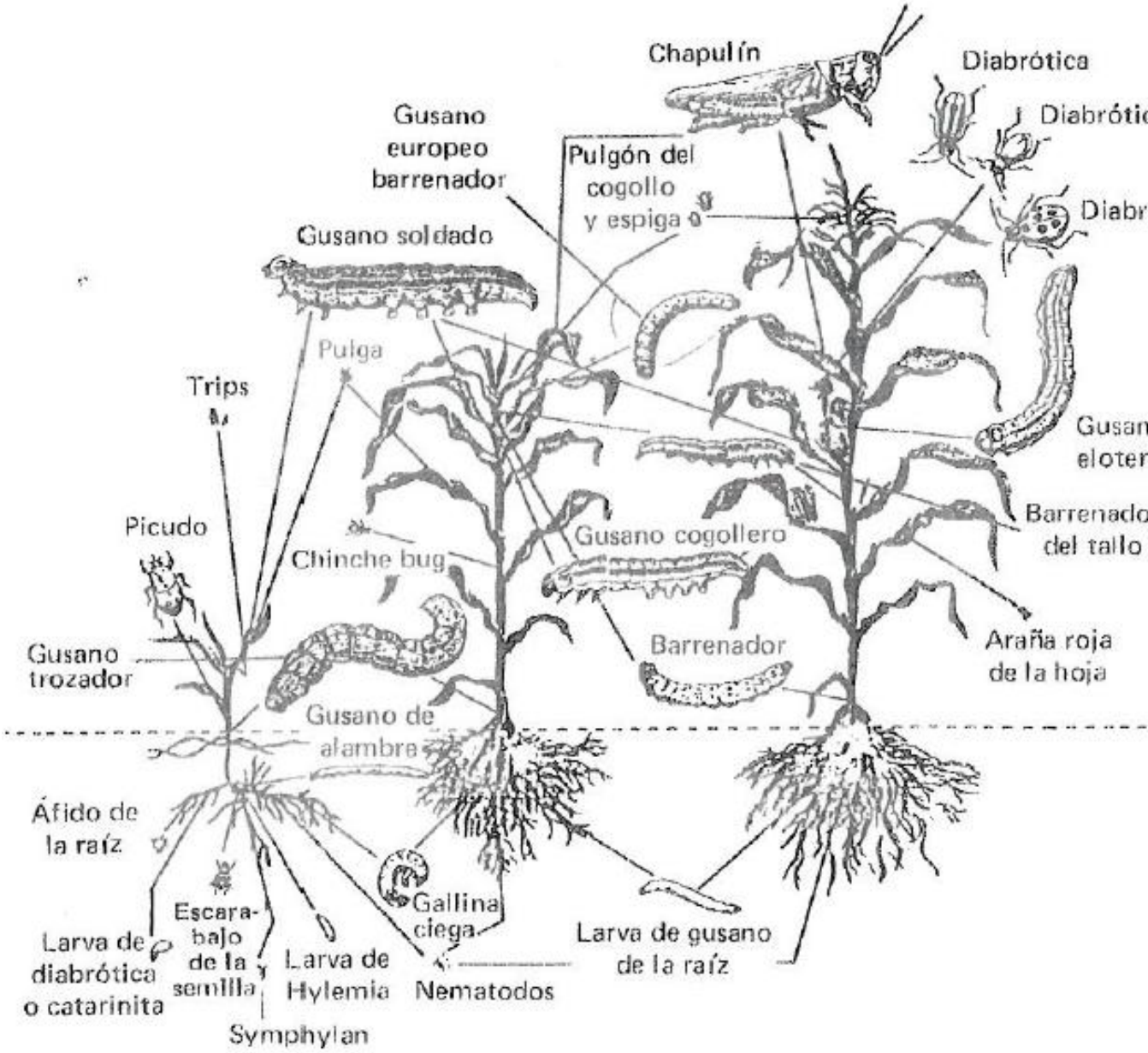


Figura. 45. Tres estadios para inspeccionar las plagas del maíz en: raíz, hojas, tallos, flores y fruto.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Generalmente las variedades de plantas resistentes a los insectos son más capaces de evitar, tolerar o recuperarse de un ataque de insectos que las variedades más susceptibles. El grado de resistencia puede variar desde muy susceptible hasta resistente. A una variedad con 100% de resistencia de le denomina inmune. La habilidad de las plantas de crecer bien y producir rendimientos satisfactorios cuando son severamente atacadas por insectos es un ejemplo de tolerancia a los insectos.

El uso de variedades de maíz con una resistencia y tolerancia a los insectos reduciría los gastos en materiales y equipo para medidas d control, mejoraría los rendimientos y la calidad, y disminuiría los costos de producción, de cosecha y de almacenamiento.

Para el manejo de plagas de lepidópteros en la región del Agrícola de Chihuahua, el Campo experimental del INIFAP recomendó los siguientes tratamientos para las plagas presentes en el cultivo de maíz[74]

Tabla 29. Manejo de plagas en la región Agrícola de Chihuahua (Adaptada de INIFAP).

Plaga	Ingrediente activo	Dosis/Ha	Época de aplicación
Plagas del follaje y del elote			
G. cogollero *Spodoptera frugiperda*	Bacillus thuringiensis Clorpirifós Metomilo Methoxyfenozide	225 g de I.A./ha L 1 L/ha 200 g de I.A./ha 1 L/ha	Cualquiera de estos productos se deben aplicar cuando el 20% de los cogollos infestados
Langosta *Schistocerce piceifrons*	Fipronil Malatión Paratión Metílico	1.0 g de I. A. 1000 g de I. A. 720 g I.A	Cualquiera de estos productos debe aplicarse tan pronto se presenten las mangas de adultos o los bandos de saltones
Pulga negra o pulsa saltona Chaetocnema spp.	Ometoato o Endosulfán	0.40 L/ha o 1 L/ha respectivamente	Cuando se observen de dos a tres insectos por planta
Diabrótica Diabrotica balteata	Clorpirifos o Carbaril 1200 g de I.A.	360 y 1200 g de I.A/ha respectivamente.	Esta plaga debe controlarse durante las etapas tempranas de desarrollo del cultivo, cuando se observan de una a dos diabróticas por planta.
Plagas de la raíz y de la semilla			
Gallina ciega Phylophaga crinita			Se controla la población de adultos usando luz artificial por la noche para atraerlos.
G. trozador Agrotis sp.			Se recomienda barbechar tan pronto termine la cosecha. Con esta práctica se destruyen gran cantidad de larvas que mueren al quedar expuestas al sol o al frio y sobre todos a los pájaros.

El maíz con la tecnología BT11 x MIR162 x GA21 tiene la característica de tolerar la aplicación del herbicida glifosato, herbicida sistémico no selectivo para aplicación en post-emergencia a la maleza en los cultivos como jitomate, maíz, sorgo, agave, vid, chile, berenjena, calabacita, melón, pepino, sandía, chayote, entre otros, siendo entonces no exclusivo para el cultivo de maíz. Se debe evitar que este herbicida entre en contacto directo con los cultivos porque los puede dañar, ya que el glifosato se absorbe por las hojas y se trasloca hasta las raíces y otras partes de la planta. El glifosato no tiene

[74] http://www.inifap-chihuahua.gob.mx/index.cfm?fuseaction=browse&id=4048&pageid=115

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

actividad en el suelo por lo que no daña la emergencia de los cultivos cuando la aplicación se realiza antes de que ésta ocurra.

Se piensa que el uso de maíz con tecnologías que le confieran características de tolerancia a glifosato harán que: 1) el maíz persista y se convierta en maleza, o 2) el uso de glifosato en campos dónde se encuentren maíces con tecnologías de tolerancia a glifosato provocará resistencia en las malezas presentes.

Tales aseveraciones tiene diferentes formas de abordarse, a lo que para la primera opinión se puede responde que las plantas voluntarias de maíz tolerante a glifosato pueden ser erradicadas usando herbicidas de diferente modo de acción, lo que comúnmente se hace en las prácticas agrícolas de hoy en día. Por otro lado, para la segunda opinión, independientemente de la utilización de maíz con tecnología de tolerancia a la aplicación de glifosato, el repetido uso de glifosato o herbicidas con el mismo modo de acción en los diferentes cultivos dónde esté se utiliza, puede provocar desarrollo de poblaciones resistentes al herbicida, por lo que es común recomendar utilizar otros herbicidas de diferente modo de acción.

Las malas hierbas son plantas que crecen donde no son deseadas e interfieren con los intereses del hombre (Ashton y Monaco, 1991; Anderson, 1996). Al conjunto de malas hierbas en un área se le denomina maleza e incluye tanto a las especies silvestres como a los cultivos voluntarios indeseables (Chandler y Cooke, 1992). La maleza compite con los cultivos por luz, agua y nutrimentos y si no son controladas oportuna y eficientemente, reducen significativamente su rendimiento y la calidad del grano cosechado (Bridges, 1995). El manejo de la maleza es una de las prácticas más antiguas en la agricultura. Sin embargo, debido a que el efecto nocivo de la maleza no es evidente al inicio del desarrollo de los cultivos, en muchas ocasiones no se le otorga la importancia debida y su control se lleva a cabo cuando el cultivo ya ha sido afectado (Rosales *et al*., 2002). El manejo integrado de maleza implica no sólo depender de las medidas de control de la maleza existente, sino prevenir la producción de nuevos propágulos, reducir la emergencia de maleza en los cultivos y maximizar la competencia del cultivo hacia la maleza. El manejo integrado de maleza hace énfasis en la conjunción de medidas para anticipar y manipular las poblaciones de maleza, en lugar de reaccionar con medidas emergentes de control cuando se presentan altas infestaciones (Dieleman y Mortensen, 1997). El objetivo del manejo integrado de maleza es maximizar el rendimiento de los cultivos, optimizar las ganancias del productor y aumentar la eficiencia en la producción del cultivo, al integrar técnicas preventivas, conocimientos científicos y prácticas de manejo.

CLASIFICACION DE LAS MALAS HIERBAS

El primer paso en el diseño de un programa de manejo de maleza es conocer a la maleza a controlar (Ashton y Monaco, 1991). Existen algunas formas de clasificación de las malas hierbas que son útiles en su identificación:

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Clasificación botánica

La clasificación botánica de las malezas es la más importante, ya que es un sistema que permite identificar plenamente a una planta a través de sus características morfológicas, principalmente de sus órganos reproductivos, en familias, géneros y especies (Radosevich *et al.*, 1997). El nombre científico de las plantas consta de dos palabras en latín, la primera indica el género y la segunda la especie. Para precisar más, se añade el autor, es decir, el nombre del botánico que primero describió la planta con ese nombre. Para ello, se acostumbra usar abreviaturas, por ejemplo, L. que significa Linneo; en algunas ocasiones las especies se han tenido que reclasificar y la abreviatura del apellido del reclasificador aparece después de la del autor. Esta nomenclatura binomial es usada internacionalmente, lo cual evita confusiones por el uso de nombres comunes que varían entre regiones o países. Por ejemplo, la correhuela perenne, es conocida también como gloria de la mañana, oreja de ratón y lengua de pollo en México y "field bindweed" en Estados Unidos. Al conocer su nombre científico: *Convolvulus arvensis* L. se tiene la certeza de que se trata de la misma planta. Por lo anterior, la identificación adecuada de una mala hierba por su clasificación botánica es fundamental para su manejo.

Clasificación morfológica

Por su forma, las principales malas hierbas pueden ser clasificadas en:

Hojas anchas: Estas plantas presentan las nervaduras de las hojas en forma de red o reticuladas, dos hojas seminales o cotiledonares en las plántulas y raíces primarias con crecimiento vertical. Ejemplos: quelite, polocote y correhuela.

Zacates: Son plantas que presentan sólo una hoja seminal en sus plántulas, hojas con disposición alterna y nervaduras paralelas y sistema radical fibroso. Ejemplos: zacate Johnson, zacate de agua, zacate cola de zorra.

Ciperáceas: Estas plantas tienen características similares a los zacates, sus principales diferencias consisten en que tienen tallos triangulares y las hojas se presentan en rosetas que nacen de la base del tallo y la inflorescencia. Ejemplos: coquillo morado y coquillo amarillo.

Clasificación por ciclo de vida

Anuales: plantas que completan su ciclo de vida en menos de un año. Pueden ser anuales de invierno (octubre-abril) o de verano (mayo-septiembre). Algunos ejemplos de malas hierbas anuales de invierno son: la borraja *Sonchus oleraceus* y la mostacilla *Brassica campestris* y anuales de verano: el quelite *Amaranthus hybridus* y el girasol silvestre o polocote *Helianthus annuus*.

Bianuales: malas hierbas que su ciclo de vida comprende dos años. En el primer año, la planta forma la roseta y una raíz primaria profunda y en el segundo año florecen, maduran y mueren. Las malas hierbas bianuales no son muy comunes. Un ejemplo de mala hierba bianual es la zanahoria silvestre *Daucus carota*.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Perennes: plantas que viven más de dos años y si se presentan condiciones favorables pueden vivir indefinidamente. Se reproducen por semilla y en muchas ocasiones vegetativamente a través de estolones, tubérculos, rizomas o bulbos. El zacate Johnson *Sorghum halepense* y la correhuela perenne *Convolvulus arvensis* son ejemplos de malas hierbas perennes.

A continuación se expone la práctica común en el control de malezas en la agricultura:

Control de malezas en maíz.

En todos los cultivos existe un periodo en el que la presencia de malezas o malas hierbas causa los mayores daños en el rendimiento. Ese periodo por lo general se ubica en las primeras semanas del ciclo, después de la emergencia de los cultivos. En maíz, la magnitud de ese periodo, llamado periodo crítico de competencia (PCC), es variable y depende de la variedad de maíz, el ciclo del cultivo, la fecha de siembra, las especies de malezas, la presión de malezas, entre muchos otros factores. Sin embargo, en lo que todos los investigadores coinciden es que el PCC en maíz se ubica entre la primera y sexta semana después de la emergencia del cultivo, permitiendo un máximo de 5% de pérdida de rendimiento.

La presencia de malezas durante ese periodo reduce gravemente el rendimiento del cultivo, por lo que se deben de hacer todos los esfuerzos para evitar o limitar la presencia de malezas.

La presencia posterior de malezas en cultivos que han superado el PCC, no tiene un gran impacto en el rendimiento del maíz, pero si interfiere con la cosecha y, adicionalmente, esas plantas de malezas producen semillas que van a recargar la reserva de semillas en el suelo, de donde se originarán las futuras generaciones de plantas competidoras, por lo que su control sigue siendo importante, aún en etapas tardías del cultivo.

Lo productores de maíz realizan prácticas de control de malezas que son efectivas, pero con frecuencia se hacen tardíamente. El control de malezas en maíz y en cualquier cultivo, debe realizarse oportunamente, echando mano de todas las herramientas de control disponibles para los productores. Para maíz, hoy en día existen múltiples técnicas de control de malezas que hacen posible reducir al máximo las pérdidas de rendimiento atribuibles a la competencia, pero ninguna de ellas será efectiva si se realiza tardíamente.

Una práctica oportuna implica que el agricultor prepare con tiempo todos los recursos para el manejo del cultivo. Iniciar la búsqueda de soluciones cuando el problema ya es evidente, generalmente termina en catástrofe, pues muchas veces los insumos no se encuentran disponibles en el lugar y en el momento en que se requieren. Tratar de resolver problemas al momento como la presencia de malezas, plagas, fertilización, etc., casi siempre resulta ineficiente. Siempre es mejor prevenir. Para prevenir las pérdidas de rendimiento el agricultor debe estar preparado para actuar oportunamente. Realizar las prácticas de preparación del terreno; proveerse de la semilla, fertilizantes y otros agroquímicos, y preparar los implementos que utilizará durante el ciclo del cultivo, será de gran ayuda.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

El rendimiento del maíz en cultivo, en las primeras fases de su desarrollo, puede ser afectado seriamente por la competencia ejercida por la maleza, asimismo, la maleza puede ocasionar daños en forma indirecta al propiciar el incremento de plagas de insectos, enfermedades y roedores, así como dificultar la cosecha, afectar la calidad de la misma, e influir en la incidencia de la maleza en los terrenos debido a su producción de semilla. Para evitar el daño ocasionado por la maleza el productor asigna gastos para su control a través de métodos manuales (uso de azadón), mecánicos (escardas) y químicos (herbicidas).

El control químico de la maleza en las áreas productoras de maíz consiste en una aplicación total de herbicidas en preemergencia, así como de aplicaciones dirigidas de herbicidas postemergentes. La aplicación de herbicidas preemergentes generalmente incluye la mezcla de un producto para el control de maleza de hoja ancha y otro para zacates, debido a que el espectro de acción de cada producto en la mezcla no les permite eliminar todas las especies de maleza que se presentan en el maíz.

Por otro lado, los herbicidas postemergentes que se comercializan actualmente presentan problemas de selectividad y su aplicación requiere del uso de equipos especiales de aspersión con el objeto de reducir el riesgo de fitotoxicidad al cultivo por el uso de herbicidas totales, otra desventaja de este tipo de aplicaciones es que con este método no se elimina la maleza presente en la hilera del cultivo, lo cual indica que el método de control químico convencional depende aún de las escardas mecánicas y del control manual para lograr un eficiente control de maleza.

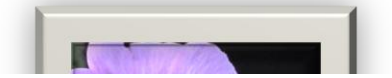
PRINCIPALES MALEZAS EN MAÍZ,

En México se reportan más de 400 especies de malas hierbas, pertenecientes a más de 50 familias botánicas, asociadas a diferentes cultivos (Villaseñor y Espinosa, 1998; Tamayo, 1991). Las principales especies de maleza en maíz en el Estado de Tamaulipas se presentan en la tabla 30 (Asociación Mexicana de la ciencia de la Maleza, A.C.).

Tabla 32. Malezas más comunes y problemáticas presentes en el cultivo de Maíz en la región Agrícola de Chihuahua (Asociación Mexicana de la ciencia de la Maleza, A.C.).

Nombre científico: ***Anoda cristata (L.) Schltdl.***

Nombre común: Alache



© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

El alache o la amapola del campo es una planta arvense y también ruderal nativa importante en México. Puede ser común en cultivos de maíz, pero generalmente no es un problema grande en la agricultura campesina y maicera, ya que se desarrolla relativamente tarde en el año. Pero, sí es un problema sustancial en la agricultura intensiva de cultivos más abiertos, sobre todo del algodón, ya que es de la misma familia botánica.

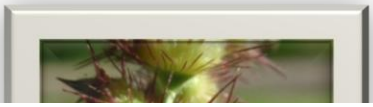
Nombre científico: ***Argemone mexicana L.***

Nombre común: Chicalote amarillo

México es la región de origen de varios chicalotes, la mayoría de ellos malezas. Argemone mexicana es la más exitosa de ellos; hoy se encuentra en los trópicos de todos los continentes, y puede ser bastante molesta. Hábito y forma de vida: Herbácea erecta. Tamaño: De 1 m o menos de alto. Tallo: Verde-azulado y sin pelos, con numerosas espinas firmes y punzantes. Hojas: Sésiles, alternas, moteadas, de color verde-azuloso, lanceoladas o elípticas y transversalmente lobuladas, los lóbulos están partidos solo hasta la mitad; cada lóbulo tiene una espina en el ápice. Flores: Botón no mucho más largo que ancho, flores solitarias situadas sobre 2-3 brácteas muy similares a las hojas, posee 3 sépalos con espinas en el ápice; 6 pétalos amarillos. Frutos y semillas: Fruto es una cápsula con espinas; semillas redondas y negras. Raíz: Raíz pivotante. Características especiales: Látex amarillo; planta espinosa.

Nombre científico: ***Cenchrus echinatus L.***

Nombre común: Zacate cadillo



© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Hierba anual, erecta, con frecuencia creciendo varios individuos juntos, de 25-60 cm de altura. Tallo: Tendido y ramificado, con pubescencia variable, hueco, delicado, con varios nudos manifiestos. Hojas alternas, vainas con pelos adpresos en los márgenes cerca del ápice; lígula ciliada; láminas planas, lineares a lanceoladas, de 4 a 35 cm de longitud y 5 a 8 mm de ancho, sin pelos a pubescentes en la base del haz; frecuentemente las puntas de las espinas de color púrpura con el tiempo. Inflorescencia: Racimos densos, espiciformes, de 3 a 10 cm de largo. Espiguillas unifloras, sésiles, en grupos de 4, protegidas por un involucro piloso de 6 a 8 mm de diámetro, formado por numerosas cerdas, de las cuales las externas son delgadas y las internas espinoides, unidas entre sí por encima de la base hasta su mitad; glumas desiguales, la primera de 1.3 a 3.4 mm de largo, la segunda de 3.8 a 5.7 mm de largo, 3 a 6 nervada; la lema estéril de 4.5 a 6.5 mm de largo; páleas ásperas al tacto. Fruto ovoide, de 1.6 a 3.2 mm de largo por 1.3 a 2.2 mm de ancho.

Nombre científico: ***Bidens odorata Cav.***

Nombre común: Aceitilla

La aceitilla es una de las especies arvenses (de campos de cultivos) más comunes de las tierras altas y medianas de México, sobre todo en la agricultura campesina. Es parte de un complejo de especies que se parecen, pero que son distintas genética y ecológicamente. Hábito y forma de vida: Hierba anual, generalmente erecta o ascendente. Tallo Cuadrangular, escaso o profusamente ramificado, casi glabro o algo piloso, estriado a acanalado, a veces teñido de púrpura. Hojas: Opuestas, sobre pecíolos de hasta 10 cm de largo, limbo de hasta 15

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

cm de largo y 11 cm de ancho, partido de 3 ó 5 foliolos simples de forma muy variable, ovados o lanceolados y aserrados, o bien éstos a su vez profundamente partidos, casi glabros a pilosos. Inflorescencia: Las cabezuelas solitarias o agrupadas en corimbos laxos sobre pedúnculos pilosos, estrigosos o rara vez glabros, de 1 a 8 cm de longitud.

Nombre científico: ***Cenchrus incertus M. A. Curtis***

Nombre común: Rosetilla

Hábito y forma de vida: Planta anual. Tamaño: De 20 a 90 cm de longitud. Tallo: Ascendentes o rara vez suberectos desde una base decumbente, libremente ramificados, a veces formando grandes macollos, comprimidos, bastante fuertes, escabrosos. Hojas: Vainas pubescentes a lo largo de los márgenes, a glabras, a veces con un mechón de pelos en el cuello, lígula ciliada, casi de 1 mm de longitud, láminas foliares usualmente planas, a veces algo involutas a dobladas, de 3 a 15 cm de longitud, de 2 a 7 mm de ancho, escabrosas en el haz y a veces en el envés. Inflorescencia: Una panícula. Espiguilla/Flores: Espiguillas 2 a 4, usualmente 3 por abrojo, de (3.5) 5 a 7 mm de longitud y de 2 mm de ancho; primera gluma de 1.5 a 2 mm de longitud, segunda gluma y lema estéril casi tan largas como la lema fértil, ésta de 5 a 7 mm de longitud. Fascículos (abrojos) ovoides a globosos, el eje delgado, flexuoso, escabroso, algunas veces piloso, abrojo (excluyendo las espinas) de 3 a 7 mm de ancho, densamente pubescente (rara vez casi glabro), con 8 a 40 espinas, extendidas o reflejas, planas, anchas en la base, las inferiores más cortas y relativamente

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

delgadas.

Nombre científico: ***Heliantus annus* L.**

Nombre común: Polocote

Planta anual de hasta 2,5 m, generalmente no ramosa. Tallo híspido. Hojas alternas, grandes, ovadas y más o menos cordadas, con el margen aserrado. Inflorescencia en capítulo terminal de gran tamaño, con flores liguladas amarillas, situadas en el exterior y flosculosas negruzcas o pardas en el disco, estas últimas con una escama en su base. Fruto en aquenio grisáceo generalmente con bandas negras.

Nombre científico: ***Amaranthus palmeri* S. Wats**

Nombre común: Quelite

Planta dioica, anual o a veces perenne, erecta, glabra (sin ningún tipo de pelos). Hasta de 1.5 (3) m de alto.Tallo: Con rayas longitudinales, verde a amarillo, café o rojizo, con frecuencia profusamente ramificados desde la base. Hojas alternas, láminas foliares rómbicas, ovadas a rómbico-lanceoladas, de 1.5 a 10 (17) cm de largo por 1 a 4 (8) cm de ancho; ápice agudo a acuminado con una espina fina en la punta; base redondeada a cuneada; nervación prominente en el envés, a veces algo pubescente; pecíolos delgados, de 1 a 5 (10) cm de largo. Inflorescencia unisexuales, en forma de espigas terminales. Flores poco vistosas; las masculinas con 5 tépalos angostamente triangulares, con punta rígida, desiguales, los externos de 2.5 a 4 (5) mm de largo, los internos de 2 a 3 (4) mm de largo; flores

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

femeninas con 5 tépalos estrecha o ampliamente espatulados, carinado (con rebordes prominentes).

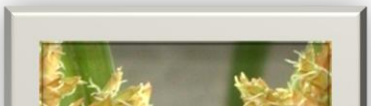
Nombre científico: ***Chloris virgata Sw.***

Nombre común: Barbas de indio

Hábito y forma de vida: Hierba de vida corta, erecta, amacollada. Tamaño: De 10 a 70 cm de alto. Tallo: Generalmente comprimido, a veces doblado en los nudos, a veces ramificado, erecto, algunos recostados sobre el suelo con las puntas ascendentes y enraizando en los nudos inferiores. Hojas: Alternas, dispuestas en 2 hileras sobre el tallo, con las venas paralelas, divididas en 2 porciones, la inferior llamada vaina que envuelve parcialmente al tallo y generalmente es más corta que el entrenudo, sin pelos (las vainas de las hojas superiores infladas), y la parte superior de la hoja, llamada lámina, que es larga, angosta y plana, a veces doblada, áspera al tacto; entre la vaina y la lámina, por la cara interna, se presenta una prolongación membranosa que presenta pelos llamada lígula. Inflorescencia: La inflorescencia consiste de entre 5 y 15 espigas, de hasta 7 cm de largo, ubicadas todas juntas formando un verticilo en la punta del tallo (raramente con una espiga adicional por arriba de las demás).

Nombre científico: ***Cyperus esculentus* L.**

Nombre común: Coquillo amarillo



© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Planta perenne de 10 a 50 (65) cm de altura. Tallo triangular, de 1.5 a 3 (4) mm de grueso en el ápice. Hojas alternas y se desarrollan en series de 3; de 3 a 10 mm de ancho, de color verde pálido y el ápice es finamente agudo; la vaina basal es cerrada, pálida a café-rojizo; brácteas 2 a 6 (8), desiguales, hasta de 28 cm de largo y de 0.5 a 6 mm de ancho. Inflorescencia es una umbela terminal, con espigas de 1.5 a 2.6 cm de longitud y de 1.5 a 4.6 cm de ancho, con (5) 10 a 25 (50) espiguillas; éstas de 6 a 30 mm de longitud y 1 a 3 mm de ancho, no comprimidas en la madurez, dísticas o casi dísticas; pedúnculos 4 a 10, simples o ramificados, desiguales, de 0 a 12 cm. Flores: 6 a 40 flores por espiguilla, raquilla de color verde o amarillento, con alas persistentes, hialinas, en ocasiones con líneas de color rojo, de 1.3 a 1.5 mm de longitud y de 0.3 a 0.5 mm de ancho, bractéola de 3 a 5 (10) mm de longitud, a veces caudada, angosta pero basalmente de 0.3 a 0.5 mm de ancho en vista lateral, glumas deciduas, las inferiores de mayor tamaño, de 2.6 a 4 mm de longitud, de 0.7 a 1 mm de ancho en vista lateral, con 7 a 11 nervaduras bien distribuidas (incluyendo 1 a 3 de la quilla), cortamente mucronadas (que termina en una proyección corta y aguda), con la quilla de color verde, los lados de color café claro a dorado, en ocasiones con las nervaduras teñidas de rojo púrpura y los márgenes hialinos; estambres 3, con los filamentos de 1.5 a 2.8 mm de longitud, aplanados, las anteras de (1.2) 1.5 a 2.1 mm de longitud, de color amarillo a rojizo; estilo de 1.5 a 2 mm de longitud, con 3 ramas de 0.8 a 2 (3) mm de longitud. Frutos y semillas: Aquenio de sección triangular, de 1.3 a 2 mm de longitud y de 0.6 a 0.8 mm de ancho, con la superficie

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

punticulada, de color grisáceo o café claro. Rizomas hasta de 20 cm de longitud, cubiertos con escamas envainantes, de 0.3 a 1 (2) mm de grueso, con frecuencia terminando en tubérculos.

Nombre científico: ***Crotalaria pumila Ort.***

Nombre común: Chipil

Hábito y forma de vida: Hierba erguida, ramificada. Tamaño: De 30 a 50 cm de altura. Tallo: Cubierto por pelos rectos, agudos y con la base redondeada, a simple vista parece no tener pelos. Hojas: Trifolioladas, el pecíolo delgado, generalmente de la mitad del largo del foliolo terminal, foliolos obovados u obovado-oblongos, delgados, de 1 a 2 cm de largo por 2 a 8 mm de ancho, ápice redondeado, borde entero, base cuneada, haz sin pelos, envés con pelos rectos y de base redondeada. Inflorescencia: Flores dispuestas en racimos y estos con pocas flores. Flores: Las flores miden 1 cm de largo, pedicelos cortos; cáliz con pelos rectos, agudos y con base redondeada, con los lóbulos más largos que el tubo; corola amarilla, con el estandarte listado de rojo. Frutos y semillas: El fruto es una legumbre inflada, oblonga, de 15 mm de largo por 8 mm de diámetro, con el ápice redondeado y con una proyección corta, rígida y aguda, con o sin pelos; semilla asimétricamente reniforme, de 1.5 a 2.6 mm de largo y 1.7 a 2.8 mm de ancho, comprimida, superficie, superficie punticulada, rara vez rugosa, de color café verdoso, verde amarillento o café (Espinosa y Sarukhán, 1997). Plántulas: Hipocótilo cilíndrico de hasta 27 mm de largo; cotiledones de lámina elíptica de 8 a 9 mm de largo y 4.5 a 5 mm

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

de ancho; epicótilo 10 a 13 mm de largo, con pelos; hojas alternas, compuestas.

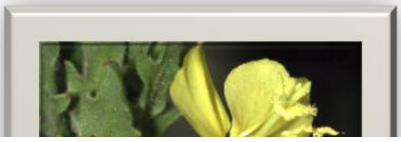
Nombre científico: ***Echinochloa colona (L.) Link***

Nombre común: Arrocillo silvestre

Hábito y forma de vida: Hierba de vida corta. Tamaño: De hasta 1 m de alto, aunque generalmente más pequeña. Tallo: Erecto o recostado sobre el suelo y con las puntas ascendentes, ramificado, a veces con raíces en los nudos inferiores, a veces con pelillos en los nudos. Hojas: Alternas, dispuestas en 2 hileras sobre el tallo, con las venas paralelas, divididas en 2 porciones, la inferior llamada vaina que envuelve al tallo, igual o más larga que el entrenudo, con pelos hacia el ápice, y la parte superior de la hoja llamada lámina que es larga, angosta, plana, a veces con los márgenes ásperos al tacto; entre la vaina y la lámina, por la cara interna, se presenta una línea de pelillos, llamada lígula, o bien ésta ausente. Inflorescencia: Una panícula densa y angosta, de hasta 15 cm de largo, ubicada en la punta del tallo, compuesta de 5 a 10 ramitas ascendentes. En cada ramita se disponen las espiguillas. Espiguilla/Flores: Espiguillas: en 4 hileras en un mismo lado del eje que es plano. Las flores son muy pequeñas y se encuentran cubiertas por una serie de brácteas, puntiagudas pero sin aristas. Frutos y semillas: Una sola semilla fusionada a la pared del fruto.

Nombre científico: ***Oenothera pubescens Willd. ex Spreng.***

Nombre común: Linda tarde



© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Hábito y forma de vida: Hierba perenne, arrosetada cuando joven, después erecta o recostada, pero con las puntas ascendentes, ramificada radialmente. Tamaño: De hasta 60 cm de alto, raramente hasta 80 cm, con finos pelillos recostados sobre su superficie. Tallo: Cilíndrico, simple o ramificado, generalmente saliendo varios desde la base, verdoso o rojizo, con pelos. Hojas: Alternas, las hojas inferiores son pecioladas y las superiores sésiles o casi sésiles; lámina de contorno oblanceolado, oblongo-lanceolado u oblongo, pinnatífidas a pinnatipartidas, a veces enteras con dientes insinuados, de 1.5 a 8 cm de largo y 0.5 a 2 cm de ancho, con 7 a 11 lóbulos o particiones oblongas, con pelos rígidos, rectos y puntiagudos (estrigosos). Inflorescencia: Flores solitarias en las axilas de las hojas superiores. Flores: Sésiles, de simetría radial, de 3 a 7 cm de largo, el cáliz es un tubo (hipantio) largo y muy delgado (más ancho y acostillado en la base, donde se encuentra el ovario), cubierto de pelos, en cuyo ápice se encuentran 4 sépalos angostos, frecuentemente doblados hacia atrás; pétalos 4, amarillos en la floración y luego amarillo-rojizos o violeta al secarse; estambres 8; ovario ínfero, estilo dividido en 4 ramas. Frutos y semillas: El fruto es una cápsula cilíndrica, generalmente algo arqueada, de hasta 5 cm de largo y de 2 a 4 mm de ancho, angulosa, con pelillos. Semillas numerosas, color café, reticuladas, subglobosas u ovoides, de contorno fusiforme, elíptico, ovado o poligonal con 3 a 5 caras, de 0.9 a 1.4 mm de largo y hasta 0.9 mm de ancho, ápice y base agudos a obtusos. Características especiales: Sus flores abren al anochecer.

Nombre científico: ***Petiveria alliacea L.***

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Nombre común: zorrillo silvestre

Hábito y forma de vida: Hierba perenne, erecta, tornándose leñosa hacia la base. Tamaño: De hasta 1.5 m de alto. Hojas: Alternas, de hasta 20 cm de largo y hasta 8 cm de ancho, elípticas a obovadas, puntiagudas, haciéndose angostas hacia la base. Inflorescencia: Racimos de hasta 25 cm de largo, ubicados hacia las puntas de las ramas, con las flores muy pequeñas y separadas entre sí. Flores: Como en estas flores no se distingue cáliz de corola, se dice que presenta un perianto de 4 tépalos de hasta 4.5 cm de largo, blancos; estambres generalmente 8, los filamentos rosados; ovario súpero. Frutos y semillas: El fruto es seco, angosto y alargado, acompañado de los tépalos que se endurecen como espinas. Los frutos giran completamente quedando pegados al eje del racimo, pero apuntando hacia abajo. Características especiales: Posee un fuerte olor a ajo o a zorrillo.

Nombre científico: ***Salvia tiliifolia Vahl***

Nombre común: Chía cimarrona

Hábito y forma de vida: Planta herbácea, generalmente anual. Tamaño: De 20 cm a 1.5 m de alto. Tallo: Con pelos dirigidos hacia atrás o a menudo sin pelos. Hojas: Con pecíolos de 0.5 a 5 cm de largo, sin pelos o con pelos esparcidos hacia el ápice; láminas foliares orbicular-ovadas, de 1 a 5 cm de largo y de ancho, agudas en el ápice, truncadas a cuneadas y con frecuencia oblicuas en la base, membranáceas, sin pelos o a veces con pocos en ambas caras, a menudo con un ribete de pelos a lo largo del margen hacia la base; brácteas lanceolado-ovadas, de 3 a 5 mm de largo, de 0.8 a 1.5 mm de

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

ancho, acuminadas, con pocos pelos a lo largo del margen y sobre la quilla en el dorso. Flores: Flores con corola azul, de ± 5.5 mm (tubo de ± 4 mm) de largo, de ± 0.5 mm de ancho, labio superior de ± 1.5 mm de largo, el inferior de ± 2.2 mm de largo y de ancho; anteras de ± 0.9 mm de largo, conectivos de ± 2 mm de largo; estilo de ± 5.6 mm de largo, sin pelos. Frutos y semillas: Fruto de 4 nuececillas. Semilla elíptica de 1.3 a 1.6 mm de ancho y de 0.8 a 1.1 mm de ancho, comprimida, café grisáceo o gris con manchas oscuras, superficie lustrosa y lisa. Plántulas: Hipocótilo cilíndrico de hasta 25 mm. Cotiledones de lámina ovada deprimida a casi triangular de 3 a 4 mm de ancho y 6 a 7.5 mm de largo, sin pelos. Epicótilo breve, cuadrangular, de 1 a 3 mm de largo. Hojas opuestas. Características especiales: Planta olorosa.

Nombre científico: ***Simsia amplexicaulis (Cav.) Pers.***

Nombre común: Acahualillo

Hábito y forma de vida: Hierba anual, erecta o ramificada. Tamaño: De 10 cm hasta 2.5 m. Tallo: A veces purpúreo, glanduloso-pubescente o híspido con pelos de hasta 3 mm de largo. Hojas: Inferiores opuestas, las superiores alternas. Ovadas, deltoides y lanceoladas en el mismo individuo, frecuentemente trilobadas de cierto nivel para arriba, de 12 cm de ancho por 20 cm de largo, sésiles o con pecíolos de hasta 6 cm de largo, que pueden ser angostos, o bien, alados y a menudo dilatados en la base, ápice agudo, margen crenado a aserrado, base cuneada a cordada, pelos aplicados y tuberculados en la base. Inflorescencia: Cabezuelas generalmente agrupadas

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

en panículas bracteadas, sobre pedúnculos de hasta 12 cm de largo, con pubescencia análoga a la del tallo. Cabezuela/Flores: Cabezuelas con involucro campanulado, de 8 a 10 mm de alto, sus brácteas 20 a 40, en dos series, de tamaño subigual, linear-lanceoladas a oblongas, acuminadas en el ápice, híspidas a glanduloso-pubescentes; paleas de 8 a 9 mm de largo; flores liguladas de 8 a 12, amarillas a anaranjadas, sus láminas de 9 a 20 mm de largo, de elípticas a obovadas; flores del disco 30 a 60, sus corolas amarillas, de 5 a 6 mm de largo, pubérulas al menos en el tubo. Frutos y semillas: Aquenios obovados, de 3 a 5 mm de largo, negros abigarrados, cubiertos de pubescencia aplicada, con una cara convexa y otra cóncava o plana, en cada cara presentan una costilla; vilano de dos aristas caedizas de 2 a 5 mm de largo. Plántulas: Hipocótilo de hasta 65 mm, con o sin pelos, rojo claro a oscuro; epicótilo de hasta 20 mm, con pelos; cotiledones elipsoidales, ovales u oblongos, de 3 a 8 mm de largo y 2 a 5 mm de ancho, sin pelos; hojas opuestas, aovadas, de 2 a 12 mm de largo y 2 a 6.5 mm de ancho, con pelos en ambas superficies, pecíolo de 1 a 5 mm de longitud (Espinosa y Sarukhán, 1997).

Nombre científico: ***Verbesina encelioides (Cav.) Benth. & Hook. f. ex A. Gray***

Nombre común: Hediondilla

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Hábito y forma de vida: Planta herbácea anual. Tamaño: De 0.2 a 1.3 m de alto. Tallo: Cuando la planta está bien desarrollada, el tallo se ramifica hacia la parte superior, con pelos blancos a grisáceos recostados sobre la superficie. Hojas: Angosta o anchamente triangulares, generalmente con el margen aserrado, de 2.5 a 9 cm de largo, con pelos blancos a grisáceos en la cara inferior, las hojas inferiores opuestas y las superiores alternas, sobre pecíolos con alas anchas o angostas y que a veces presentan unos lóbulos en la base. Inflorescencia: Cabezuelas grandes, sobre pedúnculos de hasta 10 cm de largo, ubicadas en la punta de los tallos. Cabezuela/Flores: Cabezuela: es una inflorescencia formada por pequeñas flores sésiles dispuestas sobre un receptáculo cónico a convexo, provisto en su superficie de brácteas (páleas) que abrazan las flores del disco; el conjunto de flores está rodeado por fuera por brácteas dispuestas en 2 series y que constituyen el involucro, éste es campanulado a casi hemisférico, las brácteas son lanceoladas a lanceolado-oblongas, con pelillos recostados, las exteriores a veces ligeramente más largas que las interiores. Se presentan flores de dos tipos: flores liguladas 8 a 15, femeninas, a veces estériles, ubicadas en la periferia de la cabezuela, la corola amarilla, se parece al pétalo de una flor sencilla, con el ápice 3 dentado; flores del disco numerosas, hermafroditas, ubicadas en la parte central, la corola es un tubo que hacia el ápice se ensancha (“garganta”) y se divide en 5 lóbulos; estambres alternos con los lóbulos de la corola, filamentos libres y no sobrepasan el tubo de la corola, anteras soldadas entre sí formando un tubo alrededor del estilo; ovario ínfero. Frutos y semillas: El fruto es un

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

aquenio, con una sola semilla, fuertemente comprimido, márgenes claramente alados, cubierto de pelillos, en el ápice del fruto se presenta una estructura llamada vilano que consiste en 2 puntas rígidas y erectas. Raíz: Pivotante.

Nombre científico: ***Xanthium strumarium L.***

Nombre común: Cadillo

Hábito y forma de vida: Hierba anual, por lo general robusta. Tallo: Áspero a casi sin pelos, a menudo con líneas moradas. Hojas: Sobre pecíolos de hasta 15 cm de largo, escábridos, láminas anchamente ovadas a triangular-ovadas, hasta de 14 cm de largo y 18 cm de ancho, a menudo 3 a 5-lobadas, ápice agudo a obtuso, margen tosca e irregularmente crenado, base acorazonada a cuneada, trinervadas, ásperas en ambas caras. Inflorescencia: Cabezuelas masculinas formando racimos en forma de espiga en el ápice de las ramas y en las axilas de las hojas. Cabezuelas femeninas una o pocas en la base de las inflorescencias masculinas. Cabezuelas/Flores: Cabezuelas masculinas subglobosas, de 5 a 8 mm de diámetro, involucro de ± 8 brácteas linear-lanceoladas, de 2 a 3 mm de largo, receptáculo cilíndrico, provisto de páleas similares a las brácteas involucrales, flores ± 40 sus corolas de ± 2 mm de largo, anteras largamente salientes, de ± 1.5 mm de largo. Frutos y semillas: El fruto es un aquenio alargado de 1 a 1.5 cm de largo, aplanado y de color café, contenido por el involucro espinoso.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

METODOS DE CONTROL DE MALEZA

Los diferentes tipos de control de maleza pueden ser agrupados en cinco métodos generales:

Control preventivo

Se refiere a las medidas tomadas para impedir la introducción, establecimiento y desarrollo de maleza en áreas no infestadas. Estas medidas incluyen: el uso de semilla certificada libre de semilla u órganos de reproducción vegetativa de maleza, la eliminación de maleza en canales de riego y caminos, la limpieza del equipo agrícola usado en áreas infestadas y el no permitir el acceso de ganado de zonas con altas poblaciones de maleza a áreas libres. Otras medidas preventivas incluyen la siembra en terreno libre de maleza y el control de maleza antes de su floración para impedir que se incremente el banco de semillas de maleza en el suelo. El control legal es un control preventivo a escala regional o nacional apoyado en leyes adecuadas para lograr su objetivo.

Control cultural

Incluye prácticas de manejo como la selección y rotación de cultivos, sistema y fecha de siembra entre otras, que promueven un mejor desarrollo del cultivo para hacerlo más competitivo hacia la maleza. Una medida básica para el manejo de maleza es el establecimiento de una población adecuada de plantas cultivadas. Las áreas del terreno con una baja población de plantas cultivadas son más susceptibles de infestarse con maleza. La siembra de maíz, sorgo y frijol en surcos estrechos de 35 a 70 cm promueve que el cultivo sea más competitivo con la maleza al “cerrar” más rápidamente los surcos, sombrear el terreno e impedir el establecimiento de nuevas poblaciones de maleza. Sin embargo, este método de siembra requiere su integración al uso de herbicidas al no ser posible el paso de escardas (Elmore *et al*., 1990). La rotación de cultivos es vital para impedir la selección de especies de maleza difíciles de controlar en la soya, además de rotar el uso de herbicidas y evitar el desarrollo de resistencia a herbicidas en la maleza (Buhler, 1995). Dentro del control cultural de maleza también se puede incluir el uso de cultivos de cobertura viva, los cuales crecen asociados a un cultivo que es económicamente más importante. Dentro de las ventajas de este tipo de sistemas de cultivo se incluyen, además del control de maleza, la reducción de la erosión, la estabilización de la materia orgánica del suelo, el mejoramiento de la estructura del suelo y la reducción de su compactación (Radosevich *et al*., 1997).

Control mecánico

Se refiere a las prácticas de control de maleza basadas en el uso de la fuerza física. El control mecánico incluye los deshierbes manuales e incluso el uso del fuego. En sistemas de labranza convencional el control mecánico de maleza incluye la labranza primaria o preparación del terreno mediante arado, subsuelo y rastra, y la labranza secundaria como la siembra y el paso de escardas (Buhler, 1998). Además el sistema de siembra en húmedo o a "tierra venida" elimina la primera generación de maleza y permite establecer los cultivos en suelo sin maleza. Posteriormente el paso de escardas con cultivadora

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

rotativa ("lilliston") o de picos ("sweeps"), elimina a la maleza a la vez que ayuda al "aporque" del cultivo y facilita la conducción del agua de riego. El número y época de las escardas depende de factores como presencia de maleza, humedad del suelo y disponibilidad de equipo. El paso de dos escardas o cultivos a los 15 a 20 días y 25 a 35 después de la emergencia de los cultivos es una práctica común (Reddy *et al*., 1999; Esqueda *et al*., 1997). Es importante señalar que el control de maleza entre los surcos por medio de escardas es eficiente si se lleva a cabo oportunamente. No obstante, la maleza que se establece en la hilera de plantas del cultivo sólo puede ser controlada en sus primeras etapas de desarrollo por medio de escardas con cultivadoras rotativas al cubrirlas con suelo. En sistemas de labranza de conservación, la labranza primaria es limitada o bien sustituida por la aplicación de herbicidas. Sin embargo, el paso de escardas puede efectuarse con cultivadoras de picos que arrancan la maleza sin disturbar los residuos de cosecha que cubren el suelo. El uso de cultivadoras rotativas en labranza de conservación es limitado por los residuos de plantas en la superficie del suelo (Buhler, 1995; 1998).

Control químico

Se efectúa por medio del uso de productos químicos comúnmente llamados herbicidas que aplicados en la época y dosis adecuadas, inhiben el desarrollo o matan a las plantas indeseables. El uso de herbicidas debe efectuarse sólo cuando los otros métodos de control no son factibles de utilizarse o cuando su uso representa una ventaja económica para el productor. En la actualidad los herbicidas constituyen la herramienta más efectiva en programas de control de maleza (Reedy *et al*., 1999). El control químico requiere de conocimientos técnicos para la elección y aplicación eficiente y oportuna de un herbicida (Rosales *et al*., 2002). El control químico tiene ventajas importantes sobre los otros métodos de control de maleza: oportunidad en el control maleza, pues la elimina antes de su emergencia o en sus primeras etapas de desarrollo; amplio espectro de control; control de maleza perenne; control residual de la maleza. El uso inapropiado de los herbicidas representa algunos riesgos a la agricultura. Sin embargo, todos estos daños son posibles de evitar con una buena selección y aplicación de estos productos y con el conocimiento de sus características específicas (Rosales *et al*., 2002). Algunos de los posibles riesgos por el uso inadecuado de herbicidas son: daños al cultivo en explotación por dosis excesiva o a cultivos vecinos por acarreo del herbicida; daños a cultivos sembrados en rotación por residuos de herbicidas en el suelo; cambios en el tipo de maleza por usar continuamente un herbicida; desarrollo de resistencia de malezas a herbicidas.

En Estados Unidos en la actualidad existen alrededor de 200 ingredientes activos utilizados en la fabricación de aproximadamente 800 herbicidas comerciales (Vencill, 2002). En México, existe n 65 ingredientes activos en alrededor de 300 herbicidas comerciales (Anónimo, 2007). La presentación comercial de un herbicida consiste del ingrediente activo en un porcentaje conocido en formulaciones sólidas o en gramos por litro en formulaciones líquidas, además de un material inerte o disolvente y en algunas ocasiones emulsificantes y coadyuvantes. Es importante conocer el ingrediente activo de un herbicida, ya que puede presentarse en forma comercial con varios nombres, tal es el caso del glifosato que se comercializa con nombres como Faena, Glyfos, Cufosato, Líder y otros.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

EPOCA DE APLICACION DE HERBICIDAS

Los herbicidas también pueden agruparse de acuerdo a su época de aplicación basada en el estado de desarrollo del cultivo y/o maleza. A continuación se discuten las diferentes épocas de aplicación de herbicidas (Reedy *et al*., 1999).

Herbicidas de presiembra foliares

Son herbicidas que se aplican antes de la siembra de los cultivos para eliminar a la vegetación existente. El glifosato y el paraquat son los herbicidas comúnmente aplicados en esta época. Estos herbicidas no son selectivos y no dejan residuos en el suelo, lo que hace posible su uso sin afectar a los cultivos sembrados posteriormente. El paraquat es un herbicida de contacto, usado para el control de maleza anual y glifosato es sistémico, por lo que es usado para el control de maleza anual y perenne.

Herbicidas de presiembra al suelo

Estos herbicidas son aplicados antes de la siembra del cultivo y generalmente requieren incorporación mecánica al suelo para situarse en los primeros 5 a 10 cm de profundidad y evitar su degradación por la luz o su volatilización. Normalmente, estos herbicidas tienen poca solubilidad en agua, por lo que la lluvia o riegos no los lixivian o mueven en el suelo. Este tipo de herbicidas afecta a las semillas de maleza al germinar o emerger sin afectar al cultivo, el cual debe ser sembrado por debajo de la capa de suelo donde se sitúa la mayor concentración del herbicida. La incorporación mecánica de los herbicidas se realiza por medio de un paso de rastra de discos o cultivadora rotativa y se logra una mejor distribución de los productos en suelo seco. Un buen ejemplo de este tipo de herbicidas son trifluralina y pendimetalina de amplio uso en soya (Reedy *et al.* 1999).

Herbicidas pre-emergentes

Son los herbicidas que se aplican después de la siembra, pero antes de que emerjan la maleza y la soya. Los herbicidas pre-emergentes requieren de un riego o precipitación en los primeros 10 días después de su aplicación para situarse en los primeros 5 cm de profundidad del suelo, donde germina la mayor parte de la semilla de maleza. Este tipo de herbicidas elimina a las malas hierbas en germinación o recién emergidas, lo que evita la competencia temprana con el cultivo. Los herbicidas pre-emergentes presentan una gran interacción con algunas características del suelo como son: textura, pH y materia orgánica que pueden afectar la cantidad de herbicida disponible en el suelo para controlar la maleza. Por lo general la dosis de este tipo de herbicidas se ajusta según el tipo de suelo, contenido de materia orgánica y pH del suelo, requiriendo una mayor dosis en suelos arcillosos y con alto contenido de materia orgánica y menor dosis en suelos alcalinos (Anderson, 1996). La elección de los herbicidas preemergentes depende de las especies de maleza observadas en ciclos anteriores, de las características del suelo y la rotación de cultivos. Es común el uso de mezclas de herbicidas pre-emergentes para ampliar su espectro de control.

Herbicidas post-emergentes

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Si la maleza se presenta cuando los cultivos ya están establecidos es común que se requiera la aplicación de herbicidas post-emergentes (POST) para eliminarla y evitar su competencia y producción de nuevas semillas. Es importante señalar que en la mayoría de los casos, la aplicación de herbicidas POST debe realizarse sobre maleza en sus primeros estados de desarrollo (2 a 4 hojas) cuando es más susceptible a los herbicidas y su competencia es mínima. Los herbicidas POST pueden ser más económicos para el productor al utilizarse sólo donde se presenta la maleza. La actividad de los herbicidas POST depende de factores como su grupo químico, especies de malezas presentes y condiciones de clima como velocidad del viento, temperatura del aire, humedad relativa y presencia de lluvia. Estos factores influyen para obtener un cubrimiento uniforme de la aspersión sobre la maleza y su posterior absorción. El cubrimiento adecuado de la maleza es más crítico con el uso de herbicidas POST de contacto que con los de acción sistémica. Las condiciones óptimas para lograr un buen control de maleza con los herbicidas POST son: maleza en sus primeras etapas de desarrollo y en crecimiento activo, temperatura del aire de 20 a 30º C, humedad relativa mayor de 60%, buena humedad del suelo y ausencia de rocío sobre la maleza y ausencia de lluvias por 4 a 6 horas después de la aplicación (Buhler, 1998).

Para el manejo de malezas en la región agrícola de Chihuahua en la que se siembra maíz, la aparición más abundante de malas hierbas ocurre de los 30-40 días después de la emergencia del maíz que, al no eliminarlas oportunamente, disminuyen el rendimiento del cultivo en función de la especie, población y demora en control. Para la región agrícola de Chihuahua, el INIFAP recomendó los siguientes tratamientos[75]:

Tabla 33. Manejo de malezas en la Zona Agrícola de Chihuahua. (Adaptada de: INIFAP, 2009)

Control de malezas	Descripción	Ingrediente Activo	Categoría toxicológica
PAQUETE TECNOLOGICO PARA MAIZ DE RIEGO CICLO AGRÍCOLA PRIMAVERA-VERANO			
Hoja ancha	Aplicar a razón de 17 g.i.a/ha en post-emergencia	Atrazina	Ligeramente tóxico
	Aplicar a razón de litro y medio de i.a/ha en post-emergencia. Cuando el maíz tenga de 10 a 15 días de nacido.	2,4-D Amina	Moderadamente tóxico
PAQUETE TECNOLOGICO PARA MAIZ DE RIEGO CICLO AGRÍCOLA OTOÑO INVIERNO			
Gramíneas	Aplicar 11/2 kg/ha de Atrazina después de la última escarda y de uno a ocho días antes del 1er. riego de auxilio. Si se tienen problemas con zacates	Atrazina	Ligeramente tóxico
		Pendimetalin	Moderadamente tóxico

[75] http://www.inifap-chihuahua.gob.mx/index.cfm?fuseaction=browse&id=4048&pageid=115

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

	(Johnson) aplicar 2.5 lt/ha de Pendimetalin, junto con la atrazina	

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

VII. Número de autorización expedida por SALUD cuando el OGM tenga finalidades de salud pública o se destine a la biorremediación. En caso de no contar con la autorización al momento de presentar la solicitud de permiso, el promovente podrá presentarla posteriormente anexa a un escrito libre, en el que se indique el número de autorización

Este numeral aplica a aquellos OGM cuya finalidad sea de salud pública o biorremediación, por lo que en estricto sentido este requisito NO APLICA para la presente solicitud, sin embargo Syngenta desea exponer que el híbrido de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9 cuenta con la Autorización Sanitaria expedida por la Secretaría de Salud, a través de la Comisión Federal para la Protección contra Riesgos Sanitarios, con fecha 04 de Agosto de 2010. Sin embargo, los eventos parentales se encuentran plenamente autorizados por la SSA. Para el evento parental SYN-BT-Ø11-1, la autorización se otorgó el 16 de Julio de 2007; para MON-ØØØ21-9, el 24 de Mayo de 2002 y para el evento parental SYN-IR162-4, la autorización se otorgó el 20 de Enero de 2010[76]. Estos eventos parentales también están aprobados en el país de origen, por lo que no se espera ningún riesgo a la salud humana en el caso de que se presentase la liberación no deseada del evento SYN-BTØ11-1 x SYN-IR162-4 x MON-ØØØ21-9.

76 http://www.cofepris.gob.mx/work/sites/cfp/resources/LocalContent/521/5/lista_evaluacion_casoxcaso_ogm_ene_2010.pdf

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

VIII. La propuesta de vigencia para el permiso y los elementos empleados para determinarla

Se propone que la vigencia del permiso solicitado sea para el ciclo PV-2011 en los sitios propuesto del Municipio de Ahumada. Janos, Buenaventura y Cusihuiriachi, contemplando desde la importación de la semilla hasta la destrucción del producto de la cosecha y disposición final de los productos del ensayo (incluyendo el transporte interestatal si fuera necesario). En Chihuahua se siembra entre el 1 de Abril al 15 de Mayo, si las condiciones así lo permiten, para cosecharse cuando el grano alcance del 18 al 22 % de humedad la que se da por los meses deOctubre-Noviembre [77], sin embargo se debe contemplar los factores abióticos para que la siembra se pueda dar en la época usual.

[77] Visitar: http://www.inifap.gob.mx/Biblioteca/Paquetes/110.pdf

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

MANTENIMIENTO DE REGISTROS

Los datos presentados, copia de esta solicitud y otros registros relevantes de soporte a esta solicitud de permiso de liberación en fase experimental son archivados y mantenidos acorde a estándares de operación en Syngenta Agro, México y Syngenta Biotechnology, Inc. en Research Triangle Park, NC 27709-2257, USA.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABSTC, (2002). Field Surveys Of Non-Target Invertebrate Populations In Bt Maize. Report submitted March 14, 2002. Author: Agricultural Biotechnology Stewardship Technical Committee – Non-Target Organism Subcommittee. MRID No 45652001.

Aragón Cuevas, F. *et al*. 2006. Actualización de la información sobre los maíces criollos de Oaxaca. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias, Informe final SNIB-CONABIO proyecto No. CS002 México D. F. http://www.conabio.gob.mx/institucion/proyectos/resultados/InfCS002.pdf (accesado el 15/04/2009).

Australia New Zealand Food Authority. (2001). Food derived from insectprotected, herbicide tolerant corn Bt-11. A Safety Assessment. TECHNICALREPORT SERIES NO. 10

Aylor, D. E. Settling speed of corn (*Zea mays*) pollen. J. Aerosol Sci. 2002, 33, 1601-1607.

Bakan B., Melcion D., Richard-Molard D. and Cahagnier B. 2002 Fungal growth and Fusarium mycotoxin content in isogenic traditional maize and genetically modified maize grown in France and Spain. J Agric Food Chem 50(4): 728–731.

Balcázar Lara M.A. 1999. Catalogación de la colección de mariposas diurnas del Instituto de Biología de la UNAM. Departamento de Zoología, IBUNAM Bases de datos SNIB-CONABIO. Proyecto J 83. México, D.F. Consultado: 29/06/2009

Bannert M., Stamp P. 2007. Cross-pollination of maize at long distance. Europ. J. Agronomy 27 (2007) 44–51.

Beccaloni, G. W., Scoble, M. J., Robinson, G. S. & Pitkin, B. (Editors). 2003. The Global Lepidoptera Names Index (LepIndex). World Wide Web electronic publication. http://www.nhm.ac.uk/entomology/lepindex (accesado 22/06/2009)

Bevan, M., Barnes, W., M., Chilton, M.-D. 1983. Structure and transcription of the nopaline synthase gene región of T-DNA. Nucl. Acid. Res. 11:369-385.

Blackwood CB, Buyer JS (2004) Soil microbial communities associated with Bt and non-Bt corn in three soils. In Journal of Environmental Quality, Vol 33, pp 832-836

Bourguet, D., Chaufaux, J., Micoud, A., Delos, M., Naibo, B., Bombarde, F., Marque, G., Eychenne, N. and Pagliari, C., 2002. Ostrinia nubilalis parasitism and the field abundance of non-target insects in transgenic Bacillus thuringiensis corn (Zea mays). Environ. Biosafety Res. 1, pp. 49–60

Bourguet D., Chaufaux J., Séguin M., Buisson C., Hinton J. L., Stodola T. J., Porter P., Cronholm G.. Buschman L.L, Andow D. A.. 2003. Frequency of alleles conferring

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

resistance to Bt maize in French and US corn belt populations of the European corn borer, Ostrinia nubilalis. Theor Appl Genet (2003) 106:1225–1233

Bourguet Denis. 2004. Resistance to Bacillus thuringiensis toxins in the European corn borer: what chance for Bt maize? Physiological Entomology Volume 29 Issue 3, Pages 251 – 256.

Brookes G., Barfoot P., Melé E., Messeguer J., Bénétrix F., Bloc D., Foueillassar X., Fabié A. & Poeydomenge C. 2004. Genetically modified maize: pollen movement and crop coexistence. Disponible en: http://www.pgeconomics.co.uk/pdf/Maizepollennov2004final.pdf

Brusca, R.C. y Brusca, G.J. 2002. Invertebrates. 2da Edición. Sinauer Associates,Inc., E.U.A, p. 600

Centro de Inventigaciòn Regional del Noroeste. Campo Experimental Rio Bravo.2009. Guía para la asistencia técnica agropecuaria para el área de influencia del Campo Experimental Río Bravo. INIFAP-CIRNE. Disponible en: http://www.inifapcirne.gob.mx

Candolfi M, Brown K, Grimm C, Reber B, Schmidli, H (2004). A faunistic approach to assess potential side-effects of genetically modified Bt-corn on non-target arthropods under field conditions. Biocontrol Science and Technology 14: 129-170.

Comisión para la Cooperación Ambiental de América del Norte (CCA), 2006. Ecorregiones terrestres mapa y datos geográficos - Atlas Ambiental de América del Norte. Disponible en: http://www.cec.org/naatlas/maps/index.cfm?catId=7&mapId=15&varlan=espanol (accesado 15/06/2009).

Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas (CONANP), 2008. Cobertura de las 166 Áreas Naturales Protegidas Federales. Disponible en: http://www.conanp.gob.mx/sig/informacion/info.htm (accesado 09/02/09).

Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO), (1999). Cartografía: "Uso de suelo y vegetación modificado por CONABIO". Escala 1: 1000000. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Ciudad de México, México. Disponible en: http://conabioweb.conabio.gob.mx/metacarto/metadatos.pl (accesado 27/03/2009).

Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (Conabio), (2004a). "Regiones Terrestres Prioritarias". Escala 1:1000000. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Ciudad de México, México Disponible en: http://conabioweb.conabio.gob.mx/metacarto/metadatos.pl (accesado 27/03/2009).

Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, CONABIO (2004b). "Mapa base del estado de Chihuahua". Escala de impresión 1: 1 850000 . Comisión

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Ciudad de México, México. Disponible en: http://conabioweb.conabio.gob.mx/metacarto/metadatos.pl (accesado 27/03/2009).

Comisión Nacional para el Uso de la Biodiversidad (CONABIO). 2006. Documento base sobre centros de origen y diversidad en el caso de maíz en México. Elementos para la determinación de centros de origen y centros de diversidad genética en general y el caso específico de la liberación experimental de maíz transgénico al medio ambiente en México. 33 pp. http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/bioseguridad/doctos/Doc_CdeOCdeDG.pdf (accesado 09/02/2009)

Comisión Nacional para el Uso de la Biodiversidad (CONABIO), Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas (CONANP), The Nature Conservancy – Programa México (TNC), Pronatura. 2007. "Sitios prioritarios terrestres para la conservación de la biodiversidad". Escala 1: 1000000. D.F., México.Disponible en: http://conabioweb.conabio.gob.mx/metacarto/metadatos.pl (accesado 27/03/2009).

Chowdhury E. H., Kuribara H., Hino A., Sultana. P, Mikami O., Shimada N., Guruge K. S., Saito M., and Nakajima Y. (2003b). Detection of corn intrinsic and recombinant DNA fragments and Cry1Ab protein in the gastrointestinal contents of pigs fed genetically modified corn BT11. J. Anim. Sci. 2003. 81:2546–2551.

Chowdhury E. H., Shimada N., Murata H., Mikami O., Sultana P., Miyazaki S., Yoshioka M., Yamanaka N., Hirai N., Nakajima Y. (2003a) Detection of Cry1ab protein in gastrointestinal contents but not visceral organs of genetically modified BT11-fed calves. Veterinary and human toxicology 2003, vol. 45, no2, pp. 72-75.

Devare M, Jones CM, Thies JE. (2004). Effect of Cry3Bb transgenic corn and tefluthrin on the soil microbial community: biomass, activity, and diversity. Journal of Environmental Quality 33: 837-843.

Doebley J., Stec A., Wendel J. and Edwards M. 1990. Genetic and morphological analysis of a maize-teosinte F2 population: Implication for the origin of maize. PNAS. Vol. 87, pp 9888-9892. December 1990.

Doebley J. The genetics of maize evolution. Annu. Rev. Genet. 2004. 38:37–59

Donegan, K. K., Palm, C. J., Fieland, V. J., Porteous, L. A., Ganio, L. M., Schaller, D. L., Bucao, L. Q. and Seidler, R. J. (1995) Changes in levels, species and DNA fingerprints of soil microorganisms associated with cotton expressing the *B. thuringiensis* var. *kurstaki* endotoxin. Applied Soil Ecology 2:111-124.

Dutton A, Klein H, Romeis J, Bigler F (2002) Uptake of Bt-toxin by herbivores feeding on transgenic maize and consequences for the predator Chrysoperla carnea. Ecol Entomol 27: 441-447

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Dutton A, Romeis J, Bigler F (2003) Assessing the risks of insect resistant transgenic plants on entomophagous arthropods: Bt-maize expressing Cry1Ab as a case study. In BioControl, Vol 48, pp 611-636

EFSA (2005) Opinion of the Scientific Panel on Genetically Modified Organisms on a request from the Commission related to the notification (Reference C/F/96/05.10) for the placing on the market of insect resistant genetically modified maize SYN-BT-Ø11-1, for cultivation, feed and industrial processing, under Part C of Directive 2001/18/EC from Syngenta Seeds1(Question No EFSA-Q-2004-012) Opinion adopted on 20 April 2005. http://www.efsa.eu.int/science/gmo/gmo_opinions/922/gmo_opinion_ej213_SYN-BT-Ø11-1_X_MON-ØØØ21-9maize_cultivation_en1.pdf

Ellstrand N. C., Garner L. C., Hegde S., Guadagnuolo R. and Blancas L. 2007. Spontaneous Hybridization between Maize and Teosinte. Journal of Heredity 2007:98(2):183–187.

Evans M.M.S., Kermicle J.L. 2001 Teosinte crossing barrier1, a locus governing hybridization of teosinte with maize.Theor Appl Genet (2001) 103:259–265

Evans H F. 2002. Environmental Impact of Bt Exudates from Roots of Genetically Modified Plants. Final Report. DEFRA Research Contract EPG 1/5/156. http://randd.defra.gov.uk/Document.aspx?Document=CB02007_2735_FRP.pdf

ESRI, 2008. Cartografía: "Áreas urbanas de México". Source 1: Proyecto México Información Cartográfica Digital (SIGSA). Escala1: 400000. Datos al 2007.

Farinós G, Poza M, Hernández-Crespo P, Ortego F, Castañera P (2004). Resistance monitoring of field populations of the corn borers Sesamia nonagrioides and Ostrinia nubilalis after 5 years of Bt maize cultivation in Spain. Entomologia Experimentalis et Applicata 110: 23-30.

Feil, B. and Schmid, J. E. 2002.Dispersal of maize, wheat and rye pollen. A contribution to determining the necessary isolation distances for the cultivation of transgenic crops; Shaker Verlag: Aachen, Germany.

Firbank L. G., Heard M. S., Woiwod I. P., Hawes C., Haughton A. J., Champion G. T., Scott R. J., Hill M. O., Dewar A. M., Squire G. R., May M. J., Brooks D. R., Bohan D. A., Daniels R. E., Osborne J. L., Roy D. B., Black H. I. J., Rothery P. and Perry J. N. 2003. An introduction to the Farm-Scale Evaluations of genetically modified herbicide-tolerant crops. J. of App. Ecology 2003 40, 2–16

Flores S., Saxenab D., Stotzkyb G. 2005. Transgenic Bt plants decompose less in soil than non-Bt plants. Soil Biology & Biochemistry 37 (2005) 1073–1082.

Folmer J. D., Grant R. J., Milton C. T. and Beck J. 2002. Utilization of Bt corn residues by grazing beef steers and Bt corn silage and grain by growing beef cattle and lactating dairy cows. Journal of Animal Science, Vol 80, Issue 5 1352-1361.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Franck, A., Guilley, H., Jonard, G., Richards, K., Hirth, L. 1980 Nucleotide sequence of cauliflower mosaic virus DNA. Cell 21:285-294

Freeling, M., Bennet, D.C.1985. Maize AdhI. Ann. Rev. Genet. 19:297-323

Gardner, R.C., Howarth, A.J., Hahn, P., Brown-Luedi, M., Sheperd, R.J., Messing, J. 1981. The complete nucleotide sequence of an infectious clone of cauliflower mosaic virus by M13mp7 shotgun sequencing. Nucl. Acid Res. 9:2871-2888

Glare, T.R. & O'Callaghan, M. 2000. Bacillus thuringiensis: Biology, Ecology and Safety. John Wiley & Sons, Chichester.

Goggi S.A., Caragea P., Lopez-Sanchez H., Westgate M., Arritt R., Clark C. 2006. Statistical analysis of outcrossing between adjacent maize grain production fields. Field Crops Research 99 (2006) 147–157.

Guertler P., Lutz B., Kuehn R., Meyer H. H. D., Einspanier R., Killermann B. and Albrecht C. 2008. Fate of recombinant DNA and Cry1Ab protein after ingestion and dispersal of genetically modified maize in comparison to rapeseed by fallow deer (*Dama dama*). Eur J Wildl Res (2008) 54:36–43

Halsey M. E., Remund K. M., Davis C. A., Qualls M., Eppard P. J., and. Berberich S. A. 2005 Isolation of Maize from Pollen-Mediated Gene Flow by Time and Distance. Crop Sci. 45:2172–2185

Harlan J.R. 1971. Agricultural Origins: Centers and Non Centers. Science Vol. 174. Num. 29. Pg 468-474

Hartkamp, A.D., J.W. White, A. Rodríguez Aguilar, M. Bänziger, G. Srinivasan, G. Granados, and J. Crossa. 2000. Maize Production Environments Revisited: A GIS-based Approach. Mexico, D.F.: CIMMYT.

Hernández M., Duplan M-N, Berthier G., Vaitilingom M., Hauser W., Freyer R., Pla M. and Bertheau Y. Development and comparison of four RTi-PCR systems for specific detection and quantification of *Zea mays* L. J. Agric. Food Chem. 2004. 52: 4632-4637.

Hérouet C.,. Esdaile D.J., Mallyon B. A., Debruyne E., Schulz A., Currier T., Hendrickx K., Jan van der Klis R., Rouan D. 2005. Safety evaluation of the phosphinothricin acetyltransferase proteins encoded by the pat and bar sequences that confer tolerance to glufosinate-ammonium herbicide in transgenic plants. Regulatory Toxicology and Pharmacology 41 (2005) 134–149.

Heppner, J. B. 1998. Classification of Lepidoptera. Part 1. Introduction. Holarctic Lepidoptera, 5(suppl. 1): i-vi, 1-148, pls. 1-6.

Hilbeck A, Baumgartner M, Fried PM, Bigler F. (1998a). Effects of transgenic Bacillus thuringiensis corn-fed prey on mortality and development time of immature Chrysoperla carnea (Neuroptera: Chrysopidae). Environ. Entomol 27(2): 480-487.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Hilbeck A, Moar W, Pusztai Carey M, Filippini A, Bigler F. (1998b). Toxicity of Bacillus thuringiensis Cry1Ab toxin to the predator Chrysoperla carnea (Neuroptera: Chrysopidae). Environmental and Experimental Botany 27: 1255-1263.

Höfte, H., Whiteley, H.R. 1989. "Insecticidal crystal proteins of Bacillus thuringiensis" Microbiol. Rev. 53:242-255.

Huang FN, Buschman LL, Higgins RA, Li HR (2002) Survival of Kansas Dipel-resistant European corn borer (Lepidoptera: Crambidae) on Bt and Non-Bt corn hybrids. Journal of Economic Entomology 95: 614-621.

Ingram J. 2000. Report on the separation distances required to ensure cross-pollination is below specified limits in non-seed crops of sugar beet, maize and oilseed rape. National Institute of Agricultural Botany. Report prepared for Ministry of Agriculture, Fisheries and Food Project No: RG0123

Ireland D. S., Wilson D. O. Jr., Westgate M. E., Burris J. S., and Lauer M. J. 2006. Managing Reproductive Isolation in Hybrid Seed Corn Production. Crop Sci. 46:1445–1455 (2006).

Jarosz N., Loubet B., Durand B., McCartney H. A., Foueillassar X., Huber L. 2003. Field measurements of airborne concentration and deposition of maize pollen. Agric. For. Meteorol., 119,37-51.

Johnson K. L., Raybould A. F., Hudson M. D. and Poppy G. M. 2006. How does scientific risk assessment of GM crops fit within the wider risk analysis? TRENDS in Plant Science Vol.12 No.1. Pg 1-5

Kermicle J.L., 2006 A Selfish Gene Governing Pollen-Pistil Compatibility Confers Reproductive Isolation Between Maize Relatives. Genetics 172: 499–506 (January 2006).

Kjellson G and Strandberg M., 2001. Monitoring and Surveillance of Genetically Modified Higher Plants, Birkhäuser Verlag, Germany (2001).

Langhof M., Hommel B., Hüsken A., Schiemann J., Wehling P., Wilhelm R. and Rühl G. 2008 Coexistence in Maize: Do Nonmaize Buffer Zones Reduce Gene Flow between Maize Fields? Crop Sci 48:305-316 (2008)

Lentini Z., Díaz A.L., Quintero M., Burbano E., Silva G., Bolaños E. Valoración en campo del flujo de genes entre híbridos comerciales de maíz (*Zea mays*). Tomo I. 15-29 p. En: Hodson de Jaramillo, E. y Carrizosa P., M.S. (comp.). 2007. Desarrollo de capacidades para evaluación y gestión de riesgos y monitoreo de organismos genéticamente modificados (OGM). Tomo I. Resultados de proyectos específicos. Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt. Bogotá, D.C. Colombia. 99 p.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Letourneau D. K. 1, Robinson G. S. and Hagen J. A. 2003. Bt crops: Predicting effects of escaped transgenes on the fitness of wild plants and their herbivores. Environ. Biosafety Res. 2 (2003) 219–246

Llorente, J., A. M. Luis, I. F. Vargas y J. M. Soberón. 1996. Papilionoidea (Lepidoptera). Cap. 33, pp. 531-548. En: Llorente, J., A.N. García y E. González (Eds.). Biodiversidad, Taxonomía y Biogeografía de Artrópodos de México: Hacia una Síntesis de su Conocimiento. Instituto de Biología. UNAM. México

Llorente, J. y A. Luis. 1998. Lista sinonímica de los Papilionidea (Insecta: Lepidoptera) de México. Proyecto Conabio Q004.

Loria R.,. Bukhalid R. A., Fry B. A.,. King R. R. 1997. Plant Pathogenicity in the Genus *Streptomyces. Plant Disease Vol* 81 No. 8: 836-846 (Aug. 1997).

Luis Martínez M.A. 1998. *Papilionoidea* de México Parte I: *Papilionoidae* y *Pieridae*. Museo de Zoología "Alfonso L Herrera", Departamento de Biología, F.C. UNAM Bases de datos SNIB-CONABIO proyecto P 63 México, D.F. Consultado: 29/06/2009

Luis Martínez Armando, Llorente Bousquets Jorge, Vargas Fernández Isabel y Gutiérrez Ana Lilia. 2000. Síntesis preliminar del conocimiento de los *Papilionoidea* (Lepidoptera: Insecta) de México. In: Hacia un Proyecto CYTED para el Inventario y Estimación de la Diversidad Entomológica en Iberoamérica: PrIBES-2000. Martín-Piera, F., J.J. Morrone & A. Melic (Eds.) ISBN: 84-922495-1-x m3m : Monografías Tercer Milenio vol. 1, SEA, Zaragoza, 2000. pp.: 275 - 285.

Luis M. A., Llorente B. J., Vargas F. I. y Warren A. D. 2003. Biodiversity and Biogeography of mexican butterflies (*Lepidoptera*: *Papilionoidea and Hesperioidea).* Proc. Entomol. Soc. Wash. 105 (1), 2003. 209-224.

Lumbierres B.N., Albajes R. and Pons X. Transgenic Bt maize and *Rhopalosiphum padi* (Hom., Aphididae) performance. Ecological Entomology (2004) 29, 309–317

Luna R. M. y Llorente B.J. 2004. Papilionoidea (Lepidoptera: Raphalocera) de la Sierra Nevada, México. Acta Zoológica Mexicana (n.s.) 20 (2) 79-102 (2004).

Luna S. V., Figueroa J. M., Baltazar B. M., Gomez L R., Townsend R., and Schoper J. B. 2001. Maize Pollen Longevity and Distance Isolation Requirements for Effective Pollen Control. Crop Sci. 41:1551–1557.

Lutz B., Wiedemann S., Einspanier R., Mayer J., and Albrecht C., 2005. Degradation of Cry1Ab Protein from Genetically Modified Maize in the Bovine Gastrointestinal Tract. J. Agric. Food Chem. 2005, 53, 1453-1456.

Marín L., León-Cortés J. L. and Stefanescu C. 2009. The effect of an agro-pasture landscape on diversity and migration patterns of frugivorous butterflies in Chiapas, Mexico. Biodivers Conserv (2009) 18:919–934

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Mascarenhas, D., Mettler, I.J., Pierce, D.A., Lowe, H.W. 1990. Intron-mediated enhancement of heterologous gene expression in maize. Plant Mol. Biol. 15:913-920

Matsuoka Y., Vigouroux Y., Goodman M. M., Sanchez G. J., Buckler E. and Doebley J. A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping PNAS vol. 99 no. 9, pag. 6080–6084

Melé, E., Messeguer, J., Bénétrix, F., Bloc, D., Foueillassar, X., Fabié, A. and Poeydomenge, C. (2004) Genetically modified maize: pollen movement and crop coexistence. PG Economics 2004.

Messeguer, J., Ballester J., Peñas, G. Olivar, J., Alcalde E. and Melé E., (2003) Evaluation of gene flow in a commercial field of maize IRTA. Servei de Producció Agrícola. 1st European Conference on the Co-existence of Genetically Modified Crops with Conventional and Organic Crops.

Messeguer, J., Peñas G., Ballester J., Bas M., Serra J., Salvia J., Palaudelmàs M., and Melé E. 2006. Pollen-mediated gene flow in maize in real situations of coexistence. Plant Biotechnol. J. 4:633–645.

Morrone Juan J., Llorente-Bousquets Jorge. 2006. Componentes bióticos principales de la Entomofauna Mexicana Vol II. Las Prensas de Ciencias. UNAM

Motavalli P. P., Kremer R. J., Fang M., and Means N. E. 2004. Impact of Genetically Modified Crops and Their Management on Soil Microbially Mediated Plant Nutrient Transformations. J. Environ. Qual. 33:816–824 (2004).

Munkvold, G.P. and Hellmich, R.L. 1999. Comparison of fumonisin concentrations in kernels of transgenic Bt maize hybrids and nontransgenic hybrids. Plant Disease, Vol. 83, No. 2, pp.130–138

Musser F. R. and Shelton A. M. 2003a Bt Sweet Corn and Selective Insecticides: Impacts on Pests and Predators. Journal of Economic Entomology 96(1):71-80. 2003

Musser, F. R. and A. M. Shelton.2003b Factors altering the temporal and within-plant distribution of coccinellids in corn and their impact on potential intra-guild predation. Environ. Entomol 2003. 32:575–583

Musser F. R. and Shelton A. M. 2003c Predation of *Ostrinia nubilalis* (Lepidoptera: Crambidae) Eggs in Sweet Corn by Generalist Predators and the Impact of Alternative Foods. Environmental Entomology 32(5):1131-1138. 2003

Niebur, W. S., (1993) Maize. *In:* Traditional crop breeding practicies: an historical review to serve as a baseline for assessing the role of modern biotechnology. OECD pp 113-121. http://www.oecd.org/dataoecd/57/48/1946204.pdf

Northrup King Co., 1995. Petition for Determination of Nonregulated status for: Insect Protected Corn (Zea mays L.) expressing the Cry1A(b) gene from *Bacillus*

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

thuringiensis var. *kurstaki*. Petition number:95-19501. Disponible en: http://www.agbios.com/docroot/decdocs/05-097-001.pdf

OECD, 1999. Consensus Document On General Information Concerning The Genes And Their Enzymes That Confer Tolerance To Phosphinothricin Herbicide. Series on Harmonization of Regulatory Oversight in Biotechnology No. 11 Paris, France: Joint Meeting of the Chemicals Committee and the Working Party on Chemicals, Pesticides and Biotechnology, Environment Directorate, Organisation for Economic Co-operation and Development. 26 pp. http://www.olis.oecd.org/olis/1999doc.nsf/LinkTo/NT00002CCE/$FILE/06E96250.PDF

(accesado 27/05/2009)

OECD. 2003. *Consensus Document On The Biology Of Zea mays Subsp. mays (Maize).* Series on Harmonisation of Regulatory Oversight in Biotechnology, No. 27. Paris, France: Joint Meeting of the Chemicals Committee and the Working Party on Chemicals, Pesticides and Biotechnology, Environment Directorate, Organisation for Economic Co-operation and Development. 49 pp. http://www.olis.oecd.org/olis/2003doc.nsf/LinkTo/NT0000426E/$FILE/JT00147699.PDF (accesado 03/03/2009).

OECD. 2007. *Consensus Document On Safety Information On Transgenic Plants Expressing Bacillus thuringiensis - Derived Insect Control Proteins.* Series On Harmonisation Of Regulatory Oversight In Biotechnology No. 42. ENV/JM/MONO(2007)14. Paris, France: Joint Meeting of the Chemicals Committee and the Working Party on Chemicals, Pesticides and Biotechnology, Environment Directorate, Organisation for Economic Co-operation and Development. 109 pp.

OGTR. 2008. The Biology of *Zea mays* L. spp. *mays* (maize or corn). 81 pp. Office of the Gene Technology Regulator. Australian Government. http://www.ogtr.gov.au/internet/ogtr/publishing.nsf/Content/riskassessments-1 (accesado 05/03/2009).

Olzewski, N.E. Martin, F.B.; Ausubel, F.M. 1988. Specialized binary vector for plant transformación: Expression of the *Arabidopsis thaliana* AHAS gene in *Nicotiana tabacum*. Nucleic Acid Res. 16:10765-10782

Paliwal R. L., Gonzalo Granados G., Lafitte H. R. y Violic A.D. 2001. El maíz en los trópicos. Mejoramiento y Producción. Grupo de Cultivos Alimentarios Extensivos Servicio de Cultivos y Pastos.Dirección de Producción y Protección Vegetal de la FAO. http://www.fao.org/docrep/003/X7650S/x7650s00.htm#toc (accesado 06/03/2009).

Pietrzak, M. Shilito, R.D., Hohn, T., Potrykus, I. 1986. "Expression in plants of two bacterial antibiotic resistance genes after protoplast transformation with a new plant expression vector". Nucleic Acid Res.14:5857-5862

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Piperno D. R. and Flannery K. V. 2001. The earliest archaeological maize (Zea mays L.) from highland Mexico: New accelerator mass spectrometry dates and their implications. PNAS vol. 98, no. 4, 2101–2103

Piperno D. R., Ranere A. J., Holst I., Iriarte J. and Dickau R. 2009. Starch grain and phytolith evidence for early ninth millennium B.P. maize from the Central Balsas River Valley, Mexico. PNAS vol. 106, no. 13, pag. 5019–5024.

Pons X, Stary P (2003) Spring aphid-parasitoid (Hom., Aphididae, Hym., Braconidae) associations and interactions in a Mediterranean arable crop ecosystem, including Bt maize. In J. Pest Science, Vol 76, pp 133-138.

Raps A, Kehr J, Gugerli P, Moar WJ, Bigler F, Hilbeck A (2001) Immunological analysis of phloem sap of *Bacillus thuringiensis* corn and of the nontarget herbivore *Rhopalosiphum padi* (Homoptera: *Aphididae*) for the presence of Cry1Ab. Molecular Ecology 10: 525-533.

Raynor, G. S., Ogden, E. C., Hayes, J. V. Dispersion and deposition of corn pollen from experimental sources. Agron. J. 1972, 64, 420-427.

Robinson G. S., Ackery P. R., Kitching I. J., Beccaloni G. W. and Hernández L. M. 1999. HOSTS - a Database of the World's Lepidopteran Hostplants. http://www.nhm.ac.uk/jdsml/research-curation/research/projects/hostplants/index.dsml (Accesado 22/06/2009).

Romeis J, Dutton A, Bigler F (2004) *Bacillus thuringiensis* toxin (CryAb) has no direct effect on larvae of the green lacewing Chrysoperla carnea (Stephens) (Neuroptera : *Chrysopidae*). In Journal of Insect Physiology, Vol 50, pp 175-183.

Rønning, S.B., Vaïtilingom, M, Berdal, K.G. & Holst-Jensen, A. 2003. Event specific real-time quantitative PCR for genetically modified BT11 maize (*Zea mays*). Eur Food Res Technol 216: 347– 354.

Sánchez-González J.J., Kato-Yamamake, A., Aguilar San Miguel M., Hernández Casillas J.M., López-Rodríguez A. y Ruiz-Corral J.A. 1998. Distribución y Caracterización del Teocintle. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP). Campo de Investigación del Pacífico Centro. 149 pp.

Sánchez- González J.J. and Ruiz Corral J.A. 1997. Teosinte Distribution in Mexico. *In:* Gene Flow Among Maize, Landraces, Improved Maize Varieties, and Teosinte: Implications for Transgenic Maize. Eds: Serratos, J.A., M.C. Willcox, and F. Castillo-González . Mexico, D.F. CIMMYT.

Sanvido O., Stark M., Romeis J. and Bigler F. 2006. Ecological impacts of genetically modified crops Experiences from ten years of experimental field research and commercial cultivation. Agroscope Reckenholz-Tänikon Research Station ART.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Sanvido O., Widmer F., Winzeler M., Streit B., Szerencsits E. and Bigler F. 2008 Definition and feasibility of isolation distances for transgenic maize cultivation. Transgenic Res 17:317–335

Sauthier M. A. y Castaño F. D. 2004. Dispersión del polen en un cultivo de maíz. Ciencia, Docencia y Tecnología Nº 29, Año XV, noviembre de 2004 (229-246).

Schmitz G., Bartsch D. and Pretscher P. 2003. Selection of relevant non-target herbivores for monitoring the environmental effects of Bt maize pollen Environ. Biosafety Res. 2 (2) 117-132 (2003)

Schoelz J., Shepherd R. J., and Daubert S. 1986. Region VI of Cauliflower Mosaic Virus Encodes a Host Range Determinant. Molecular and Cel. Biology, Jul.1986, Vol. 6, No. 7 p. 2632-2637.

Siegfried B. D.,. Zoerb A. C. & Spencer T. 2001. Development of European corn borer larvae on Event 176 Bt corn: influence on survival and fitness. Entomologia Experimentalis et Applicata 100: 15–20, 2001.

Sistema Integrado de Información Taxonómica SIIT*mx. 2009. Generado en: 12-Junio -2009 || Datos o Información como en 30-Enero -2009. http://siit.conabio.gob.mx/pls/itisca/next?v_tsn=117232&taxa=&p_king=Animalia&p_string=containing&p_ifx=itismx&p_lang=es

Sistema de Información de Organismos Vivos Modificados (SIOVM) [en línea]. México, D.F. Proyecto GEF- CIBIOGEM /CONABIO. Fecha de actualización 19/12/2008.. Disponible en web: http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/bioseguridad/doctos/consulta_SIOVM.html Fecha de consulta: 23/03/2009

Stanley-Horn, D.E., Dively, G.P., Hellmich, R.L., Mattila, H.R., Sears, M.K., Rose, R., Jesse, L.C., Losey, J.E., Obrycki, J.J. and Lewis, L. (2001) Assessing the impact of Cry1Ab-expressing corn pollen on monarch butterfly larvae in field studies. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 98 (21) 11931 - 11936

Stevens W. E., Berberich S. A., Sheckell P. A., Wiltse C. C., Halsey M. E., Horak M. J., and Dunn D. J. 2004. Optimizing Pollen Confinement in Maize Grown for Regulated Products. Crop Sci. 44:2146–2153

Strauch, E, Wohlleben, W., Pühler, A. 1988. Cloning of a phosphinotricin N-acetyl transferase gene from *Streptomyces viridochromogenes* Tü494 and its expression in *Streptomyces lividans* and *Escherichia coli*. Gene 63:65-77

Tabashnik, B. (1994) Evolution of resistance to B. thuringiensis. Ann. Rev. Entomol. 39:47-79.

Tabashnik BE, Carrière Y, Dennehy TJ, Morin S, Sisterson MS, Roush RT, Shelton AM, Zhao JZ (2003). Insect resistance to transgenic Bt crops: lessons from the laboratory and field. Journal of Economic Entomology 96: 1031-1038.

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tropicos 2009 *Tropicos.org.* Missouri Botanical Garden. 10 Feb 2009 http://www.tropicos.org

Turrent A., y Serratos A. 2004. Context and Background on Maíze and its Wild Relatives in Mexico. Chap. 1 *In* : Maíze and Biodiversity: The Effects of Transgenic Maíze in Mexico. Article 13 Initative on Maíze and Biodiversity. Ed: José Sarukhán (lead) and Peter Raven. Secretariat of the Commission for Environmental Cooperation of North America. 55 pp. http://www.cec.org/files/PDF//Maize-Biodiversity-Chapter1_en.pdf (accesado 03/03/2009).

Vigouroux Y., Glaubitz J. C., Matsuoka Y., Goodman M. M., Sánchez Jesús G., and Doebley J. 2008. Population structure and genetic diversity of new world maize races assessed by dna microsatellites. American Journal of Botany 95(10): 1240–1253. 2008.

Vollbrecht E. and Sigmon B. 2005 Amazing grass: developmental genetics of maize domestication Biochemical Society Transactions (2005) Volume 33, part 6

Warren, A. D., K. J. Davis, N. V. Grishin, J. P. Pelham, E. M. Stangeland. 2009. Interactive Listing of American Butterflies. [2-VI-09] http://www.butterfliesofamerica.com

Wehrmann A., Van Vliet A., Opsomer C., Bottrmann J., Schulz A. 1996. The similarities of bar and pat gene products make them equally applicable for plant engineers. Nature Biotechnology 14:1274-1278

Weekes R., Allnutt T., Boffey C., Morgan S., Bilton M., Daniels R. and Henry C. 2007. A study of crop-to-crop gene flow using farm scale sites of fodder maize (Zea mays L.) in the UK. Transgenic Res 16:203–211

Wohlleben, W., Arnold, W., Broer, I., Hilleman, D., Strauch, E., Pühler, A. 1988. Nucleotide sequence of the phosphinotricin-N-acetyltransferase gene from *Streptomyces viridochromogenes* Tü494 and its expression in Nicotiana tabacum. Gene 70:25-38

World Health Organization, 1999. Environmental Health Criteria 217.Microbial Pest Control Agent *Bacillus thuringiensis.* Disponible en : http://www.who.int/ipcs/publications/ehc/en/EHC217.PDF (accesado 22/05/09).

Wu F. 2006. Mycotoxin reduction in Bt corn: potential economic, health, and regulatory impacts. Transgenic Research (2006) 15:277–289.

Yanisch-Perron C, Vieira J, Messing J (1985) Improved M13 phage cloning vectors and host strains: nucleotide sequences of the M13mpl8 and pUC19 vectors. Gene 33:103 119

© 2010 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.