Solicitud de liberación experimental de maíz con la tecnología BT11 X MIR604 X GA21 (SYN-BTØ11-1 x SYN-IR6Ø4-5 x MON-ØØØ21-9) en el Estado de Sinlao durante el ciclo OI-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

REQUISITOS DE INFORMACIÓN

(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.

INFORMACION REQUERIDA EN EL Artículo 5 del RLBOGM

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

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 MIR604 x GA21 (SYN-BTØ11-1 x SYN-IR6Ø4-5x 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 Sinaloa, durante el ciclo agrícola Otoño-Invierno (OI) 2011, para sembrar entre Octubre 2011 a Enero 2012.

Esta solicitud se presenta a la autoridad competente con el propósito de analizar los efectos de la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR6Ø4-5 x MON-ØØØ21-9 en el manejo integrado de plagas por insectos lepidópteros y malezas asociadas al cultivo de maíz en Sinaloa, 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:

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- 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-IR6Ø4-5 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 MIR604 x GA21 que incorpora la característica de tolerancia a especies de insectos plaga del cultivo y tolerancia al herbicida glifosato y glufosinato, bajo las condiciones de campo de la zona agrícola de Sinaloa durante el ciclo OI 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 Sinaloa; 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 y glufosinato 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 Sinaloa.

c) Control de maíz voluntario tolerante a glifosato en monocultivo de maíz en la zona agrícola de Sinaloa:
El objetivo principal del estudios 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 Sinaloa:

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:

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Para cumplir con los objetivos planteados en la presente solicitud, es necesario importar **11.66 kg de semilla de maíz** con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR6Ø4-5 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.

V. Lugar y fecha

México, D.F. a 20 de julio de 2011.

VI. Firma del interesado o del representante legal, o en su caso, huella digital.

El apoderado para representar a Syngenta Agro ante la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación es Rocío Madrid Ayala; dicho poder legal se encuentra documentado en la Escritura número 67,909 registrada ante el Notario Público 110 del Distrito Federal y Lydia González Trinidad; dicho poder legal se encuentra documentado en la Escritura número 75,782 registrada ante el Notario Público 110 del Distrito Federal.

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

© 2011 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-604-5 x MON-ØØØ21-9 en maíz**

Las plantas de maíz derivadas de la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR6Ø4-5 x MON-ØØØ21-9 expresan cinco proteínas. Dos de ellas tienen carácter insecticida, una de tolerancia a herbicidas y la última ha sido utilizada como marcador de selección. El híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21 fue producido combinando los eventos BT11, MIR604 y GA21 a través de mejoramiento convencional. Por consiguiente no se realizó ninguna modificación en el maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21, y como fue previsto, las plantas producen las cinco proteínas presentes en el maíz BT11, el maíz MIR604 y en el maíz GA21: Cry1Ab, PAT, mCry3A, 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 posteriormente se introdujo en

[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, cuando encuentre referencias hacia Btk, se refiera como Cry1A(b) y su respectivo gen. Por cuestiones de integridad de las fuentes citadas, no se 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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-IR6Ø4-5 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-IR604-5 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 tercera proteína es codificada por el gen *mCry3A*, variante del gen *mCry3A*

La cuarta proteína PMI es una fosfomanosa isomeraza 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 triptofano 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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

© 2011 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

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 MIR604 x GA21 es: SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 x MON-ØØØ21-9.

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

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

[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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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

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)

© 2011 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 Cristobal 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.)

© 2011 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 (Tropicos, 2009):

Reino: *Plantae*

División: *Magnoliophyta*

Clase: *Liliopsida* Scop.

Subclase: *Commelinidae* Takht.

Órden: *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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 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, Conico, Conico Norteño, Chalqueño, Elotes Conicos
- **Baja California Sur:** Tabloncillo Perla, Tuxpeño
- **Campeche:** Clavillo, Dzit-Bacal, Nal-Tel
- **Chihuahua:** Apachito, Azul, Blandito, Bolita, Celaya, Conico, Conico Norteño, Cristalino de Chihuahua, Chalqueño, Dulcillo del Noroeste, Gordo, Harinoso de Ocho, Lady Finger, Maíz Dulce, Maízon, Palomero, Palomero de Chihuahua, Reventador, San Juan, Tabloncillo, Tabloncillo Perla, Tehua, Tuxpeño, Tuxpeño Norteño.
- **Chiapas:** Celaya, Clavillo, Comiteco, Conico, Dzit-Bacal, Elotes Occidentales, Motozinteco, Nal-Tel, Nal-Tel de Altura, Olotillo, Oloton, Tabloncillo Perla, Tehua,Tepecintle,Tuxpeño,Vandeño, Zapalote Chico, Zapalote Grande.
- **Coahuila**: Celaya, Conico Norteño, Elotes Occidentales, Ratón, Tehua, Tuxpeño, Tuxpeño Norteño.
- **Colima**: Jala, Reventador, Tabloncillo, Tabloncillo Perla, Tuxpeño, Vandeño.
- **Durango:** Blandito, Blandito de Sonora, Bofo, Bolita, Celaya, Conico, Conico 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 Conicos, Elotes Occidentales, Mushito, Nal-Tel, Olotillo, Pepitilla, Reventador, Tabloncillo, Tepecintle,Tuxpeño, Vandeño.
- **Guanajuato:**Tuxpeño, Celaya, Conico, Conico Norteño, Chalqueño, Elotes Conicos, Elotes Occidentales, Reventador, Maíz Dulce, Mushito, Fasciado
- **Hidalgo**: Arrocillo, Arrocillo Amarillo, Bolita, Cacahuacintle, Celaya, Conico, Conico Norteño, Chalqueño, Dzit-Bacal, Elotes Conicos, Elotes Occidentales, Mushito, Olotillo, Oloton, Tuxpeño.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Jalisco**: Azul, Bolita, Bofo, Celaya, Complejo Serrano de Jalisco, Conico, Conico Norteño, Chalqueño, Dulce de Jalisco, Elotes Conicos, 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, Conico, Conico Norteño, Chalqueño, Elotes Conicos, Palomero, Palomero Toluqueño, Pepitilla, Tuxpeño.

- **Michoacán**: Cacahuacintle, Celaya, Conejo, Conico, Conico Norteño, Chalqueño, Dzit-Bacal, Elotes Conicos, 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, Conico, Conico Norteño, Elotes Occidentales, Harinoso de Ocho, Jala, Maíz Dulce, Olotillo, Reventador, Tablilla de Ocho, Tabloncillo, Tabloncillo Perla, Tuxpeño, Vandeño.

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

- **Oaxaca**: Bolita,Tuxpeño, Celaya, Conico, Conico Norteño, Chalqueño, Elotes Conicos, Olotillo, Vandeño, Nal-Tel, Nal-Tel de Altura, Mushito, Tepecintle, Oloton, Conejo, Zapalote Chico, Zapalote Grande

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

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

- **Querétaro**: Bofo, Celaya, Conico, Conico Norteño, Chalqueño, Elotes Conicos, 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, Conico, Conico Norteño, Chalqueño, Dzit-Bacal, Elotes Conicos, 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Tlaxcala**: Arrocillo, Arrocillo Amarillo, Cacahuacintle, Conico, Chalqueño, Elotes Conicos, Palomero, Palomero Toluqueño.

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

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

- **Zacatecas**: Bofo, Bolita, Celaya, Conico, Conico Norteño, Chalqueño, Dulce de Jalisco, Dulcillo del Noroeste, Elotes Conicos, 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, Tarahumare 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

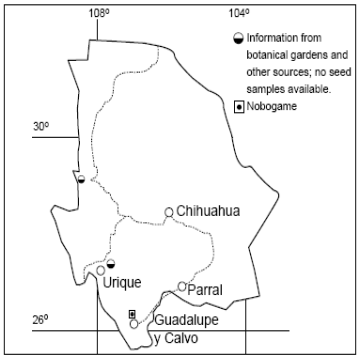


Figura 2: Distribución de teocintle raza Nobogame en Chihuahua. Tomada de: Sánchez-González J.J *et al.,* 1997.

- **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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

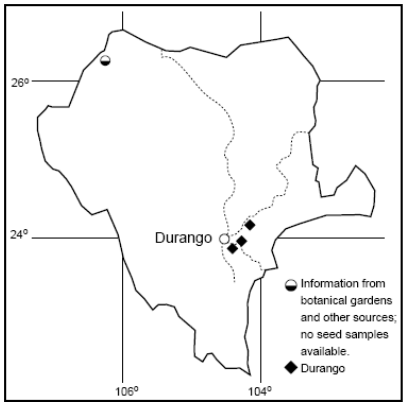


Figura 3: Distribución de teocintle en Durango. Tomada de: Sánchez- González J.J *et al.,* 1997.

- **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.

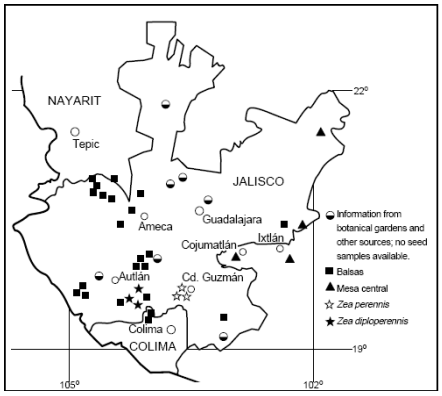
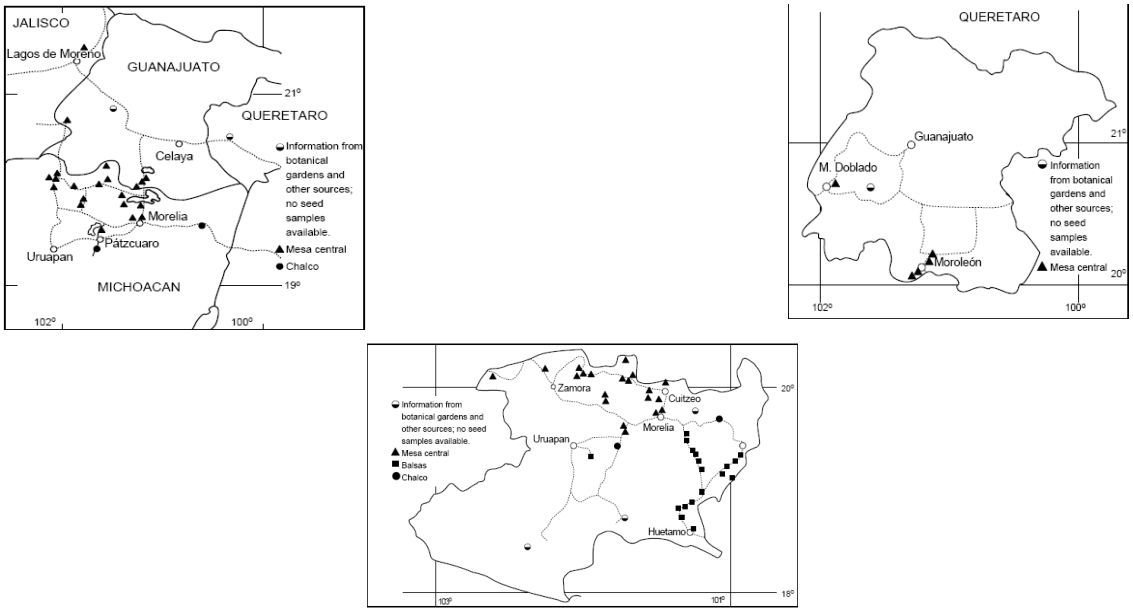


Figura 4: Distribución de teocintle en el occidente de México. Tomada de: Sánchez-González J.J *et al.,* 1997

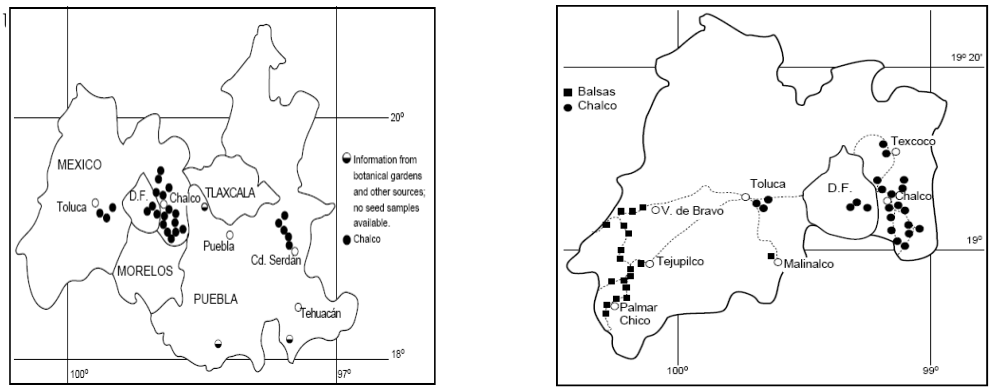
- **El Bajío.** Región del Altiplano Mexicano que comprende zonas de los estados de Guanajuato y Michoacán se distribuyen teocintles de las razas Balsas y Mesa Central. En Gunajuato se han identificado claramente dos poblaciones al noroeste del estado en Manuel Doblado y al sur en Yuriria, Moroleón-Uriangato 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.

© 2011 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 distribuídos 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 estra región *Zea mays* subsp. *mexicana* crece casi exclusivamente como maleza. Situación de las poblaciones a 1998: Estable, sn embargo las de Los Reyes y Chalco, en alto riesgo por la



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

© 2011 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

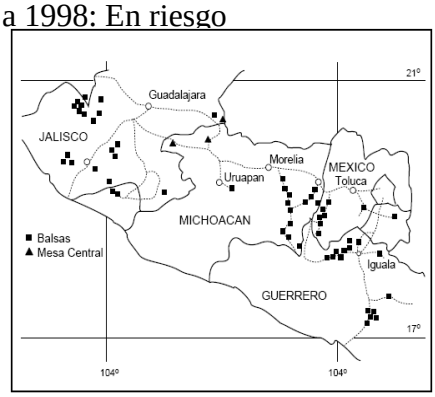


Figura 7: Distribución de teocintle en la Cuenca del Río Balsas. Tomada de: Sánchez-González J.J *et al.,* 1997

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

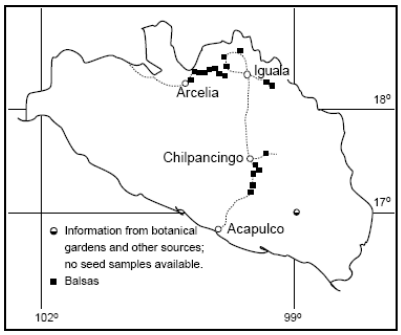


Figura 8: Distribución de teocintle en el estado de Guerrero. Tomada de: Sánchez-González J.J *et al.,* 1997

- **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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

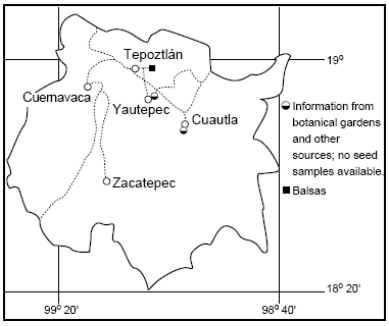


Figura 9: Distribución de teocintle en el estado de Morelos. Tomada de: Sánchez-González J.J *et al.,* 1997

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

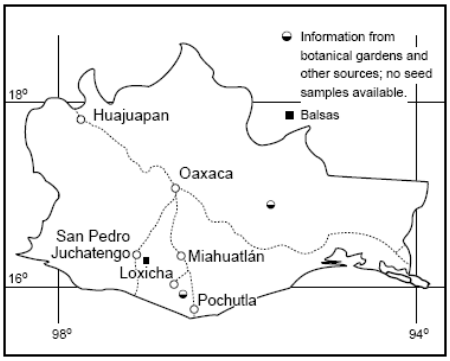


Figura 10: Distribución de teocintle en el estado de Oaxaca. Tomada de: Sánchez-González J.J *et al*., 1997.

- ***Distribución de Tripsacum:***

De acuerdo a los reportes en la base de datos de Tropicos (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, Suriname, Venezuela, **México: Chiapas, Campeche y Veracruz**

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

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- ***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, India, Nicaragua, Panamá, Paraguay, República Dominicana, Sudáfrica, Suriname, 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, Suriname, 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, Guatemela, **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, Chihuaha, 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.**

-

© 2011 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 semillla 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*

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 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 mas tarde, aproximádamente 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 gametas masculinas 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 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 mas 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 mas 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 mas 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 mas 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 mas 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 μm de diámetro y de forma esférica (Luna S.V. *et al*., 2001), se dispersa prinicipalmente 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 colápsen 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 principlamente 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 dehisencia es continua durante una semana o más para cada planta,

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

comenzando aproximadamente de uno a tres dían 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 dehisencia 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 que 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).

© 2011 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 = 3*6)

*T. bravum (2n = 3*6, 72)

T. cundinamarce (2n = 36)

T. dactyloides (2n = 72)

T. floridanum (2n = 36)

*T. intermedium (2*n = 72)

*T. manisuroides (2*n = 72)

T. latifolium (2n = 36)

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

T. zopilotense (2n = 36, 72)

T. jalapense (2n = 72)

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

T. lanceolatum (2n = 72)

T. laxum (2n = 36?)

T. maizar (2n = 36, 72)

T. pilosum (2n = 72)

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

© 2011 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
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
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,	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
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
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,	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

© 2011 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.

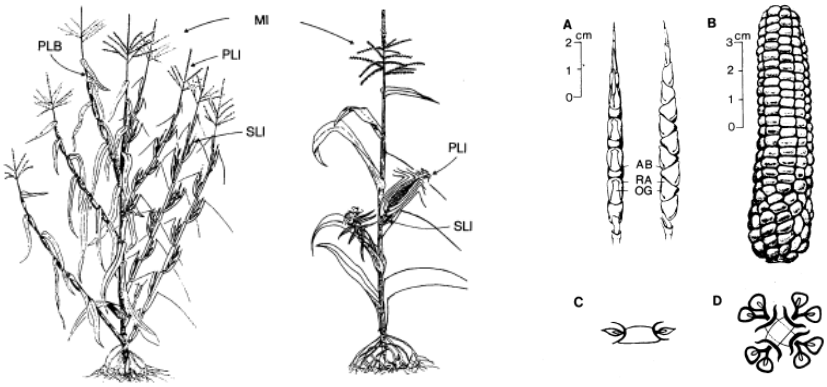


Figura 11: Esquemas de la arquitectura de la planta y de la mazorca del maíz y del teocintle. MI=Inflorescencia principal; PLI= Inflorescencia lateral primaria ; PLB=Ramificación lateral primaria; SLI=Inflorescencia lateral secundaria; A=mazorca de teocintle ; AB= capa de abscición ; RA= internudo del 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 facilmente, 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).

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **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).

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 espontáne entre z. *mays* ssp. *mays* y los teocintles de *mexicana* y *parviglumis* (ellstrand *et al*. 2007) siendo más común la introgresion 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 aisalmiento 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 combinacions 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

[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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 híbrdos de maíztripsacorn. 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, adaptaciónes 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 subspecies de *Z. mays* no han sido exitosas (OGTR, 2008).

- La tribu *Maydeae* también incluye otros cinco géneros asiáticas (*Coix*, *Sclerachne*, *Polytoca*, *Chionachne* y *Trilobachne*) de los cuáles 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

(*Secale cereale*; 2n = 14) como parentales femeninos, empleando maíz como donador de polen. En los tres casos no se obtuvieron híbridos fértiles.

© 2011 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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:

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 3.

© 2011 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

técnicas estadísticas de 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Trópico no ecuatorial/subtrópico de media altitud húmedo	12.5-13.4	>18 y <24	≥200 y <600
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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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
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 alto, particularmente en los trópicos. La lluvia es un factor limitante en la producción commercial 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 casoas 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 redicular y finalmente la muerte de la planta. El daño a las raíces se debe principlamente a la intoxicación debida a la acumulación de compuestos como el ácido láctico, productos de la respiración anaérobica. Los cultivares tropicales y sub-tropicales son más susceptibles al anegamiento

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

cuando se encuentran en etapas vegetativas tempranas previas al desarrollo de la espiga (OGTR, 2008).

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

- **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.

Órden: *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, Maízón, 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.

© 2011 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 (Tropicos, 2009):

Reino: *Plantae*

División: *Magnoliophyta*

Clase: *Liliopsida* Scop.

Subclase: *Commelinidae* Takht.

Órden: *Poales* Small

Familia: *Poaceae* Barnhart

Género: *Tripsacum* L.

© 2011 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

© 2011 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:

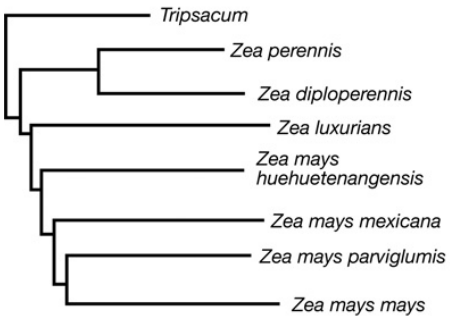


Figura 12: Filogenia del género *Zea*, mostrando a todas las especies de *Tripsacum* en un solo grupo. Figura tomada de Vollbrecht E., *et al,* 2005.

- **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)

Bacillus thuringiensis es una bacteria común capaz de sobrevivir en el ambiente por períodos largos de tiempo debido a que produce endoesporas

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

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

altamente resistentes a condiciones ambientales adverasas. 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 organimos 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 nímero durante siete años.

Todos los miembros del género *Bacillus* son de forma alargada (bastones), celulas Gram positivas que producen una úncia 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 principlamente 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 decadas.

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 microroganismo 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 insectida 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 foresates, 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, mostaron toxicidad hacia lepidópteros por al menos 30 días después de la aspersión.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

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 "virgenes".

Las células de *B.thuringiensis* pueden mantener su presencia en el ambiente através 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 inluso 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 gruas 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]

[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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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

Dominio: *Bacteria*

Phyllum: *Actinobacteria*

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 reposable 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.

Organismo donador del promotor CaMV35S:

[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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 isométircas de aproximadamente 45-50 nm de diametro y que sedimentan a una velocidad de 215-245 S. Las particulas 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 restrigido.[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 inlcuyen bacterias fijadoras de nitrógeno simbiontes de algunas leguminosas.

- **Descripción taxonómica de los organismos donadores del evento parental SYN-IR6Ø4-5**

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Para el desarrollo del OGM SYN-IR6Ø4-5, 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 *mcry3A***:

Dominio: *Eubacteria*

Phylum: *Firmicutes*

Clase: *Bacilli*

Orden: *Bacillales*

Familia: *Bacillaceae*

Género: *Bacillus*

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

Subespecie (o serovariedad): *Bacillus thuringiensis* serovar *tenebrionis* (Sekar *et al*., 1987).

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

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 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 *MTL y ZmUbiInt*[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

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **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. 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 promotor de la actina**[13]

Reino: *Plantae*

División: *Magnoliophyta*

Clase: *Liliopsida* Scop.

Subclase: *Commelinidae* Takht.

Órden: *Poales* Small

Familia: *Poaceae* Barnhart

Subfamilia: *Ehrhartoideae* Link

Tribu: *Oryzeae* Dumort.

Subtribu: *Oryzinae* Griseb.

Género: *Oryz*a L.

Especie: *Oryza sativa* L. 1753

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 pabladores 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 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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

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

El híbrido de maíz con la tecnología SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR604-5 X MON-ØØØ21-9 fue desarrollado mediante el cruzamiento entre los eventos BT11, MIR604 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-IR604-5 X MON-ØØØ21-9.

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

- **Origen del maíz:**

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.

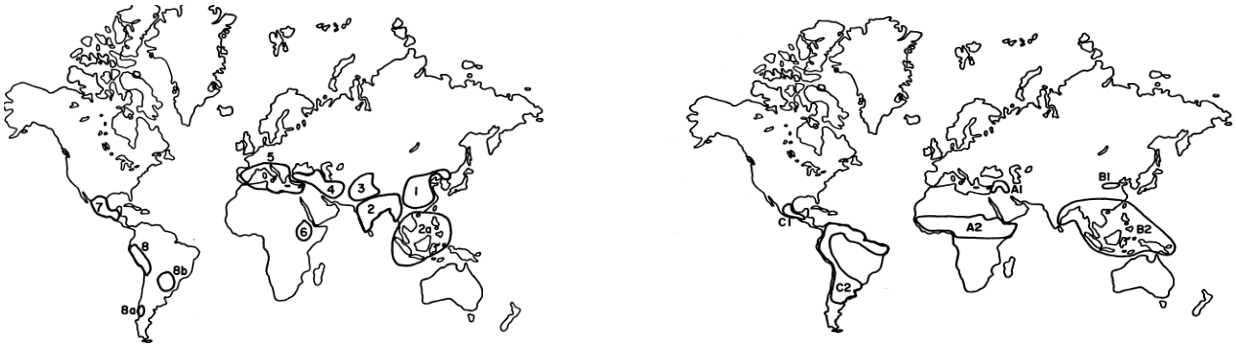


Figura 13: Mapa de los Centros de Origen de Vavilov y de los Centros de domesticación de cultivos (origen de la agricultura) de Harlan. Mesoamérica es identificada en ambos. Figuras tomadas de Harlan J.R. 1971.

Se ha especulado sobe 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 exitió 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 extiste 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.

- **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 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 pudieron 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 dispersion 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

- **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 Incipientes**

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

© 2011 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;

Híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21 (SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR6Ø4-5 X MON-ØØØ21-9)

El híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21 (SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 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 y a la aplicación de herbicidas a base de glufosinato, por la línea de maíz con la tecnología MIR604 (SYN-IR604-5) también resistente a coleópteros, 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 lineas parentales de maíz BT11, MIR604 y GA21 en el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 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 MIR604 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

Evento parental MIR604 (SYN-IR6Ø4-5)

La modificación genética que tuvo como resultado el evento de maíz MIR604 transgénico se realizó a través de la transformación mediada por Agrobacterium de embriones de maíz inmaduros obtenidos de una línea patentada de *Zea mays* (Negrotto et al., 2000). A través de este método, los elementos genéticos dentro de las regiones del límite izquierdo y derecho del vector de transformación son transferidos de manera eficiente e integrados en el genoma de la célula vegetal, mientras que los elementos genéticos que se encuentran fuera de estas regiones límites, por lo general, no lo son.

Se sometió a prueba a las pequeñas plantas regeneradas mediante el análisis TaqMan® PCR para detectar la presencia de genes *pmi* y *mcry3A*, así como también para detectar la ausencia del gen espectinomicina (spec) resistente a antibióticos. Las plantas positivas para ambos transgenes y negativas para spec se transfirieron al invernadero para una mayor propagación.

Evento parental MON-ØØØ21-9

El inserto completo se encuetra 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**.**

© 2011 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;

Híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21 (SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR604-5 X MON-ØØØ21-9)

Dado que el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21 fue producido mediante el cruzamiento convencional de los eventos parentales de maíz BT11 (SYN-BTØ11-1), MIR604 (SYN-IR604-5) 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, MIR604 y GA21 en el híbrido de maíz BT11 x MIR604 x GA21.

Asimismo, a continuación se expone lo referente a los eventos parentales del híbrido de maíz BT11 x MIR604 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 trasnformación 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 tandem 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**

© 2011 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 la tecnología SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR604-5 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 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-IR604-5 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-IR604-5 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 MIR604 (SYN-IR6Ø4-5)

Los datos de los análisis Southern y la secuencia de ADN demostraron la presencia de copias únicas de los genes *mcry3A* y *pmi* en el genoma MIR604. Además, el evento MIR604 no contenía ninguna secuencia de estructura del plásmido de transformación utilizado. El análisis de secuencia de la inserción completa de T-ADN en el evento MIR604 confirmó que se mantuvo la integridad total de la inserción y la contigüidad de los elementos funcionales. Se identificó un truncamiento de 43 pb en la intersección del límite derecho (RB) de la inserción de T-ADN y un truncamiento de 44 pb en la intersección del límite izquierdo (LB) de la inserción de T-ADN. También se identificaron tres cambios de nucleótidos individuales. Uno de estos cambios ocurrió dentro de un promotor, una región reguladora que no codifica una proteína. Los dos cambios restantes tuvieron lugar dentro de la secuencia de codificación de fosfomanosa isomerasa, lo que produjo dos cambios de aminoácidos.

- **Estudios de secuenciación**

Se determinó la secuencia de nucleótidos de la inserción de T-ADN completa en el evento MIR604 para demostrar la integridad total de la inserción y contigüidad de los elementos funcionales, y para detectar los cambios de pares de base individuales. La inserción MIR604 fue ampliada con respecto al ADN obtenido de la generación BC5 en forma de dos fragmentos individuales traslapados. Se amplió cada fragmento utilizando un oligonucleótido homólogo a las secuencias genómicas de las plantas que flanquean la inserción MIR604 y un oligonucleótido homólogo al gen *mcry3A*. La secuencia de consenso final se determinó mediante la combinación de los datos de secuencia de los seis clones individuales (tres por cada fragmento de secuencia) para generar una secuencia de consenso de la inserción MIR604. Para una mayor validación de cualquier discrepancia de los pares de base individuales entre la inserción MIR604 y el plásmido utilizado, se ampliaron los productos PCR pequeños (~300-500 pares de base) específicos de las regiones donde se observó una discrepancia de par de base en la secuencia de consenso inicial, utilizando la misma metodología. Para todas las

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

supuestas discrepancias de pares de base en la inserción MIR604, la secuencia directa de productos PCR tuvo como resultado valores máximos evidentes individuales en todos los pares de base en cuestión, indicando una probable presencia de discrepancias en la inserción MIR604. Los datos de la secuencia de consenso para la inserción de T-ADN de MIR604 demostraron que se mantuvo la integridad total de la inserción y la contigüidad de los elementos funcionales dentro de la inserción como se pretendía en el plásmido empleado. El análisis de la secuencia reveló que tuvo lugar cierto truncamiento en los extremos del límite derecho (RB) y del límite izquierdo (LB) de la inserción de T-ADN durante el proceso de transformación que produjo el evento MIR604. La porción del límite derecho de la inserción de T-ADN fue truncada en 44 pb y el extremo del límite izquierdo de la inserción de T-ADN fue truncado en 43 pb. Estas supresiones no tuvieron efecto en la eficacia de la inserción de T-ADN y este fenómeno se observó previamente en la transformación de *Agrobacterium* (Tinland y Hohn, 1995). Adicionalmente, se observaron tres cambios de pares de base en la inserción de T-ADN del evento MIR604. Una discrepancia ocurrió dentro del promotor MTL, una región reguladora que no codifica una proteína. Las dos discrepancias restantes ocurrieron dentro de la secuencia de codificación PMI y produjeron dos cambios de aminoácidos; la valina en posición 61 fue sustituida por alanina (V61A) y la glutamina en posición 210 fue sustituida por histidina (Q210H) (Figura 14). La alanina y la valina son aminoácidos alifáticos que dan como resultado una sustitución moderada. El reemplazo de la glutamina por la histidina produce la sustitución de un residuo acídico por un residuo básico.

- **Número de copias insertadas**

  La región del ADN de transferencia (T-ADN) del vector binario del plásmido Ti pZM26 tenía dos casetes de expresión de genes organizados en una orientación de cabeza a cola (Figura 15). El primer casete tenía la secuencia de codificación de mCry3A derivada del *Bacillus thuringiensis* bajo el control de secuencias de promotor derivadas del gen similar a la metalotioneína de *Zea mays*. El otro casete tenía el gen *manA (pmi)* de codificación PMI de *Escherichia coli* bajo el control de un elemento regulador constituido por el promotor de ubiquitina 1 de maíz más intrón 1 (ZmUbiInt).

  Los análisis Southern blot del ADN genómico metabolizado con la enzima de restricción *Kpn*I del evento MIR604, indicaron un solo sitio de integración de la región de T-ADN del vector de plásmido pZM26. Los datos confirmaron los análisis previos de TaqMan® PCR e indicaron la inserción de una copia de cada uno de los casetes de expresión del gen *mcry3A* y del gen *pmi*. Adicionalmente, para la sonda de estructura, la falta de hibridación demostró la ausencia de secuencias de estructura del vector pZM26 incorporadas en el genoma MIR604 durante el proceso de transformación.

- **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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Evento parental GA21

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

El evento MON-ØØØ21-9, considerando el material genético insertado y las regions 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 promoter 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 del gen *mepsps*, pero no la secuencia del termindor nos. La version 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 trasncrito esperado era de 1.8 kb, mismo que fue detectado, demostando 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:

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 cassette 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 analisis bioinformatico se llevó a cabo para evaluar los posibles ORFs que se pudiesen haber creado en el inserto del maíz GA21. Usando un criterio de busqueda 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.

Ademas, se respondío a la busqueda 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).

© 2011 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;

Híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21 (SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR604-5 X MON-ØØØ21-9)

Dado que el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21 fue producido mediante el cruzamiento convencional de los eventos parentales de maíz BT11 (SYN-BTØ11-1), MIR604 (SYN-IR604-5) 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, MIR604 y GA21, así como la expresión de las proteínas, en el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21. Asimismo, a continuación se expone lo referente a los eventos parentales del híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21, objeto de esta solicitud:

Evento parental BT11

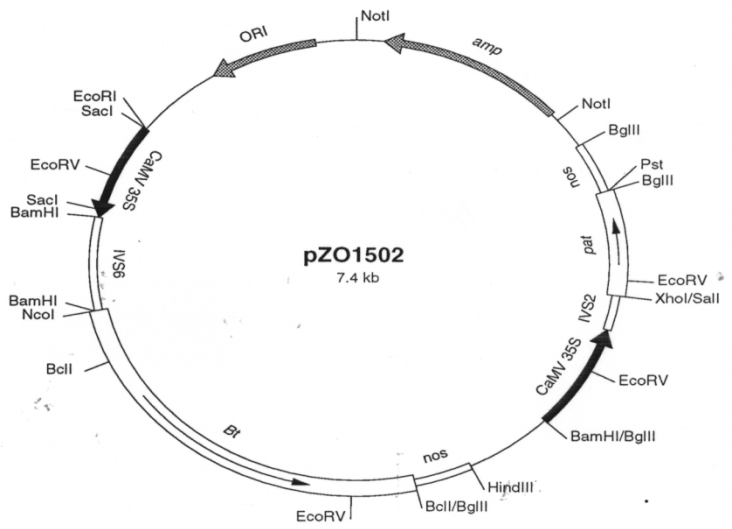


Figura 16. Mapa del plásmido pZO1502 en el que se resumen los sitios clave de restricción, los elementos genéticos que constituyen las regiones génicas para la planta de los genes Bt y pat, y la organización general del plásmido, incluyendo la localización del gen (amp) de la beta-lactamasa y el origen 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 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

*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 procariote (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-IR604-5 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-IR604-5 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-IR604-5 X MON-ØØØ21-9 (ajustandóse 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-IR604-5 X MON-ØØØ21-9 y finalmente que los genes *cry1Ab* y *pat* están cercanamente relacionados.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 Heterocigota	X2	p
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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Evento parental MIR604 (SYN-IR6Ø4-5)**

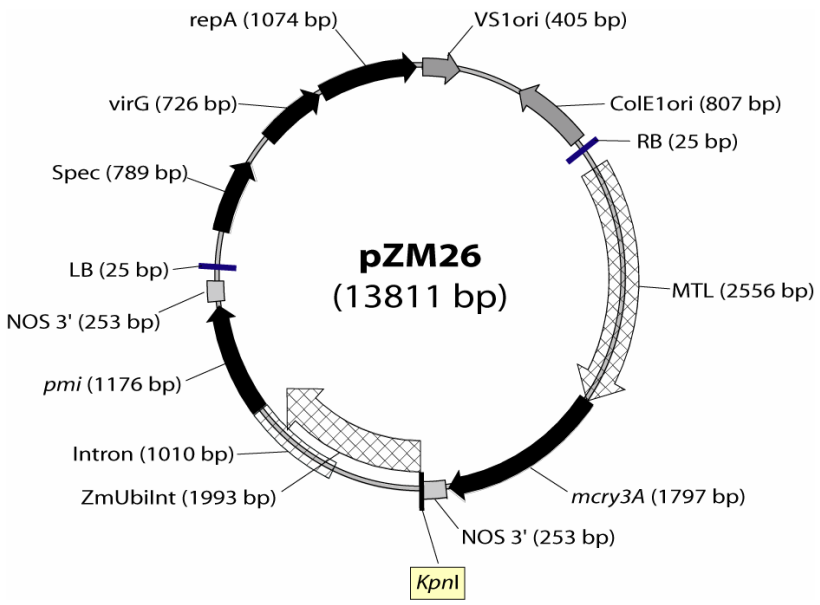


Figura 17. Mapa del plásmido pZM26

El mapa identifica el tamaño y la orientación de todos los elementos genéticos contenidos en el plásmido pZM26 y la ubicación del sitio de endonucleasa de restricción *Kpn*I utilizado para los análisis Southern del ADN introducido.

- **Plásmido pZM26**

La región del ADN de transferencia (T-ADN) del vector binario del plásmido Ti pZM26 tenía dos casetes de expresión de genes organizados en una orientación de cabeza a cola. El primer casete tenía la secuencia de codificación de mCry3A derivada del *Bacillus thuringiensis* bajo el control de secuencias de promotor derivadas del gen similar a la metalotioneína de *Zea mays*. El otro casete tenía el gen *manA (pmi)* de codificación PMI de *Escherichia coli* bajo el control de un elemento regulador constituido por el promotor de ubiquitina 1 de maíz más intrón 1 (ZmUbiInt).
Asimismo, dentro de la estructura del plásmido pZM26 se encontraban los siguientes elementos pero no se introdujeron en el evento MIR604:

Spec (789 pb): gen *aadA* de codificación estreptomicina adenililtransferasa de *E. coli* Tn7 (GenBank, número de acceso X03043). Otorga resistencia a la eritromicina, estreptomicina y espectinomicina; utilizado como un marcador seleccionable bacteriano (Fling *et al.*, 1985).
VS1ori (405 pb): secuencia de consenso para el origen de la región de replicación y partición del plásmido pVS1 de pseudomonas (similar al número de acceso de GenBank U10487). Sirve como origen de replicación en el *Agrobacterium tumefaciens* receptor (Ioth *et al.*, 1984).
ColE1ori (807 pb): origen de replicación que permite replicar el plásmido en *E. col* (similar al número de acceso de GenBank V00268) (Itoh y Tomizawa, 1978).

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

LB (25 pb): región del límite izquierdo del (T)-ADN de transferencia del plásmido Ti nopalina de *Agrobacterium tumefaciens* (GenBank, número de acceso J01825). Repetición directa corta que flanquea el T-ADN y se requiere para la transferencia de TADN a la célula vegetal (Zambryski *et al.*, 1982).
RB (25 pb): región del límite derecho de T-ADN del plásmido Ti nopalina de *Agrobacterium tumefaciens* (GenBank, número de acceso J01826). Repetición directa corta que flanquea el T-ADN y se requiere para la transferencia de T-ADN a la célula vegetal (Wang *et al.*, 1984).
virG (726 pb): VirGN54D de pAD1289 (similar al número de acceso de GenBank AF242881). La sustitución de N54D tiene como resultado un fenotipo *vir*G constitutivo. *Vir*G es parte del sistema regulador de dos componentes para el regulón *vir* en *Agrobacterium* (Hansen *et al.*, 1994).
repA (1074 pb): proteína de replicación pVS1 de *Pseudomonas* que es parte del replicón pVS1 mínimo, el cual funciona en bacterias gram negativas asociadas con vegetales (GenBank, número de acceso AF133831) (Heeb *et al.*, 2000).

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

Se investigó el patrón de herencia de la inserción de T-ADN obtenida de pZM26 en el evento MIR604. Se cultivó la planta (generación T0) del evento inicial MIR604 para obtener su isograma endogámico no transgénico, creando la generación T1. Una sola planta de la generación T1 (#3), identificada por el inmunoensayo de flujo lateral como positiva para PMI, fue reproducida para obtener la generación T2. Una sola planta (#12) de la semilla de T2, que fue confirmada como homocigota positiva para el gen mcry3A por TaqMan® PCR (datos no mostrados), fue retrocruzada con un endogámico no transgénico para producir la generación T3. Estas planas híbridas descendientes fueron reproducidas en el campo y la semilla se recolectó en granel, creando la semilla T4. Las plantas individuales de la semilla T4 fueron analizadas mediante el método ELISA y TaqMan® PCR (datos no mostrados) para detectar la presencia de la proteína mCry3A en los genes *pmi* y *mcry3A*. El índice de herencia mendeliana previsto de las plantas positivas y negativas con respecto a un rasgo hemicigota en estas poblaciones fue de 3:1.

Tabla 7. Segregantes observados frente a segregantes previstos en una generación T4 derivada de MIR604

	Ensayo ELISA para la proteína mCry3A		**Ensayo PCR para los genes *mcry3A* y *pmi***	
	Observado	**Previsto**	**Observado**	**Previsto**
Rasgo positivo	317	313.5	315	313.5
Rasgo negativo	101	104.5	103	104.5
Total	418	418	418	418
Índice observado de segregación	3.03 : 0.97		3.01 : 0.99	
X^2	0.1148		0.0128	

Los datos en la Tabla 7 se utilizaron para evaluar la bondad del ajuste de los índices observados con respecto a los índices previstos utilizando el análisis chi cuadrado con el factor de corrección de Yates (Strickberger, 1976).

$$X^2 = \Sigma[\text{observado-previsto- } 0{,}5]2/\text{previsto}$$

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

En este análisis se evaluó la hipótesis de que los rasgos introducidos se segregaron como un locus único en modo mendeliano. El valor decisivo para descartar la hipótesis en el nivel de 5% es 3,84 (Strickberger, 1976). Dado que el valor de chi cuadrado fue inferior a 3,84 (Tabla 7), se aceptó la hipótesis de que el rasgo se comportó según el modo mendeliano.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Evento parental GA21

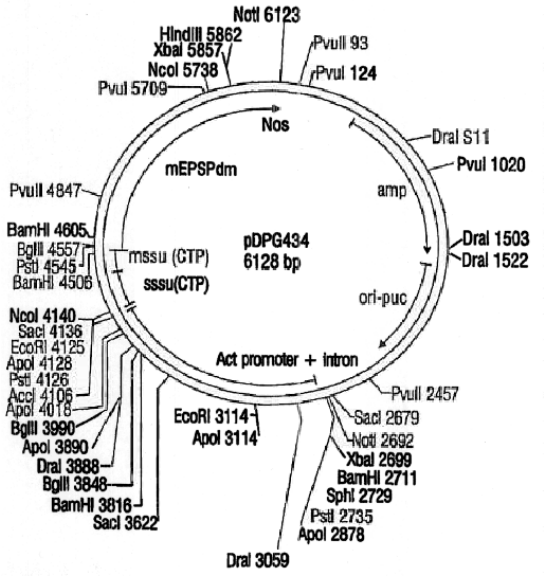


Figura 18: Mapa del plásmido pDPG434 en el que se resumen los elementos genéticos que estaban presentes previo a la restricción con NotI (Spencer et al., 1998).

- **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*.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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

La segregación de la progenie del maíz MON-ØØØ21-9 se evaluó y se llevaron a cabo análisis estadísiticos 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 multiples generaciones de plantas derivadas del evento GA21 demostaron dos cosas: que hay un sitio único de inserción y que el material insertado se mantiene estable a lo largo de varias generaciones.

Tabla 8. 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)

© 2011 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 MIR604 x GA21

Se obtuvieron híbridos de maíz BT11xMIR604xGA21 por cruzamiento convencional entre líneas portadoras cada una de ellas de los eventos BT11, MIR604 y GA21. Estos híbridos, por lo tanto, expresan las cinco proteínas transgénicas: Cry1Ab, PAT, mCry3A, PMI y mEPSPS.

Para estudiar la estabilidad de los genes heredados en el híbrido de maíz BT11 x MIR604 x GA21, se comparó la expresión de las cinco proteínas en varios tejidos del híbrido de maíz BT11 x MIR604 x GA21 con respecto a las proteínas expresadas individualmente en plantas isogénicas derivadas de los eventos genéticamente modificados parentales: BT11, MIR604, 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..

En general, las concentraciones medidas para las proteínas Cry1Ab, PAT, mCry3A, PMI y mEPSPS fueron similares entre los diferentes tejidos de los eventos individuales de maíz BT11, MIR604, y GA21 y el híbrido de maíz con combinación de genes BT11 x MIR604 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

k) Descripción del método de transformación;

El híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21 (SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 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 MIR604 (SYN-IR604-5) resistente al ataque de coleopteros, 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* que conferir tolerancia al glufosinato de amonio. Previo a la transformación, el plásmido fue restringido con la enzima de restricción NotI con el fin de remover el gen *bla*[14] 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 MIR604 (SYN-IR6Ø4-5)

La modificación genética que tuvo como resultado el evento de maíz MIR604 transgénico se realizó a través de la transformación mediada por *Agrobacterium* de embriones de maíz inmaduros obtenidos de una línea patentada de *Zea mays* (Negrotto *et al.*, 2000). A través de este método, los elementos genéticos dentro de las regiones del límite izquierdo y derecho del vector de transformación son transferidos de manera eficiente e integrados en el genoma de la célula vegetal, mientras que los elementos genéticos que se encuentran fuera de estas regiones límites, por lo general, no lo son. Los embriones fueron extraídos de espigas que tenían de 8 a 12 días y enjuagados en un medio fresco en preparación para la transformación. Los embriones fueron mezclados con la suspensión de células de *Agrobacterium* que contenían el vector de transformación pZM26, para luego ser incubados. Se aspiró el exceso de solución de *Agrobacterium* y los embriones se trasladaron a placas que contenían un medio de cultivo no selectivo. Los embriones que producían callo embriogénico se transfirieron a un medio de cultivo celular que contenía manosa. Se sometió a prueba a las pequeñas plantas regeneradas mediante el análisis TaqMan® PCR para detectar la presencia de genes *pmi* y *mcry3A*, así como también para detectar la ausencia del gen espectinomicina *(spec)* resistente a antibióticos. Las plantas positivas para ambos transgenes y negativas para *spec* se transfirieron al invernadero para una mayor propagación.

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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;

Híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21 (SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR604-5 X MON-ØØØ21-9)

Dado que el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21 fue producido mediante el cruzamiento convencional de los eventos parentales de maíz BT11 (SYN-BTØ11-1), MIR604 (SYN-IR604-5) 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 MIR604 x GA21 no contiene ningún fragmento adicional no intencional perteneciente al esqueleto de los plásmidos pZO1502 del evento parental BT11; pZM26 del evento parental MIR604; 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 MIR604 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 MIR604

En el caso del evento MIR604, 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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

Híbrido de maíz BT11 x MIR604 x GA21 (SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR604-5 X MON-ØØØ21-9)

Las secuencias de las proteínas novedosas expresadas en el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21, son las mismas que se expresan individualmente en los eventos parentales **(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***).** A continuación se expone lo referente a cada uno de los eventos parentales:

Evento parental BT11

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.

Evento parental MIR604 (SYN-IR6Ø4-5)

La proteína Cry3A nativa del *Bacillus thuringiensis* subespecie tenebrionis (B.t.t) se presenta en una forma de 73 kDa (644 aminoácidos) y una forma de 67 kDa (597 aminoácidos), esta última teniendo metionina-48 como extremo N. La forma de 67 kDa nativa es idéntica a la codificada en las papas *Bt* Cry3A. La secuencia de la proteína Cry3A modificada (598 aminoácidos) en el evento de maíz MIR604 ha sido alterada mediante la incorporación de un sitio de reconocimiento de catepsina G proteasa que tiene la secuencia alanina-alanina-prolina-fenilalanina (AAPF) en lugar de valina-155, serina-156 y serina-157 en la proteína de 73 kDa nativa.

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 minímamente 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* inlcuyeron 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 oxiganasa (RuBisCo) del maíz y del girasol. La proteína se expresa debido a tres copias completas

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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).*

© 2011 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 mCry3A el maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 x MON-ØØØ21-9 **no implica modificación alguna de ninguna ruta metabólica del maíz**, dado que los genes *cry1Ab* y *mCry3A* 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 mCry3A, 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 adyancentes 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*, adyancentes a las endospora, son protoxinas que estan 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 aminoacidos y el fragmento de la

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 Cry3 son romboides y requieren de procesos enzimáticos para remover los aminoacidos 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 eucariote, cuyo gen es de origen procariote, se requiere solventar algunas dificultades técnicas debido a la diferencia en los sistemas de transcripción y traducción entre procariotes y eucariotes. 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 ingerieran de los cristales de inclusión de la bacteria *B. thuringiensis conteniendo las* δ-endotoxinas nativas (OCDE, 2007).

- **Expresión de la proteína mCry3A en el maíz**

Para asegurar la expresión de una δ- endotoxina en un organismo eucariote, cuyo gen es de origen procariote, se requiere solventar algunas dificultades técnicas debido a la diferencia en los sistemas de transcripción y traducción entre procariotes y eucariotes. 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

SYN-BT-Ø11-1 ; o de forma diferenciada en algún tejido específico de la planta, como es el caso del promotor MTL empleado en el desarrollo del evento parental MIR604, el cual proporcionó una expresión preferencial en la raíz del maíz (de Framond, 1991).
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 ingerieran de los cristales de inclusión de la bacteria *B. thuringiensis conteniendo las* δ-endotoxinas nativas (OCDE, 2007).

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[15] .

La enzima EPSPS no está presente en los animales, y en las plantas, se localiza en los plastidios. La enizma 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 sustato por otras enzimas inmediatamente para producir ácido corísmico, que desencadena en ácido antranílico (un precursor del triptófano) y por rearreglos en ácido prefénico (precurosor 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).

[15] 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 triptofano 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.

Proteína que confiere tolerancia a la aplicación del herbicida glufosinato de amonio

La protein PAT fue originalmente clonada de *Streptomyces hygroscopicus* (Thompson *et al.*, 1987), el mismo microrganismo que produce el egente antibiótico bialofos, un tripeptido antibiótico consistente de PPT unido a dos alaninas. La peptidasas hidrolizan biofolos liberando el PPT. PPT es un inhibidor de la glutamine sintetasa que ha sido descrita como un herbicida de amplio espectro.]La Gluitamina sintetaza juega un papel importante en la asimilación de del nitrógeno en las plantas, mediante la catálisis de de la incorporación de amonio a glutamina. La exposición a niveles tóxicos de PPT causa la acumulación de amonio lo cual causa la muerte de la planta. (CIBA SEEDS).

Las plantas en las que se les ha insertado el gen *pat* y por lo tanto expresan PAT, pueden detoxificar el herbicida, usando la coenzima A como el donador del grupo acetil, PAT cataliza la acetilación de PPT, eliminando la actividad del herbicida.

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

Evento parental BT11

La proteína Cry1Ab como cualquier proteína es susceptible de ser degradada en soluciones ácidas (estomagos 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-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).

La digestion de la protein PAT es inciciada por proteasas, principalmente pepsina, que es secretada por las células epiteliales del estomago. La function de estas proteases se optimizan a pH bajos (1-2) . La hidrólisis de las proteínas produce una mezcla de petidos y aminoácidos, lo cuales a su vez son potentes estimuladores de la acción gástrica (Alpers, 1987).]El estómago tiene un tiempo medio de clareo para líquidos de 12-64 minutos. Para sólidos el intervalo es de 45-195 mínutos (Yamada, 1991). El contenido del estomago pasa a los intestines, donde existen multilples proteases con un amplio intervalo de acción. Las proteinas no son absorbidas de manera completa, pero si son absorbidos los peptidos y aminoácidos producto de su degradación. (Alpers, 1987; Fuchs *et al.,* 1993).

Las proteínas que no son digeridas facilmente pueden ser absorvidas en pequeñas cantidades y pueden actuar como antigenos desencadenando respuestas alergénicas. Ejemplos comunes de esto es la caseina en la leche y el gluten del trigo, ambas enzimas son relativente resistentes a la digestión enzimática (Alpers, 1987).

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

La suceptibilidad a la degradación de la enzima PAT a la digestion por enzimas proteolíticas fue evaluada en fluido gastric simulado (FGS) Los resultados indican que PAT se degrada de manera bastante rápida, con un tiempo de vida media demasiado corto como para poder determinarlo, el fluido gástrico contiene la misma cantidad de pepsina que en el fluido gástrico real. Para poder determinar el tiempo de vida media fue necesario diluir 1:1000 la concentración de pepsina, bajos estas condiciones, el tiempo de vida media fue de 1-2 minutos. Estos datos indican que la digestion de PAT es demasido rápida y se completa en el estomago, por lo tanto el potencial de que presente efectos alergénicos es nulo.

Evento parental MIR604

La susceptibilidad de la proteína Cry3A modificada (mCry3A) a la degradación proteolítica se evaluó en líquido gástrico simulado (SGF) de mamíferos que contenía pepsina, no detectándose mCry3A intacta (*aproximadamente* 67.700 Da) luego de la digestión de la mCry3A derivada de las sustancias de prueba (de maíz y microbiana) en SGF durante dos minutos según el análisis de SDS-PAGE, ni fragmentos inmunoreactivos restantes en los análisis de inmunoelectrotransferencia Western. Respecto del efecto de la temperatura en la proteína mCry3A, se determinó que la incubación de la proteína a 95 ºC durante 30 minutos la inactivaba básicamente. Asimismo, se conoce que los enlaces de disulfuro entre residuos de cisteína pueden estabilizar algunas proteínas y parecen contribuir a su alergenicidad, como lo evidenció el efecto mitigante de la tiorredoxina del agente reductor en la alergenicidad de la leche y el trigo (Buchanan *et al*., 1997; del Val *et al*., 1999). La estructura tridimensional de la proteína Cry3A nativa no incluye enlaces de disulfuro (Li *et al*., 1991); por lo tanto, es muy poco probable que la proteína mCry3A se estabilice mediante enlaces de disulfuro. La secuencia de aminoácidos de la proteína mCry3A contiene sólo tres residuos de cisteína, la misma cantidad que la proteína Cry3A nativa. La escasa probabilidad de enlaces de disulfuro dentro de la molécula de mCry3A, además de su labilidad térmica y de procesamiento, e inactivación en líquidos gástricos, sugiere que la proteína mCry3A no presenta características que contribuyan a una alta estabilidad y, supuestamente, a un mayor potencial alergénico

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;

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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:

Los datos de los análisis de hibridación de Southern demostraron que en el híbrdo de maíz con las tecnologías BT11 x MIR604 x GA21 se encuentran copias únicas de los genes *cry1Ab, pat, mcry3A, 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 origne al maíz con las tecnologías BT11 x MIR604 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 como 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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:**

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 MIR604

El material genético insertado en el evento SYN-IR6Ø4-5, se resume brevemente en la siguiente tabla:

Tabla 9. Elementos funcionales presentes en el ácido nucleíco insertado del evento MIR604 con tamaño aproximado.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Elemento genético	Tamaño (pb)	Función
Promotor MTL	2556	Derivado del gen similar a la metalotioneína de Zea mays. Proporciona expresión preferencial en raíz de Zea mays (de Framond, 1991).
mcry3A	1797	Gen cry3A optimizado con maíz sintético del Bacillus thuringiensis subespecie tenebrionis. La secuencia de nucleótidos también fue modificada para incluir un sitio de reconocimiento de catepsina G proteasa que comienza en la posición 155 de la secuencia de aminoácidos de la proteína Cry3A nativa (Chen y Stacy, 2003).
NOS 3'	253	Secuencias de terminación del gen nopalina sintasa del Agrobacterium tumefaciens (GenBank, número de acceso V00087). Su función es proporcionar un sitio de poliadenilación (Depicker et al., 1982).
ZmUbiInt	1993	Región del promotor del gen poliubiquitina de Zea mays; contiene el primer intrón (GenBank, número de acceso S94464). Proporciona expresión constitutiva en monocotiledóneas (Christensen et al., 1992).
pmi	1176	Gen manA Escherichia coli que codifica la fosfomanosa isomerasa (GenBank, número de acceso M15380). Cataliza la isomerización de manosa-6-fosfato en fructosa-6-fosfato (Negrotto et al., 2000).
NOS 3'	253	Secuencias de terminación del gen nopalina sintasa del Agrobacterium tumefaciens (GenBank, número de acceso V00087). Su función es proporcionar un sitio de poliadenilación (Depicker et al., 1982).

- **Regiones Codificadoras**

  - **Gen mcry3A:**

El gen *mcry3A* es un gen optimizado con maíz sintético del *Bacillus thuringiensis* subespecie *tenebrionis*. La secuencia de nucleótidos también fue modificada para incluir un sitio de reconocimiento de catepsina G proteasa que comienza en la posición 155 de la secuencia de aminoácidos de la proteína Cry3A nativa (Chen y Stacy, 2003).

  - **Gen pmi:**

La proteína PMI que expresa el gen pmi, cataliza la isomerización de manosa-6-fosfato en fructosa-6-fosfato (Negrotto *et al.*, 2000) y permite que las células de maíz transformadas utilicen la manosa como una fuente de carbono alternativa.

- **Regiones No Codificadoras**

  - **Promotores MTL y ZmUbilnt:**

Ambos promotores provienen de *Zea mays;* el primero derivado del gen similar a la metalotioneína y que proporciona la expresión preferencial en raíz de *Zea mays* (de Framond, 1991), y el segundo derivado del gen poliubiquitina, conteniendo el primer intrón, proporcionando la expresión constitutiva en monocotiledóneas (Christensen *et al.*, 1992).

  - **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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Evento parental GA21

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

Tabla 10. Elementos funcionales presentes en el ácido nucleico 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 exon 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*.

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 inlcuyeron: mutagénsis 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:**

Con el fin de dirigir la expression del gen insertado se empleó la secuencia 5' de el 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **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 patógenicidad[16] y virulencia[17], 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 mesoaméricanas avalan esta afirmación. Aún cuando el uso seguro del maíz con la tecnología SYN-BT-Ø11-1 X SYN-IR604-5 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 organismso donadores que intervinieron en el desarrollo de los eventos parentales, producto de la biotecnología moderna.

Evento parental BT11

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

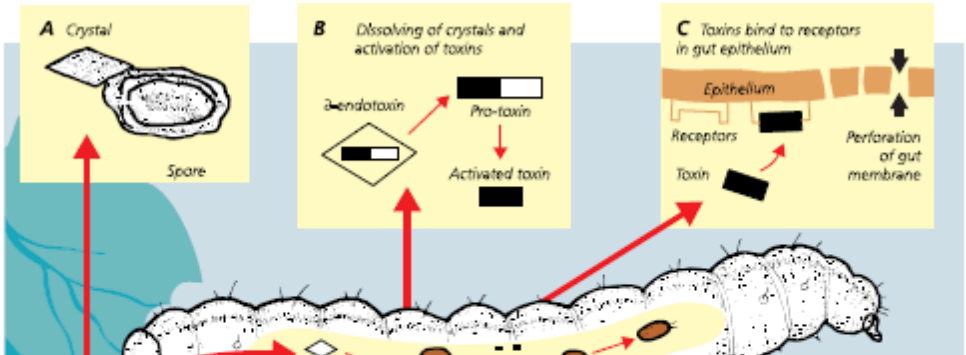
La eficicacia de la toxicidad de las proteínas Bt va a depender de que se presente todos los siguientes factores:

1. La solubilización de las protoxinas en el tracto digestivo de los organismos 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

Sin embargo los receptores de unión membranales toxina-específicos, son el mayor determinante de la especificidad del hospedero susceptible. (WHO,

[16] **Patógeno:** (del griego *pathos*, enfermedad y *genein*, engendrar) es toda aquella entidad biológica capaz de producir enfermedad o daño en la biología de un huesped (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 ager

[17] **Virul** ;.



© 2011

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, incluídos 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 patogénas 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 restrigido 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

© 2011 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 MIR604

- ***Bacillus thuringiensis subespecie tenebrionis***

El evento MIR604 contiene un gen modificado *cry3A* (*mcry3A*) del *Bacillus thuringiensis* subespecie *tenebrionis* (Sekar *et al*., 1987). El gen nativo *cry3A* fue recreado sintéticamente para optimizar la expresión en maíz y luego se introdujeron cambios adicionales, de forma tal que la proteína Cry3A (mCry3A) modificada y codificada tuviera una mayor actividad contra la diabrótica occidental del maíz (gusano alfilerillo; *Diabrotica virgifera virgifera*) y la diabrótica norteña del maíz (*D. longicornis barberi*).
El *Bacillus thuringiensis* es una bacteria gram positiva, formadora de esporas y estructuras cristalinas que ha sido utilizada comercialmente durante los últimos 40 años para controlar insectos plagas. Estos microorganismos se encuentran en forma natural en el suelo, en todo el mundo. Las cepas de *B. thuringiensis* controlan los insectos plagas a través de la producción de proteínas insecticidas cristalinas conocidas como delta endotoxinas. Para que sean activas contra el insecto objetivo, la proteína debe ser ingerida. En los intestinos del insecto, la proteína se une a receptores específicos en el intestino medio del insecto, se inserta en la membrana y forma poros específicamente permeables a iones. Estos eventos afectan los procesos digestivos y causan la muerte 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 objetivo.

- ***Escherichia coli***

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

El evento MIR604 también contiene el gen *pmi* (también conocido como el gen *"manA"*) de la *Escherichia coli* (cepa K-12; Miles y Guest, 1984). La *Escherichia coli* ha sido ampliamente utilizada en estudios de fisiología, genética y bioquímica, lo que la convierte en una de las especies bacterianas mejor estudiadas. La *Escherichia coli* pertenece a la familia Enterobacteriaceae y es común en el agua, la tierra y la flora intestinal normal de los humanos y otros animales (Bettelheim, 1992).

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 sendas 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 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.

- ***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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 éstos 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 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 dió 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 MIR604

- **Expresión de la proteína PMI presente en el maíz con la tecnología MIR604, usada como marcador de selección**

La enzima fosfomanosa isomerasa (PMI) producida en las plantas derivadas del evento parental MIR604, 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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).

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

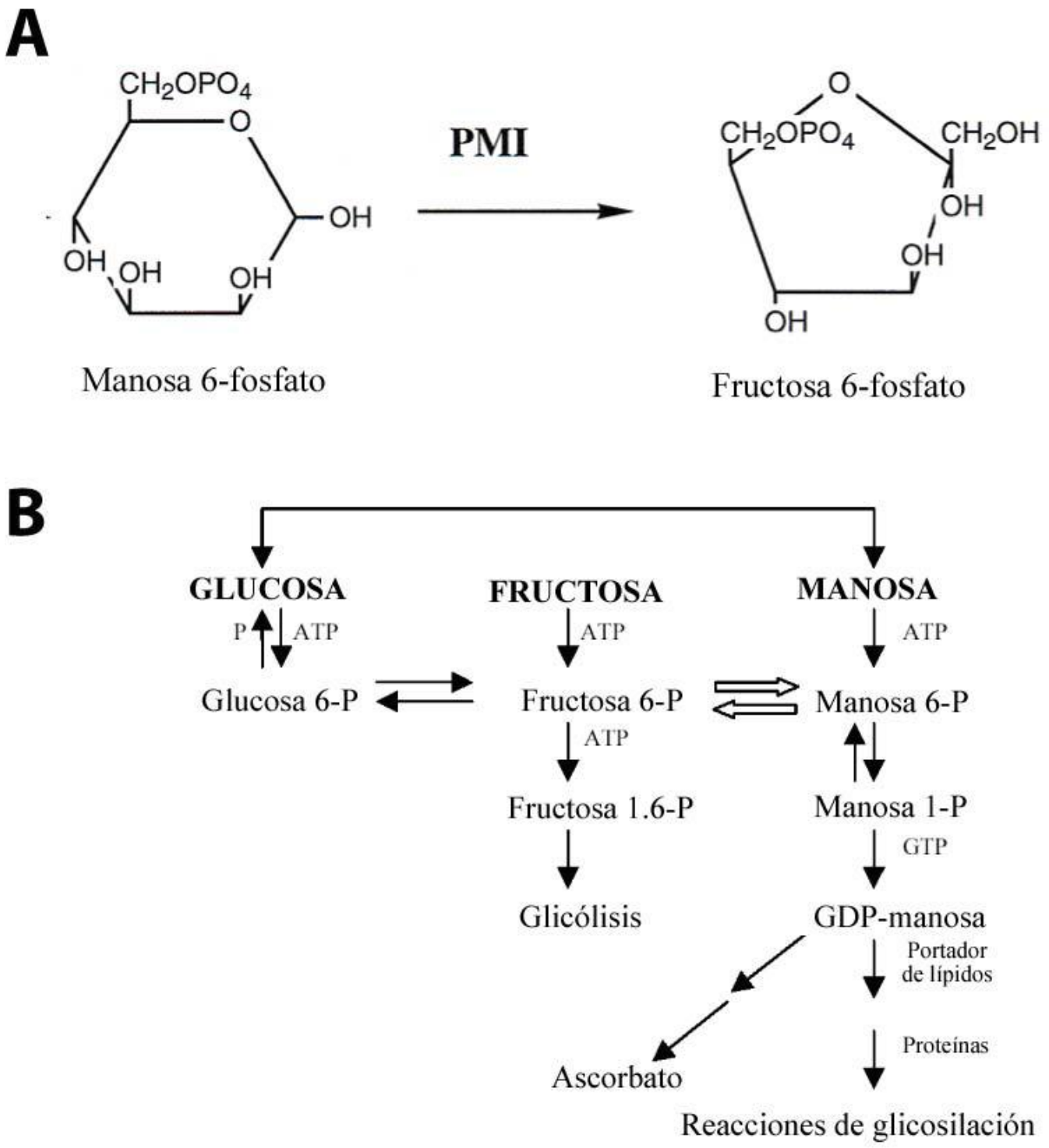


Figura 22. Mecanismos de reacción de la fosfomanosa isomerasa
A. Reacción catalizada por fosfomanosa isomerasa.
B. Metabolismo intermedio básico en el que interviene la manosa en las células vegetales. La reacción catalizada por PMI se indica por medio de flechas abiertas.

© 2011 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 procariotes y eucariotes. 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).

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 11 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 secuena 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
Nemátodos	28 – 31	172 – 187
Insectos	30 – 32	192 – 194

a. Comparación realizada mediante el análisis BLASTP (versión 2.2.6) para todas las ssecuencias no reduntantes 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.

(**Ver carpeta de información confidencial en el que se detallan los estudios técnicos que respaldan esta afirmación)**.

© 2011 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;

Evento parental BT11

Los resultados obtenidos mediante análisis de hibridación de Southern demonstraron 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 ayudan a demostrar que el loucs transgénico es estable a lo largo de varias generaciones.

Evento parental MIR604

Los resultados obtenidos mediante análisis ELISA demostraron que la expresión de la proteína mCry3A en el maíz con la tecnología SYN-IR6Ø4-5 se mantiene estable a lo largo de varias generaciones. Para llevar a cabo los experimentos de ELISA, se midieron los niveles de esta proteína en las hojas del estadio antesis que fueron tomadas como muestras de cuatro generaciones de retrocruzas consecutivas.

Evento parental GA21

Los resultados obtenidos mediante análisis de hibridación de Southern demonstraron 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 varias 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 concentraciókn media a lo largo de todas las generaciones de retrocurzas fue aproximadamente de 13—14 µg/g de 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.

Maíz con las tecnologías BT11 X MIR604 X GA21

El inserto esta integrado de manera estable en el genoma de los eventos parentales de maíz BT11, MIR604 y GA21, y el inserto de cada uno de los eventos solos, segresgan un solo gen de acuerdo a las leyes genéticas Mendelianas.

Las semillas F1 de la cruza de BT11 x MIR604 x GA21 se producen atravéz de mejoarmiento convencional cruzando las líneas puras BT11, MIR604 y GA21. Las semillas de la cruza de BT11 x MIR604 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

La estabilidad de los rasgos heredados de las líneas puras BT11, MIR604 y GA21 en el maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21, se demuestra a través de los estudios antes mencionados en los incisos anteriores.

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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

II. Identificación 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 realizar la liberación experimental dentro del área que abarca la región con uso de suelo agrícola dentro del Estado de Sinaloa (ver Figura 26). La superficie de liberación experimental total (sitios o predios de liberación), dónde se desarrollarán los ensayos experimentales es de 177.5 hectáreas (la suma de los cinco sitios o predios de liberación), superficie dónde se realizarán los 4 protocolos experimentales. Para conocer la superficie de cada uno de los sitos o predios, por favor referirse al siguiente inciso.

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

Los predios (sitios de liberación) dentro del polígono dónde se pretende realizar la liberación se encuentran en la región de uso agrícola de los municipios de Culiacán, Navolato y Guasave del Estado de Sinaloa.

PREDIO 1. CULIACÁN

1. **Superficie:** 4.5 Ha
2. **Prácticas Agrícolas y rotación de cultivo**

a). Siembras anteriores.
Maíz y Frijol.

b). Siembras de los vecinos.
Caña de azúcar

c). Plagas presentes con más frecuencia.
Gusano cogollero, gallina ciega, pulgón, trips, gusano barrenador de la caña

d). Enfermedades presentes con más frecuencia.
Roya, chahuistle y huitlacoche.

e). Maleza que más abundan.
Zacates, girasol, quelites e higuerillas

f). Productos químicos que utiliza con más frecuencia.
Organosfosforados, Carbamatos y piretroides

g).Fertilizantes que ha estado usando.
Amoniaco y urea

h).Numero de riegos que da.
4 o 5 dependiendo de la temperatura y disponibilidad de agua

i). Rendimiento obtenido en los dos últimos años.
15 ton / Ha

PREDIO 2. CULIACÁN

1. **Superficie:** 60 Ha.
2. **Prácticas agrícolas y rotación de cultivo**

a). Siembras anteriores.
Maíz y frijol cuatro años atrás tenía chile y tomate

b). Siembras de los vecinos.
Maíz y hortaliza.

c). Plagas presentes con más frecuencia.
Gusano cogollero (*Spodoptera Frujiperda*)

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

d). Enfermedades presentes con más frecuencia.
Sin problemas.
e). Maleza que más abundan.
Girasol
f). Productos químicos que utiliza con más frecuencia.
Clospirifos, Metamilo y Benzoato de Abamectina.
g).Fertilizantes que ha estado usando.
Urea, fosforo, potasio, nitrógeno y amoniaco
h).Numero de riegos que da.
5
i). Rendimiento obtenido en los dos últimos años.
14.5 ton / Ha

PREDIO 3. NAVOLATO

1. **Superficie:** 100 Ha.
2. **Prácticas agrícolas y rotación de cultivos.**
   a). Siembras anteriores.
   Maíz.
   b). Siembras de los vecinos.
   Ocra, Sorgo OI
   c). Plagas presentes con más frecuencia.
   Gusano Cogollero (*Spodoptera frugiperda*) Pulgon varde (*Schizaphis graminum*).
   d). Enfermedades presentes con más frecuencia.
   Sin problemas
   e). Maleza que más abundan.
   Girasol, bledo y chualin
   f). Productos químicos que utiliza con más frecuencia.
   Clorpirifos, metamilo y benzoato de abamectina y thiametoxam
   g).Fertilizantes que ha estado usando.
   Triple 15 y triple 16
   h).Numero de riegos que da.
   5
   i). Rendimiento obtenido en los dos últimos años.
   13 Ton / Ha

PREDIO 4. GUASAVE

1. **Superficie:** 10 Ha.
2. **Prácticas agrícolas y rotación de cultivos.**
   a). Siembras anteriores.
   Frijol.
   b). Siembras de los vecinos.
   Frijol
   c). Plagas presentes con más frecuencia.
   Trips y chicharrita
   d). Enfermedades presentes con más frecuencia.
   Moho blanco
   e). Maleza que más abundan.
   Quelite y verdolaga.
   f). Productos químicos que utiliza con más frecuencia.
   Dimetoato y Benomil

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

g).Fertilizantes que ha estado usando.
Amoniaco y fosforo (10-34-00).
h).Numero de riegos que da.
3 más o menos
i). Rendimiento obtenido en los dos últimos años.
2.4 ton / Ha frijol

PREDIO 5. GUASAVE

1. **Superficie:** 3 Ha.
2. **Prácticas agrícolas y rotación de cultivos.**

a). Siembras anteriores.
Grabanzo.
b). Siembras de los vecinos.
Frijol
c). Plagas presentes con más frecuencia.
Chupadores
d). Enfermedades presentes con más frecuencia.
Moho blanco
e). Maleza que más abundan.
Quelite (*Amaranthus sp*).
f). Productos químicos que utiliza con más frecuencia.
Cipermetrina, Dicamba Glifosato 2-4 d Amina
g).Fertilizantes que ha estado usando.
Amoniaco 82% NH3, Sulfato de Amonio 20.5.
h).Numero de riegos que da.
2 más o menos
i). Rendimiento obtenido en los dos últimos años.
R= 2.5 ton / Ha garbanzo

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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

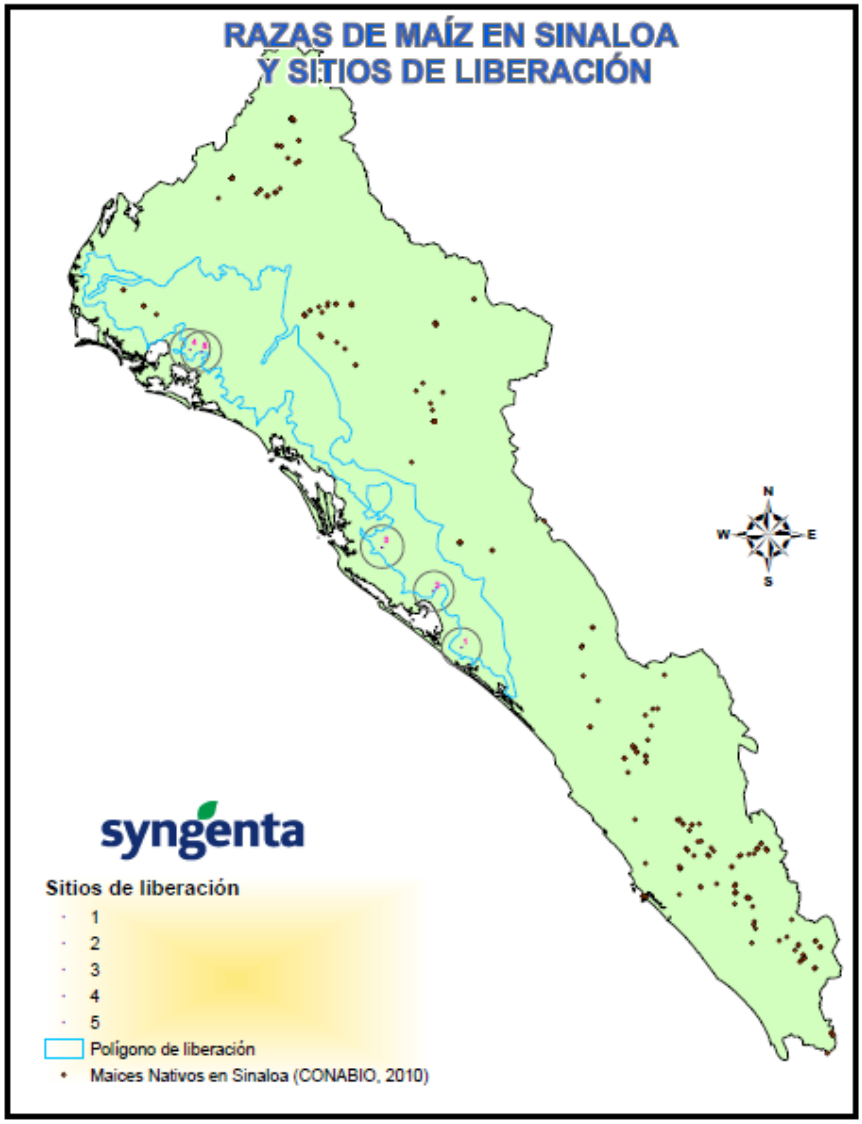


Figura 26. Mapa de distribución de Razas de maíz en el Estado de Sinaloa y localización de zonas de liberación. Para la elaboración de este mapa se utilizó como Fuente de datos: http://www.biodiversidad.gob.mx/genes/proyectoMaices.html

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

En la tabla 19 se puede apreciar un listado de razas de maíz en el estado de Sinaloa.

Tabla 19. Presencia de razas de maíz de los municipios que están dentro del polígono de liberación.

Año colecta	Raza primaria	Estado	Municipio	Altitud	Longitud	Latitud	Nombre común	Tipo deagrícultura
1970	ND	SINALOA	AHOME	150	-108,99222	25,79333		
1950	ND	SINALOA	CULIACAN	84	-107,4	24,8	maíz criollo, maíz dulce	
1980	ND	SINALOA	MOCORITO	140	-107,9616697	25,59527944	maíz de sesenta días, maíz nuri	
1980	ND	SINALOA	MOCORITO	90	-107,6594389	25,15917	maíz de sesenta días, maíz nuri	
1980	ND	SINALOA	EL FUERTE	70	-108,6983336	26,33806028	maíz chapalote, maíz cuarenteño, maíz híbrido	
1968	Tabloncillo Perla	SINALOA	SINALOA	100	-108,2333333	25,81666667		
1968	ND	SINALOA	CULIACAN	150	-107,2333333	24,76666667	maíz criollo, maíz dulce	
1968	ND	SINALOA	CULIACAN	150	-107,2333333	24,76666667	maíz criollo, maíz dulce	
1968	Onaveño	SINALOA	SINALOA	200	-108,2333333	25,81666667	maíz pinto amarillo	
1968	Blando	SINALOA	SINALOA	200	-108,2333333	25,81666667	maíz nurio blando	
1968	ND	SINALOA	SINALOA	200	-108,2333333	25,81666667	maíz entreverado, maíz pinto	
1968	Chapalote	SINALOA	SINALOA	200	-108,2333333	25,81666667	maíz chapalote	
1968	ND	SINALOA	SINALOA	110	-108,2333333	25,81666667	maíz entreverado, maíz pinto	
1968	Reventador	SINALOA	SINALOA	110	-108,2333333	25,81666667	maíz amarillo, maíz de ocho	
1968	Reventador	SINALOA	SINALOA	110	-108,2333333	25,81666667	maíz amarillo, maíz de ocho	
1968	Tuxpeño	SINALOA	EL FUERTE	180	-108,6333333	26,43333333	maíz maizón	
1968	Blando	SINALOA	EL FUERTE	180	-108,6333333	26,43333333	maíz blando, maíz harinoso de diez	

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

1968	Dulcillo del Noroeste	SINALOA	EL FUERTE	180	-108,6333333	26,43333333	maíz dulce
1968	Conejo	SINALOA	EL FUERTE	84	-108,6333333	26,43333333	maíz cuarenteño, maíz pirineo
1968	Chapalote	SINALOA	EL FUERTE	84	-108,6333333	26,43333333	maíz chapalote
1968	Tuxpeño	SINALOA	EL FUERTE	84	-108,6333333	26,43333333	maíz maizón
1968	Conejo	SINALOA	EL FUERTE	84	-108,6333333	26,43333333	maíz cuarenteño, maíz pirineo
1968	Dulcillo del Noroeste	SINALOA	CULIACAN	150	-107,4	24,8	maíz dulce amarillo, maíz dulce rojo
1968	Tabloncillo	SINALOA	CULIACAN	150	-107,4	24,8	maíz negro
1968	Conejo	SINALOA	CULIACAN	150	-107,4	24,8	maíz cuarenteño
1968	Chapalote	SINALOA	CULIACAN	150	-107,4	24,8	maíz chapalote
1968	Chapalote	SINALOA	CULIACAN	500	-107,4	24,8	maíz chapalote
1968	Tabloncillo Perla	SINALOA	CULIACAN	500	-107,4	24,8	maíz de la virgen, maíz de ocho, maíz de ocho amarillo
1968	ND	SINALOA	CULIACAN	70	-107,4	24,8	maíz criollo, maíz dulce
1968	Tuxpeño	SINALOA	CULIACAN	70	-107,4	24,8	maíz San Juan
1968	Tabloncillo Perla	SINALOA	CULIACAN	70	-107,4	24,8	maíz de la virgen, maíz de ocho, maíz de ocho amarillo
1968	Tabloncillo Perla	SINALOA	CULIACAN	70	-107,4	24,8	maíz de la virgen, maíz de ocho, maíz de ocho amarillo
1968	Tabloncillo Perla	SINALOA	CULIACAN	70	-107,4	24,8	maíz de la virgen, maíz de ocho, maíz de ocho amarillo
1968	Dulcillo del Noroeste	SINALOA	CULIACAN	70	-107,4	24,8	maíz dulce amarillo, maíz dulce rojo
1968	Tuxpeño	SINALOA	CULIACAN	150	-107,4	24,8	maíz San Juan

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

1973	Tabloncillo	SINALOA	EL FUERTE	201	-108,6333333	26,43333333	
1973	Onaveño	SINALOA	EL FUERTE	201	-108,6333333	26,43333333	
1973	Chapalote	SINALOA	EL FUERTE	201	-108,6333333	26,43333333	maíz chapalote
1970	Tabloncillo Perla	SINALOA	AHOME	150	-109,05813	25,83012	maíz tabloncillo
1968	Onaveño	SINALOA	CULIACAN	150	-107,4	24,8	
1968	Dulcillo del Noroeste	SINALOA	CULIACAN	500	-107,4	24,8	maíz dulce amarillo, maíz dulce rojo
1968	Tabloncillo Perla	SINALOA	CULIACAN	70	-107,4	24,8	maíz de la virgen, maíz de ocho, maíz de ocho amarillo
1968	Dulcillo del Noroeste	SINALOA	CULIACAN	70	-107,4	24,8	maíz dulce amarillo, maíz dulce rojo
9999	Tabloncillo Perla	SINALOA	AHOME	10	-109,05813	25,83012	maíz tabloncillo
9999	Tabloncillo Perla	SINALOA	AHOME	10	-109,05813	25,83012	maíz tabloncillo
9999	Tabloncillo Perla	SINALOA	EL FUERTE	115	-108,6333333	26,43333333	
1950	Blando	SINALOA	EL FUERTE	115	-108,6333333	26,43333333	maíz blando, maíz harinoso de diez
1950	Chapalote	SINALOA	EL FUERTE	115	-108,6333333	26,43333333	maíz chapalote
1943	Chapalote	SINALOA	CULIACAN	84	-107,4	24,8	maíz chapalote
1970	Onaveño	SINALOA	AHOME	150	-109,1666667	25,9	maíz obregoneño
1968	Vandeño	SINALOA	EL FUERTE	180	-108,6333333	26,43333333	
1968	Dulcillo del Noroeste	SINALOA	CULIACAN	500	-107,4	24,8	maíz dulce amarillo, maíz dulce rojo
1980	Tabloncillo Perla	SINALOA	MOCORITO	140	-107,9616697	25,59527944	maíz ocho hileras

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

1968	Tuxpeño	SINALOA	EL FUERTE	84	-108,6333333	26,43333333	maíz maizón	
1943	ND	SINALOA	AHOME	84	-109,1666667	25,9	maíz obregoneño	
1943	ND	SINALOA	CULIACAN	84	-107,4	24,8	maíz criollo, maíz dulce	
1943	ND	SINALOA	SINALOA	50	-108,2333333	25,81666667	maíz entreverado, maíz pinto	
1973	ND	SINALOA	EL FUERTE	201	-108,6333333	26,43333333	maíz chapalote, maíz cuarenteño, maíz híbrido, maíz pinto, maíz pinto amarillo, maíz pronto gordo	
1973	ND	SINALOA	EL FUERTE	201	-108,6333333	26,43333333	maíz chapalote, maíz cuarenteño, maíz híbrido, maíz pinto, maíz pinto amarillo, maíz pronto gordo	
1973	ND	SINALOA	EL FUERTE	201	-108,6333333	26,43333333	maíz chapalote, maíz cuarenteño, maíz híbrido, maíz pinto, maíz pinto amarillo, maíz pronto gordo	
2007	Blando	SINALOA	SINALOA	155	-108,0736111	25,87222222	maíz nuri	Temporal
2007	Blando	SINALOA	EL FUERTE	299	-108,3833333	26,39472222	maíz blando	Temporal
2007	Blando	SINALOA	EL FUERTE	167	-108,4838889	26,38472222	maíz blando	Temporal
2007	Tuxpeño	SINALOA	EL FUERTE	270	-108,4033333	26,37555556	H-412, olote colorado, pinto amarillo, San Juan	Temporal
2007	Tuxpeño	SINALOA	EL FUERTE	212	-108,4469444	26,35611111	H-412, olote colorado, pinto amarillo, San Juan	Temporal
2007	Tuxpeño	SINALOA	EL FUERTE	168	-108,5022222	26,36805556	H-412, olote colorado, pinto amarillo, San Juan	Temporal
2007	Tuxpeño	SINALOA	EL FUERTE	212	-108,4469444	26,35611111	H-412, olote colorado, pinto amarillo, San Juan	Temporal
2007	Tuxpeño	SINALOA	EL FUERTE	167	-108,4838889	26,38472222	H-412, olote colorado, pinto amarillo, San Juan	Temporal
2007	Tuxpeño	SINALOA	SINALOA	52	-108,1611111	25,8575	aperlado, breve San Juan, carrasco, maizón	Temporal

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

2007	Tabloncillo	SINALOA	EL FUERTE	252	-108,4086111	26,375	pinto amarillo con híbrido, pinto amarillo de ocho carreras	Temporal
2007	Tabloncillo	SINALOA	EL FUERTE	213	-108,4469444	26,35916667	pinto amarillo con híbrido, pinto amarillo de ocho carreras	Temporal
2007	Tabloncillo	SINALOA	SINALOA	82	-108,2052778	25,83861111	amarillo, aperlado, criollo con híbrido, maíz de ocho, ocho carreras, pinto amarillo	Temporal
2007	Tabloncillo	SINALOA	SINALOA	103	-108,1508333	25,72944444	amarillo, aperlado, criollo con híbrido, maíz de ocho, ocho carreras, pinto amarillo	Temporal
2007	Tabloncillo	SINALOA	SINALOA	41	-108,1436111	25,83333333	amarillo, aperlado, criollo con híbrido, maíz de ocho, ocho carreras, pinto amarillo	Temporal
2007	Tabloncillo	SINALOA	SINALOA	155	-108,0736111	25,87222222	amarillo, aperlado, criollo con híbrido, maíz de ocho, ocho carreras, pinto amarillo	Temporal
2007	Tabloncillo	SINALOA	SINALOA	155	-108,0736111	25,87222222	amarillo, aperlado, criollo con híbrido, maíz de ocho, ocho carreras, pinto amarillo	Temporal
2007	Tabloncillo	SINALOA	SINALOA	106	-108,1416667	25,71944444	amarillo, aperlado, criollo con híbrido, maíz de ocho, ocho carreras, pinto amarillo	Temporal
2007	Tabloncillo	SINALOA	SINALOA	121	-107,9963889	25,87055556	amarillo, aperlado, criollo con híbrido, maíz de ocho, ocho carreras, pinto amarillo	Temporal
2008	Tabloncillo	SINALOA	CULIACAN	218	-106,9731667	24,90880556	maíz rico	Temporal
2007	Tabloncillo Perla	SINALOA	SINALOA	116	-107,9941667	25,87944444	aperlado	Temporal
2007	Tuxpeño	SINALOA	EL FUERTE	252	-108,4086111	26,375	H-412, olote colorado, pinto amarillo, San Juan	Temporal

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

2007	Tuxpeño	SINALOA	SINALOA	146	-108,0622222	25,69694444	aperlado, breve San Juan, carrasco, maizón	Temporal
2007	Tuxpeño	SINALOA	SINALOA	137	-108,02	25,66833333	aperlado, breve San Juan, carrasco, maizón	Temporal
2007	Tuxpeño	SINALOA	SINALOA	70	-108,1175	25,86138889	aperlado, breve San Juan, carrasco, maizón	Temporal
2007	Tuxpeño	SINALOA	SINALOA	123	-107,9911111	25,86972222	aperlado, breve San Juan, carrasco, maizón	Temporal
2007	Tuxpeño	SINALOA	SINALOA	86	-108,1158333	25,87583333	aperlado, breve San Juan, carrasco, maizón	Temporal
2007	Tabloncillo	SINALOA	SINALOA	82	-108,2052778	25,83861111	amarillo, aperlado, criollo con híbrido, maíz de ocho, ocho carreras, pinto amarillo	Temporal

Fuente de datos: http://www.biodiversidad.gob.mx/genes/proyectoMaices.html

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

2. Descripción geográfica

Es importante mencionar, que el área donde se pretende hacer la liberación experimental del maíz con tecnología Syngenta está comprendida en la ecorregión 14.3.1.2 Planicie Costera Sinaloense con Selva Baja Caducifolia de acuerdo a la cartografía "INEGI, CONABIO-INE. 2007. Ecorregiones Terrestres de México (escala de 1:1.000.000)" y en la zona de uso agrícola de acuerdo a la cartografía "Uso de suelo y vegetación modificado por CONABIO". CONABIO, 1999.

Para conocer y entender un poco más de la propuesta de Syngenta abordaremos el tema de ecorregiones y como empata con el tema de usos de suelo y vegetación.

Las Ecorregiones Terrestres de México se trata de una regionalización ampliamente usada, basada en considerar que incluso en condiciones climatológicas, geológicas y edafológicas similares, las regiones que han estado separadas por su historia geológica suficiente tiempo tienen floras y faunas distintas. Al tener México una compleja historia geológica (Ferrusquía 1998) esta situación es más la regla que la excepción.

Los factores biogeográficos han desempeñado papeles de gran importancia en la historia evolutiva de la flora y la fauna de México, historia que aún se encuentra plasmada en la composición de especies, comunidades bióticas y ecosistemas actuales, en un patrón de regionalización biológica y ecológica a lo largo y ancho del país. Por ello, un bosque de pino y encino de la Sierra Madre Occidental de Chihuahua, aunque parecido en términos fisonómicos a un bosque de pino y encino de la Sierra Madre del Sur de Guerrero, comparte poco en términos de las especies dominantes de la comunidad.

Estas diferencias regionales en la historia biogeográfica y la distribución de los conjuntos de especies, se pueden delimitar cartográficamente utilizando el concepto de "ecorregiones", en donde las unidades se subdividen utilizando criterios ambientales, dados por tipos de vegetación con estructura y composición de especies de flora y fauna similares, por rasgos fisiográficos como sierras, mesetas, planicies y cuencas, así como por elementos del clima como humedad y temperatura.

En estas unidades se establecen comunidades bióticas ubicadas con rasgos topográficos comunes, bajo la influencia de un determinado clima. Estas clasificaciones intentan empatar las clasificaciones de los sistemas basados en biogeografía con las grandes unidades ecológicas, con el fin de fomentar un enfoque ecológico común a escala regional. En este sentido, uno de los esfuerzos más importantes para contar con un sistema armónico que permita conocer y delimitar las ecorregiones en Norteamérica se deriva del Tratado de Libre Comercio de América del Norte (TLC), establecido en 1994. Como parte importante de la Comisión de Cooperación Ambiental —creada mediante un acuerdo paralelo al TLC—, que involucra las dependencias ambientales de los gobiernos de México, Estados Unidos y Canadá, se formaron equipos de expertos para definir las ecorregiones de América del Norte, de acuerdo con sus afinidades ecológicas y biogeográficas (CCA, 1997).

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Figura 27. Ecorregiones terrestres de México Nivel IV. Cartografía empleada: "INEGI, CONABIO-INE. 2007. Ecorregiones Terrestres de México (escala de 1:1.000.000)". Representación aproximada en escala 1: 14.000.000.

La figura 27 muestra dichas ecorregiones en el nivel IV, el nivel IV (escala de 1 1 000 000), cuyo mapa está compuesto por 96 ecorregiones terrestres sin considerar los cuerpos de agua (INEGI-CONABIO-INE, 2007). Cada una de estas ecorregiones incluye uno o más ecosistemas, que a su vez incluyen distintas comunidades de flora y fauna. Si se comparan los grandes tipos de vegetación de México con las ecorregiones de nivel IV, se observa, por ejemplo, que la Planicie Costera Sinaloense con Selva Baja Espinoza (14.3.1.2) empata con la región con potencial agrícola según la cartografía de Uso de Suelo y Vegetación (CONABIO, 2009) de acuerdo con las historias biogeográfica y ecológica locales. Esta concordancia regional se expresa en una composición de especies y en una diversidad y dominancia específica como lo podemos ver en la figura.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

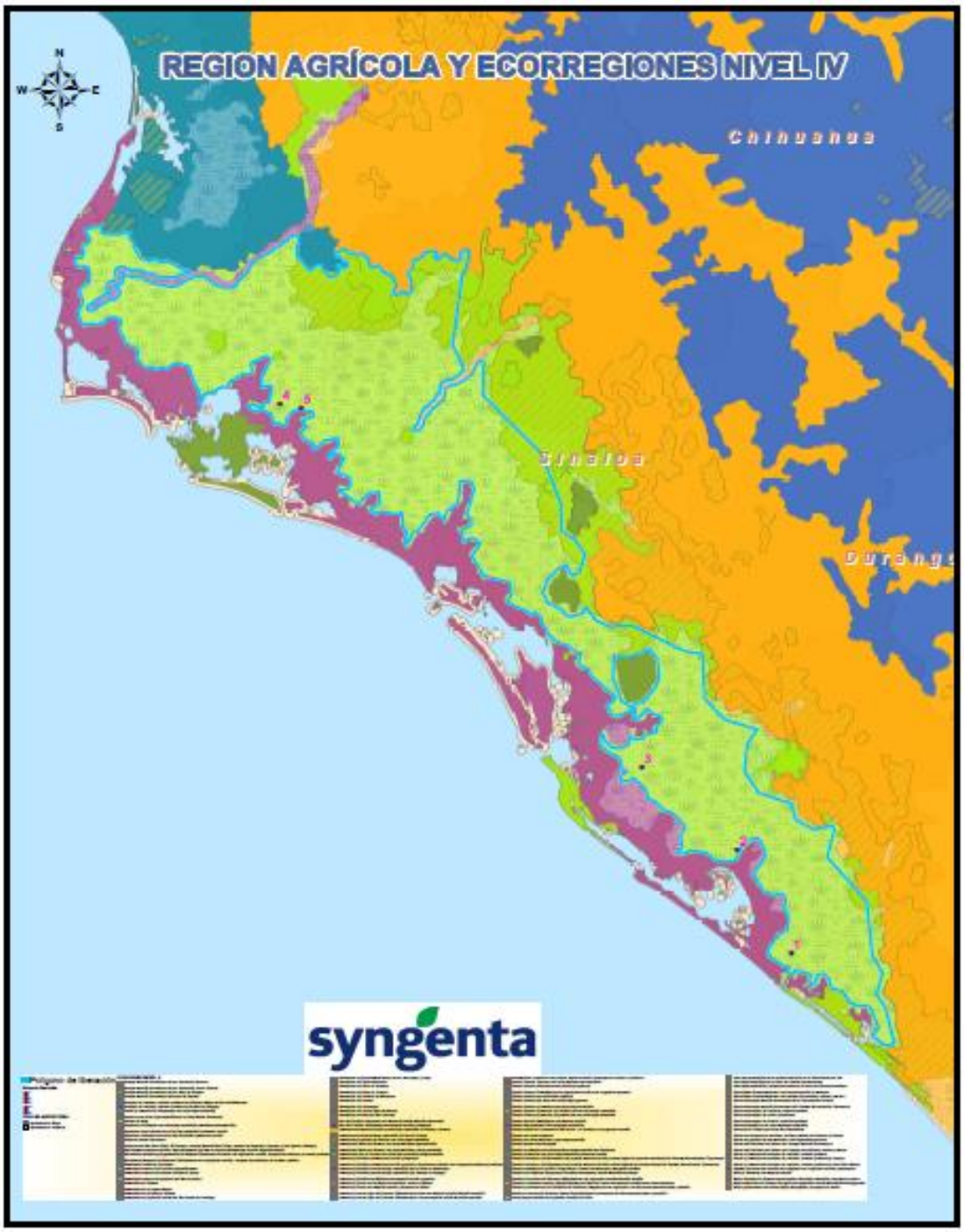


Figura 28. Ecorregiones terrestres de México Nivel IV y usos de suelo y vegetación presentes en el polígono de liberación en Sinaloa. Cartografía empleada: "ecorregiones terrestres de México (escala de 1:1.000.000) CONABIO, 2007 " y "Uso de suelo y vegetación modificado por CONABIO". CONABIO, 1999. ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1: 1.250.000.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

El área de liberación donde se pretende hacer la liberación experimental del maíz con tecnología Syngenta comprende los municipios Ahome, El Fuerte, Sinaloa, Guasave, Salvador Alvarado, Angostura, Mocorito, Navolato y Culiacán. Pero los sitios de liberación no necesariamente será en todos los municipios antes mencionados. Ya que para esta solicitud en cuestión solo se llevará a cabo la experimentación el Guasave, Navolato y Culiacán.

- **Localización geográfica**

  - **Ahome**[18]

Se localiza en la región más septentrional del estado a los 108°46' 00" y 109°27'00" de longitud oeste del Meridiano de Greenwich y entre los paralelos 25°33'50" y 26°21'15" de latitud norte. Limita al norte con el Golfo de California y el estado de Sonora; limita al poniente y al sur con el Golfo de California y al oriente con los municipios de Guasave y El Fuerte. Se encuentra localizado a 10 metros sobre el nivel del mar.

  - **El fuerte**[19]

El municipio de El Fuerte se localiza al noroeste del estado y sus coordenadas extremas son: 108°16´47” y 109°04´42” al oeste del meridiano de Greenwich y entre los 25°53´29” y los 26°38´47” de latitud norte. Está situado a 80 metros sobre el nivel del mar en los valles y hasta 1 mil metros en sus partes altas. Su clima varía entre los 4° y 42°C. El municipio está integrado por 373 localidades y en 7 sindicaturas administrativas: Chinobampo, Tehueco, San Blas, Jahuara II, Charay, Mochicahui y La Constancia. Limita al norte con Sonora y el municipio de Choix; al sur con los municipios de Ahome, Guasave y Sinaloa; al poniente con Sonora y Ahome, y al oriente con los municipios de Choix y Sinaloa.

  - **Sinaloa**[20]

El municipio de Sinaloa se localiza entre los meridianos 107°27'56" y 108°40'22" de longitud oeste del meridiano de Greenwich y entre los paralelos 25°39'54" y 26°25'49" de latitud norte. Colinda al Norte con el estado de Chihuahua y los municipios de El Fuerte y Choix; al Este limita con el estado de Chihuahua y el municipio de Badiraguato; al Sur colinda con los municipios de Guasave, salvador Alvarado y Mocorito y al Oeste con los municipios de El Fuerte y Guasave. El municipio tiene una altura que varía entre los 55 y los 2,155 metros sobre el nivel del mar y una extensión de territorio de 6,186 km², que representa el 10.6% del total del estado y el 0.31% del país.

  - **Guasave**[21]

Guasave se localiza en el Noroeste del Estado de Sinaloa, entre los meridianos 108º10’00” y 109º06’50” longitud Oeste de Grenwich y los paralelos 25º10’03” al

[18] Visitar: http://www.inafed.gob.mx/work/templates/enciclo/sinaloa/mpios/25001a.htm
[19] Visitar: http://www.e-local.gob.mx/work/templates/enciclo/sinaloa/mpios/25010a.html
[20] Visitar: http://www.sinaloamunicipio.gob.mx
[21] Visitar: http://www.guasave.gob.mx/cms/index.php

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

25º46’19” latitud norte. Colinda al norte con los municipios de Ahome y Sinaloa; al este, con los municipios de Sinaloa, Salvador Alvarado y Angostura; al sur con el municipio de Angostura y el Golfo de California; al oeste con el Golfo de California y el municipio de Ahome.

- **Salvador Alvarado**[22]

El municipio de Salvador Alvarado se localiza en el estado de Sinaloa. De acuerdo a su posición geográfica en el mapa general de la República Mexicana, se encuentra entre las coordenadas extremas que van de 25° 11' 03" a 25° 43' 47" latitud norte del trópico de cáncer y de 107° 44' 00" a 108° 12' 11" longitud oeste del meridiano de Greenwich. Es fundamental saber que Salvador Alvarado está formado por una extensión territorial total de 197.5 kilómetros cuadrados y se encuentra a una altura promedio de 43 metros sobre el nivel del mar.

Es importante saber que territorialmente colinda al norte con los municipios de Sinaloa y Guasave, al sur con Angostura, al este con Mocorito y al oeste con el municipio de Angostura. En otros datos estadísticos importantes, los resultados estadísticos que obtuvo el INEGI del conteo de población realizado en el 2010, mostraron que el número de personas que viven en el municipio de Salvador Alvarado es de 79,090.

- **Angostura**[23]

El municipio de Angostura se localiza en el centro del estado de Sinaloa. El mapa de la República Mexicana indica que se encuentra entre las coordenadas geográficas 25° 00’ 43’ y 23° 30’ 00” latitud norte y entre 107° 47’ 03” y 108° 15’ 19” longitud oeste. Angostura colinda en la parte noroeste con el municipio de Guasave, tanto al norte como al noroeste con Salvador Alvarado, en la región este con Mocorito, en la zona sureste con el municipio de Navolato y finalmente tanto al sur como al oeste con el Golfo de California o Mar Cortés.Está formado por una extensión territorial total de 1,447.63 kilómetros cuadrados. Debido a las diferentes elevaciones que tiene se encuentra situado a una altura promedio de unos 35 metros sobre el nivel del mar (msnm). Es preciso saber que el INEGI dio a conocer los resultados obtenidos del tercer conteo de población y vivienda realizados en todos los estados y municipios del país durante el 2010 y señaló que el número total de población en el municipio de Angostura es de 44,993.

- **Mocorito**[24]

De acuerdo a lo que señala el mapa de la República Mexicana, sobre la localización del municipio de Mocorito, éste se encuentra en la parte noroeste del estado de Sinaloa. Es fundamental saber que geográficamente se encuentra situado entre las coordenadas que van de 24° 58’ 42” a 25° 51’ 10” latitud norte y de 107° 31’ 25” a 108° 02’ 55” longitud oeste. Mocorito cuenta con una extensión territorial de 2,566 kilómetros cuadrados. En cuanto a su altitud, ésta es variable debido a las diferentes elevaciones que tiene, pero en datos generales oscila entre 50 y 975 metros sobre el nivel del mar.

[22] Visitar: http://www.salvadoralvarado.gob.mx
[23] Visitar: http://www.municipios.mx
[24] Visitar: http://www.municipios.mx

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Entre los lugares con los que colinda Mocorito, al norte se encuentra el municipio de Sinaloa, al sur con Novalato, al sureste con Culiacán, en la zona este con Badiraguato y al oeste con los municipios de Salvador Alvarado y Angostura. En otra información importante, la institución mexicana especializada en censo "Instituto Nacional de Estadística y Geografía" fue quien se encargó de realizar en el año 2010 el tercer censo de población y vivienda en México. Informó que los resultados obtenidos del primer censo mostraron que el municipio de Mocorito cuenta con 45,839 habitantes.

- **Navolato**[25]

El municipio de Navolato se localiza en el estado de Sinaloa, situandose entre las coordenadas 24° 25' 45" y 25° 59' 30" latitud norte y entre 107° 14' 00" y 108° 04' 50" longitud oeste. Colinda al norte con Mocorito y Angostura, al sur, oeste, noroeste, sureste y suroeste con el Golfo de California, y tanto al este como al noroeste con el municipio de Culiacán.Territorialmente el municipio de Navolato está formado por una extensión de unos 2,285 kilómetros cuadrados y debido a la gran variación de elevaciones que tiene se encuentra a una altura promedio de aprox. 20 metros sobre el nivel del mar (msnm). En datos estadísticos, es preciso saber que el Instituto Nacional de Estadística y Geográfica señaló que los resultados obtenidos del tercer censo de población efectuado en el 2010 en el municipio de Navolato, fueron que dicho lugar cuenta con una población total de 135,603.

- **Culiacán**[26]

El municipio de Culiacán se encuentra en la región central del estado de Sinaloa, entre los meridianos 106° 56’ 50” y 107° 50’ 15” de longitud oeste del meridiano de Greenwich y las coordenadas extremas de los paralelos 24° 02’ 10” y 25° 14’ 56” de latitud norte. Su altitud sobre el nivel del mar en la costa alcanza hasta los 2,100 metros en la zona de los altos.Su cabecera municipal tiene una altura media de 53 metros sobre el nivel del mar. Colinda al norte con el municipio de Badiraguato, al sur con el golfo de California, al este con el municipio de Cosalá y el estado de Durango; al oeste con el municipio de Navolato; al noroeste con el estado de Durango; al noroeste con Navolato y Mocorito; al suroeste con Elota y Cosalá, y al suroeste con Navolato y el Golfo de California.

[25] Visitar: http://www.municipios.mx
[26] Visitar: http://www.e-local.gob.mx/work/templates/enciclo/sinaloa/mpios/25006a.htm

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

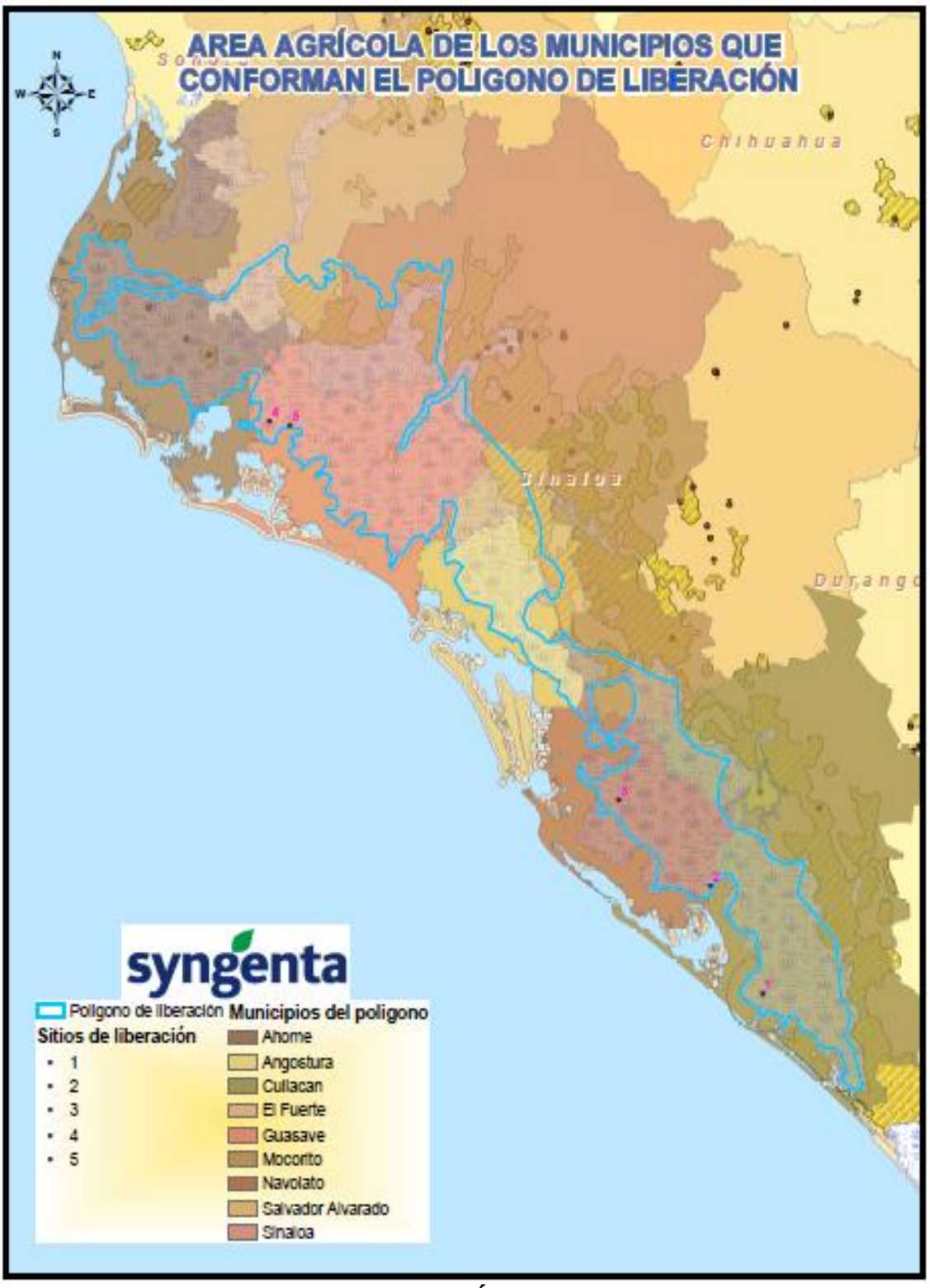


Figura 29. **Mapa del polígono de liberación (Área dedicada exclusivamente a la actividad agrícola), sitios de liberación (5) y los Municipios que conforman el polígono de liberación en el Estado de Sinaloa**. Cartografía empleada: "Uso de suelo y vegetación modificado por CONABIO". CONABIO, 1999 y "Áreas Urbanas de México". ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1: 1.250.000.

TIPOS DE SUELO

Se denomina suelo a la parte no consolidada y superficial de la corteza terrestre, biológicamente activa, que tiende a desarrollarse en la superficie de las rocas emergidas por la influencia de la intemperie y de los seres vivos (meteorización).

Los suelos son sistemas complejos donde ocurren una vasta gama de procesos químicos, físicos y biológicos que se ven reflejados en la gran variedad de suelos existentes en la tierra.

A grandes rasgos los suelos están compuestos de minerales y material orgánico como materia sólida y agua y aire en distintas proporciones en los poros. De una manera más esquemática se puede decir que la pedosfera, el conjunto de todos los suelos, abarca partes de la litósfera, biósfera, atmósfera e hidrósfera.

Son muchos los procesos que pueden contribuir a crear un suelo particular, algunos de estos son la deposición eólica, sedimentación en cursos de agua, meteorización, y deposición de material orgánico.

Existen dos clasificaciones para los tipos de suelo, una según su funcionalidad y otra de acuerdo a sus características físicas.

Por funcionalidad

- Suelos arenosos: No retienen el agua, tienen muy poca materia orgánica y no son aptos para la agricultura, ya que por eso son tan coherentes.
- Suelos calizos: Tienen abundancia de sales calcáreas, son de color blanco, seco y árido, y no son buenos para la agricultura.
- Suelos humíferos (tierra negra): Tienen abundante materia orgánica en descomposición, de color oscuro, retienen bien el agua y son excelentes para el cultivo.
- Suelos arcillosos: Están formados por granos finos de color amarillento y retienen el agua formando charcos. Si se mezclan con humus pueden ser buenos para cultivar.
- Suelos pedregosos: Formados por rocas de todos los tamaños, no retienen el agua y no son buenos para el cultivo.
- Suelos mixtos: tiene características intermedias entre los suelos arenosos y los suelos arcillosos

Por características físicas

- Litosoles: Se considera un tipo de suelo que aparece en escarpas y afloramientos rocosos, su espesor es menor a 10 cm y sostiene una vegetación baja, se conoce también como leptosales que viene del griego leptos que significa delgado.
- Cambisoles: Son suelos jóvenes con proceso inicial de acumulación de arcilla. Se divide en vértigos, gleycos, eutrícos y crómicos.
- Luvisoles: Presentan un horizonte de acumulación de arcilla con saturación superior al 50%.
- Acrisoles: Presentan un marcado horizonte de acumulación de arcilla y bajo saturación de bases al 50%.
- Gleysoles: Presentan agua en forma permanente o semipermanente con fluctuaciones de nivel freático en los primeros 50 cm.
- Fluvisoles: Son suelos jóvenes formados por depósitos fluviales, la mayoría son ricos en calcio.
- Rendzina: Presenta un horizonte de aproximadamente 50 cm de profundidad. Es un suelo rico en materia orgánica sobre roca caliza.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- Vertisoles: Son suelos arcillosos de color negro, presentan procesos de contracción y expansión, se localizan en superficies de poca pendiente y cercanos escurrimientos superficiales.

Para el caso del área de liberación se hace una revisión de los tipos de suelos que predominan en los municipios que conforman dicha área, además de un mapa para representar de manera grafica la clasificación de suelos de acuerdo a sus características físicas (ver figura 30).

❖ **Ahome**[27]

Los suelos se pueden clasificar en su mayoría dentro de los Castañozem Cálcicos (con acumulaciones importantes de yeso o cal), con una textura calificada de gruesa (mayor de 35% de arena) y con profundidad superior a los 14 cm.

❖ **El fuerte**[28]

El municipio está constituido por terrenos del Cenozoico y del Terciario. Predominando los suelos cambisol y feozem, y en menor medida, suelos vertisol, regosol, solonchak, yermosol y litosol. La zona de llanuras se utiliza para la agricultura y al norte, su uso es ganadero.

❖ **Sinaloa**[29]

Los suelos que predominan son los cherrosem o negro y los castaños o chesnut en 70% de la superficie. El cherrosem, susceptible de aprovechamiento agrícola, representa un 20% de la superficie cultivable. El uso de suelo es del 80% destinado a la ganadería por el desarrollo de zacate y el resto a la agricultura de riego. El 70% del municipio tiene una geografía accidentada o altiplano y el resto presenta terreno planos dedicados a la agricultura de riego.

❖ **Guasave**[30]

En la composición del suelo del municipio de Guasave, predominan los suelos castañozem o chestnut, prototipo de regiones de clima seco con deficiencia de humedad, por lo que su vegetación se presenta en forma de zacates bajos que se propagan por rizomas. Una característica muy importante de esta unidad edafológica es su riqueza en materia orgánica, lo que determina un matiz café castaño en su superficie.

❖ **Salvador Alvarado**[31]

Los suelos más característicos de la región son los castaños o chesnut que son resultado de un proceso de intemperización con deficiencias de humedad, por lo que la vegetación es menos desarrollada, presentando zacates bajos que se le propagan por rizomas, que son propias para el desarrollo agrícola.

❖ **Angostura**[32]

[27] Visitar: http://www.inafed.gob.mx/work/templates/enciclo/sinaloa/mpios/25001a.htm
[28] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[29] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[30] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[31] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[32] Visitar: http://www.e-local.gob.mx

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

El suelo del municipio muestra un predominio de suelos vertisol, junto a la costa son de tipo solonchak; en el extremo sur existe una pequeña porción de suelos cambisol y hacia el oriente pequeñas porciones de feozem y litosol. De la superficie municipal 65,136 hectáreas se destinan a uso agrícola, una pequeña parte se usa para agostadero y junto al litoral existen amplias áreas inundables y salitrosas.

- **Mocorito**[33]

El municipio está constituido por suelos del Cenozoico Medio Superior y del Mesozoico. Predomina el suelo vertisol y en menor medida el feozem. Aproximadamente el 50 % del territorio son tierras destinadas a la agricultura de temporal.

- **Navolato**[34]

En el municipio de Navolato predominan rocas sedimentarias pertenecientes al Cenozoico de la era Cuaternaria. Predominan los suelos solonchak, cambisol y vertisol

- **Culiacán**[35]

Las características geológicas del municipio de Culiacán son: la faja costera que esta formada por capas recientes del pleistoceno y formaciones geológicas del principio de la era cuaternaria. La región central por la naturaleza rocosa del cenozoico y las partes elevadas de la sierra, está compuesta principalmente por rocas metamórficas de la era mesozoica. Predominan los suelos feozem, vertisol, regosol y cambisol, la mayor parte del suelo es de uso agrícola.

[33] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[34] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[35] Visitar: http://www.e-local.gob.mx

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

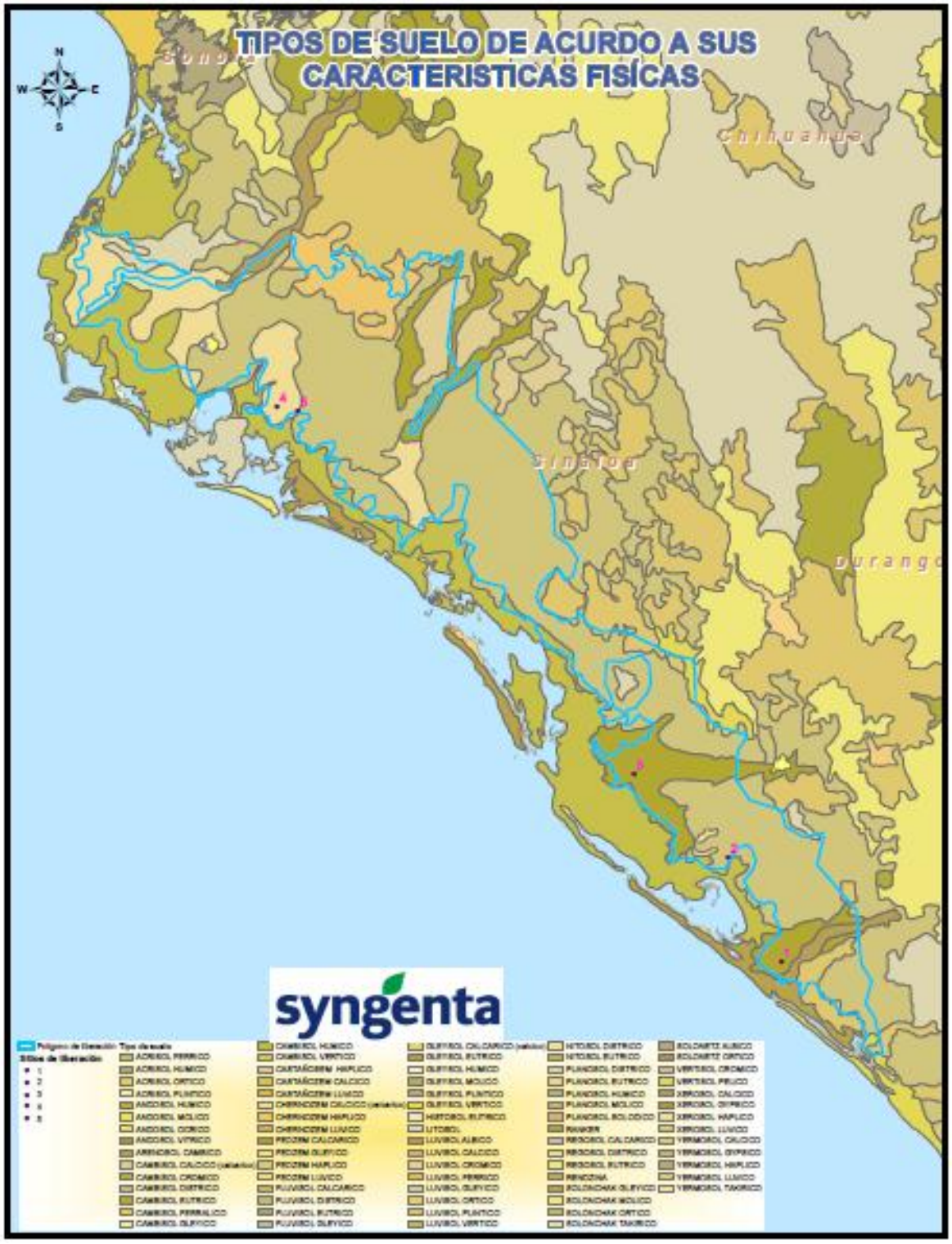


Figura 30. Mapa de las diferentes tipos de suelo según clasificación por sus propiedades físicas que se encuentran en Sinaloa y en particular en el polígono de liberación y sitios de liberación. Cartografía empleada: Instituto Nacional de investigaciones Forestales y Agropecuarias (INIFAP) - Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO), (1995). 'Edafología'. México, ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1:1.250.000

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

CARACTERISTICAS METEREOLOGICAS

Clima Estado de Sinaloa

La altitud predominante en Sinaloa (del nivel del mar a 1 000 m), entre otros factores como la ubicación en las zonas subtropical e intertropical, ha originado que gran parte de su territorio presente altas temperaturas; mientras que el resto, con mayor altura sobre el nivel del mar, muestra temperaturas menos altas. Este elemento del clima (la temperatura) en relación con la precipitación, que va de menos de 300 a más de 1 500 mm, ha dado lugar a la presencia de climas: *cálido* subhúmedo con lluvias en verano, *semiseco* muy cálido y cálido, *seco* muy cálido y cálido, *semicálido* subhúmedo con lluvias en verano, *muy seco* muy cálido y cálido, *templado* subhúmedo con lluvias en verano y *seco* semicálido; citados en orden según la extensión que abarcan. El clima **cálido subhúmedo con lluvias en verano** se distribuye en forma de una franja orientada más o menos noroeste-sureste, que va de las inmediaciones de la cabecera municipal de Choix a Mazatlán y el límite con Nayarit; éste clima comprende alrededor de 36% de la entidad, donde la temperatura media anual va de 22° a 26°C, aunque en la zona sur llega a 28°C, la temperatura media del mes más frío es mayor de 18°C y la precipitación total anual varía entre 700 y 1 000 mm. Al occidente de la zona anterior se localiza el clima **semiseco muy cálido y cálido**, también a manera de franja, desde el noreste de la población El Fuerte hasta Culiacán de Rosales y el norte de Mazatlán. Esta franja corresponde a cerca de 21% de la superficie estatal; en ella la temperatura media anual que prevalece es de 24° a 26°C, pero en dos zonas reducidas del norte es inferior al primer valor y en el sur de El Fuerte es mayor al segundo; la precipitación total anual varía entre 600 y 800 mm. Del occidente de El Fuerte a Guasave, Navolato y La Cruz se extiende la faja de clima **seco muy cálido y cálido**, el cual abarca casi 18% de la entidad, presenta temperaturas medias anuales de 22° a 26°C y su precipitación total anual va de menos de 400 a 600 mm. En terrenos aledaños al límite con Chihuahua, así como de la mitad hacia el sur de las tierras colindantes con Durango, en áreas discontinuas cuya altitud va de 1 000 a 1 200 m y que representan poco más de 11% del estado, se manifiesta el clima **semicálido subhúmedo con lluvias en verano**. Este se caracteriza por presentar temperaturas medias anuales mayores a 18°C, la temperatura media del mes más frío varía entre -3° y 18°C y la precipitación total anual, entre 800 y más de 1 500 mm. La zona más seca, con precipitaciones totales anuales entre 200 y 400 mm y temperaturas medias anuales de 22° a 26°C, está ubicada en los alrededores de la cabecera municipal Los Mochis, abarca aproximadamente 10% del territorio sinaloense y pertenece al clima **muy seco muy cálido y cálido**. El clima **templado subhúmedo con lluvias en verano** comprende áreas cuya altitud es mayor de 1 200 m, se distribuye hacia el lado oriental, en unidades separadas que suman algo más de 4% del estado. Dichas unidades tienen temperaturas medias anuales que varían de 12° a 18°C, la temperatura media del mes más frío se encuentra entre -3° y 18°C, y la precipitación total anual va de 800 a más de 1 500 mm. Al poniente de la población El Fuerte está ubicada la pequeña área (apenas 0.14%) de clima **seco semicálido**, que por su tamaño no se muestra en el mapa; ésta presenta temperaturas medias anuales entre 18° y 22°C y su precipitación total anual se encuentra alrededor de 500 mm.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Figura 31. Mapa de los climas en el Estado de Sinaloa. Figura tomada de: http://mapserver.inegi.gob.mx/geografia/espanol/estados/sin/clim.cfm

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Clima por municipio

En la figura 31 y 32 se muestran los tipos de clima en el estado de Sinaloa, a continuación se describen los climas de cada uno de los municipios en particular, donde se pretende realizar la liberación experimental para la cual se solicita permiso en el presente documento.

- **Ahome**[36]

Predomina el clima seco cálido apenas modificado por precipitaciones pluviales. Estudios establecieron una temperatura media anual de 33°C. Los últimos 28 años registran una temperatura mínima de 5°C y una máxima de 43°C, siendo los meses más calurosos de julio a octubre y las temperaturas más bajas registradas de noviembre a febrero. En el período de referencia la precipitación pluvial promedió 302.2 milímetros anuales, siendo los meses más lluviosos de julio a octubre. Los vientos dominantes de la región se orientan en dirección sudoeste con una velocidad aproximada de 1 metro por segundo. Existe una humedad relativa promedio del 65 al 75%.

- **El fuerte**[37]

El municipio de El Fuerte cuenta en su territorio con una gran variedad de climas. En su extremo oriental es cálido subhúmedo con lluvias en verano; en su parte norte-centro presenta un clima semicálido; en su zona centro sur es seco-cálido; en sus extremos sur y oeste es muy seco-cálido, y en su parte noroeste junto al estado de Sonora es seco-semicálido. El período de lluvias es de julio a octubre y la precipitación pluvial media es de 564 mm anuales. La temperatura promedio anual es de 25°C, con máximas de 46°C en verano y mínimas de 4°C. Los meses más calurosows son de mayo a septiembre. Los vientos dominantes se orientan hacia el suroeste a una velocidad promedio de dos metros por segundo

- **Sinaloa**[38]

El clima es tropical lluvioso, seco estepario muy cálido y frío semiseco. La temperatura media anual es de 24°C con una máxima de 44°C y una mínima de 0.5°C; la precipitación pluvial promedio es de 608 mm; los vientos dominantes fluyen en dirección suroeste con velocidad de dos metros por segundo.

Tipo	% de la superficie municipal
Cálido, subhúmedo, con lluvias en verano	37.59
Semicalido, subhúmedo con lluvias en verano	8.68
Templado, subhúmedo con lluvias en verano	3.70
Semiseco, muy cálido y cálido	27.24
Seco muy cálido, cálido	11.85

- **Guasave**[39]

[36] Visitar: http://www.inafed.gob.mx/work/templates/enciclo/sinaloa/mpios/25001a.htm
[37] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[38] Visitar: http://www.sinaloamunicipio.gob.mx

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Por su ubicación geográfica, en el municipio de Guasave prevalecen tres tipos de climas. El muy seco muy cálido y cálido que comprende las sindicaturas de Juan José Ríos, Adolfo Ruiz Cortines, Lic. Benito Juárez, Tamazula, La Brecha y aproximadamente un 60 por ciento de la Sindicatura Central; el seco muy cálido y cálido que predomina en las sindicaturas de La Trinidad, Nío, El Burrión, San Rafael y aproximadamente un 40 por ciento de la Sindicatura Central; por último el semiseco muy cálido y cálido que predomina en las sindicaturas de León Fonseca y Bamoa. La temperatura ha acusado los siguiente registros: la media registró 25.1ºC, la máxima 43.0ºC, y la mínima 3.0ºC. La estación climatológica "El Nudo" determinó de 1960 a 1982 una temperatura media anual de 24.3ºC; una máxima de 45.0ºC y una mínima de -1.0ºC. Los meses más calurosos abarcan de junio a octubre y los más fríos de noviembre a marzo.

Tipo o subtipo	Símbolo	% sup. municipal
Semiseco muy cálido y cálido	BS1(h')	3.55
Seco muy cálido y cálido	BS(h')	47.21
Muy seco muy cálido y cálido	BW(h')	49.24

Fuente: CGSNEGI, 1:1000 000

Precipitación pluvial

El municipio percibe una precipitación pluvial anual media de 392.8 milímetros, con una máxima de 760.3 y una mínima de 231.1 milímetros.

Vientos dominantes

Los vientos predominantes son en dirección suroeste, y llegan a alcanzar velocidades de hasta 2 metros por segundo.

- **Salvador Alvarado**[40]

En el municipio predominan dos tipos de clima. En la parte oriental clima tropical lluvioso, y el resto de la región tiene clima seco estepario con lluvias en verano.

Se registra una temperatura promedio anual de 24.4°C, con una máxima de 44°C y una mínima de 0.0°C. Se determina una precipitación pluvial media de 545.0 milímetros, una máxima de 846.7 milímetros y una mínima de 315.4 milímetros.

- **Angostura**[41]

El clima imperante en el municipio es semiseco, con lluvias en los meses de julio a septiembre y escasa precipitación durante el resto del año. La temperatura media anual es de 24ºC con máxima de 41ºC y mínima de 2ºC; la precipitación pluvial promedio anual es de 550 milímetros. Los vientos dominantes se desplazan en dirección noroeste a una velocidad aproximada de dos metros por segundo. Esta región es susceptible de perturbaciones tropicales.

[39] Visitar: http://www.guasave.gob.mx/cms/index.php
[40] Visitar: http://www.salvadoralvarado.gob.mx
[41] Visitar: http://www.municipios.mx

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Mocorito**[42]

El municipio de Mocorito presenta dos tipos de climas: uno templado-cálido, lluvioso de sabana con temporada de sequía bien marcada; este clima es representativo de los valles, zonas bajas de planicie y lomeríos, y en las ultimas faldas de las zonas serranas. El otro tipo de clima es templado frío; Se presenta en las zonas serranas del municipio que tienen elevaciones considerables y muy variables sobre el nivel del mar.

La estación climatológica "Mocorito" localizada a los 107° 55'00" de longitud oeste y los 25° 28'30" de latitud norte observó en el período de 1940-1990 una temperatura media anual de 24.2°C, una máxima de 44°C y una mínima de 0.5°C; en este mismo periodo de observación la precipitación media resultante fue de 697.1 milímetros, una máxima de 1 mil 101.2 milímetros y una mínima de 523.5 milímetros. Los vientos dominantes se desplazan en dirección suroeste, desarrollando una velocidad de un metro por segundo.

- **Navolato**[43]

En Navolato predomina un clima seco cálido con lluvias en verano y escasas a lo largo del año. El registro de las normales climatológicas indican que la temperatura media anual es de 24°C, la precipitación total anual oscila de los 433.5 a los 511.6 milímetros.

- **Culiacán**[44]

El municipio tiene una temperatura media anual de 24°C, con una mínima de 2°C, con una precipitación pluvial promedio de 658 milímetros, el clima es húmedo y caliente en verano, mientras que en invierno la temperatura es agradable, con escasas precipitaciones, los vientos dominantes se desplazan en dirección noroeste, desarrollando una velocidad aproximada de dos metros por segundo.

En la tabla 20 se muestran los datos meteorológicos a considerar, de la zona donde se prentende realizar la liebarción experimental.

[42] Visitar: http://www.municipios.mx
[43] Visitar: http://www.municipios.mx
[44] Visitar: http://www.e-local.gob.mx/work/templates/enciclo/sinaloa/mpios/25006a.htm

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 20. Datos meteorológicos en el Estado de Sinaloa. http://148.235.104.228/redclima/clima/historicos.aspx

Nombre:	Base Culiacán
Municipio:	Culiacán
Latitud:	24° 44' 1"
Longitud:	107° 27' 16"

Fecha	Prec.	T. Max.	T. Min.	T. Med.	VV max.	DVV max.	VV	DV	HR	ET	EP
enero	0.4	28.65	13.42	19.92	7.3	323.1(NO)	0.6	235.67(SO)	67.58	80.8	79.8
febrero	0.2	29.95	12.33	20.08	6.2	269.1(O)	0.82	187.63(S)	64.93	91.3	83.82
marzo	1.6	30.29	15.23	22.02	8.3	240.2(SO)	1.13	84.26(E)	65.66	129	98.74
abril	0.6	33.95	15.67	23.69	7.8	245.8(SO)	0.87	31.7(NE)	61.79	109.3	96.73
mayo	0	38.33	20.92	28.37	0.6	308.1(NO)	0	175.61(S)	58.95	83.2	85.79
junio	30.6	39.55	24.13	30.47	0.5	13(N)	0	273.64(O)	60.08	66.8	75.48
julio	95.4	40.9	25.71	31.59	0.8	311.8(NO)	0.01	189.72(S)	66.35	109.5	83.56
agosto	252.6	37.93	24.18	29.91	25.3	14(N)	0.88	172.43(S)	74.82	109.2	75.78
septiembre	91.4	35.18	24.31	29.21	21.5	46.7(NE)	2.46	211.22(SO)	73.41	143.2	88.13
octubre	120.8	32.63	21.35	26.23	72.3	40.2(NE)	8.04	212.38(SO)	75.3	133	101.21
noviembre	26.8	31.72	16.33	23.26	15.1	188.2(S)	2.3	288.36(O)	69.86	113.3	88.44
diciembre	7.8	27.67	10.74	18.33	17.9	206(SO)	2.25	177.34(S)	68.94	93.9	89.66
TOTALES	628.2+	33.9*	18.69*	25.26*	--	--	1.61*	218.62(SO)*	67.31*	1262.5+	1047.14+

- Acumulado

*Promedios

Donde:

Prec.: Precipitación total (mm)
T. Max.: Temperatura máxima (°C)
T. Min.: Temperatura mínima (°C)
T. Med.: Temperatura media (°C)
VV max.: Velocidad del viento máxima (km/hr)
DVV max.: Dirección de la velocidad máxima del viento (grados azimut)
VV: Velocidad promedio del viento (km/hr)
DV: Dirección promedio del viento (grados azimut)
HR: Humedad relativa (%)
ET: Evapotranspiración de referencia (mm)
EP: Evaporación potencial (mm)

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

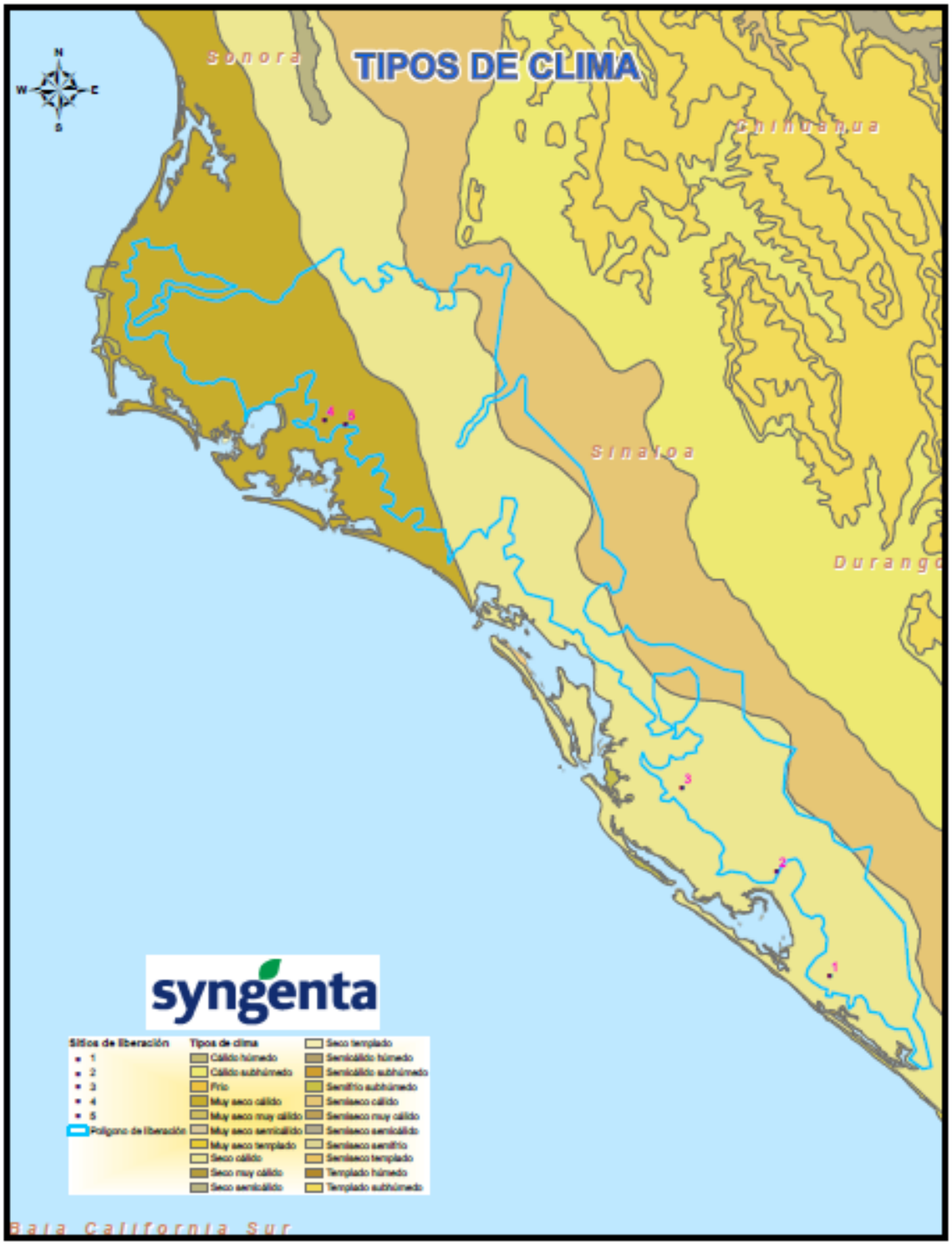


Figura 32: **Mapa de representación de los tipos de clima dentro del polígono de liberación (región agrícola de Sinaloa) y los sitios de liberación**. Cartografía empleada: "Datos vectoriales de la serie clima" escala. 1:1 000 000. INEGI (2000) y "Áreas Urbanas de México". ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1: 1.250.000.

© 2011 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.

De acuerdo al estudio de Comisión para la Cooperación Ambiental del 2006 denominado "Regiones Ecológicas de América del Norte", el estado de Sinaloa se encuentra contenido de forma general en las regiones 9.0 denominadas Grandes Planicies.

De acuerdo al análisis de la cartografía de "Uso de suelo y vegetación modificado por CONABIO" de 1999 y representado en el siguiente mapa, los tipos de vegetación y el uso de suelo presentes en la región son los siguientes (para una mejor apreciación se anexa este mapa en el Apéndice A) En loa figura 33

- Agricultura de Riego
- Pastizal Cultivado
- Matorral
- Agricultura de temporal
- Mezquital

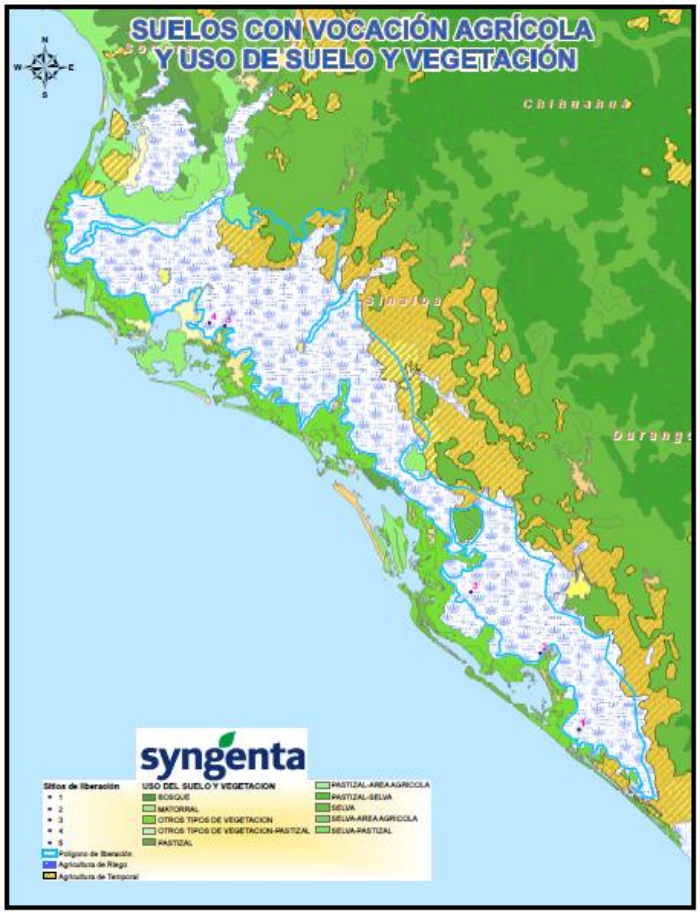


Figura 33. **Mapa de los usos de suelo y vegetación presentes en la zona**. Cartografía empleada: "Uso de suelo y vegetación modificado por CONABIO". CONABIO, 1999 y "Áreas Urbanas de México". ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1: 1.250.000.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Áreas Naturales Protegidas:

En los predios dónde se llevarán a cabo la liberación no se encuentran cerca ni de Áreas Naturales Protegidas, ni de ninguna zona determinada como de alta prioridad para la conservación por su riqueza en especies o endemismos, ver figura 34.

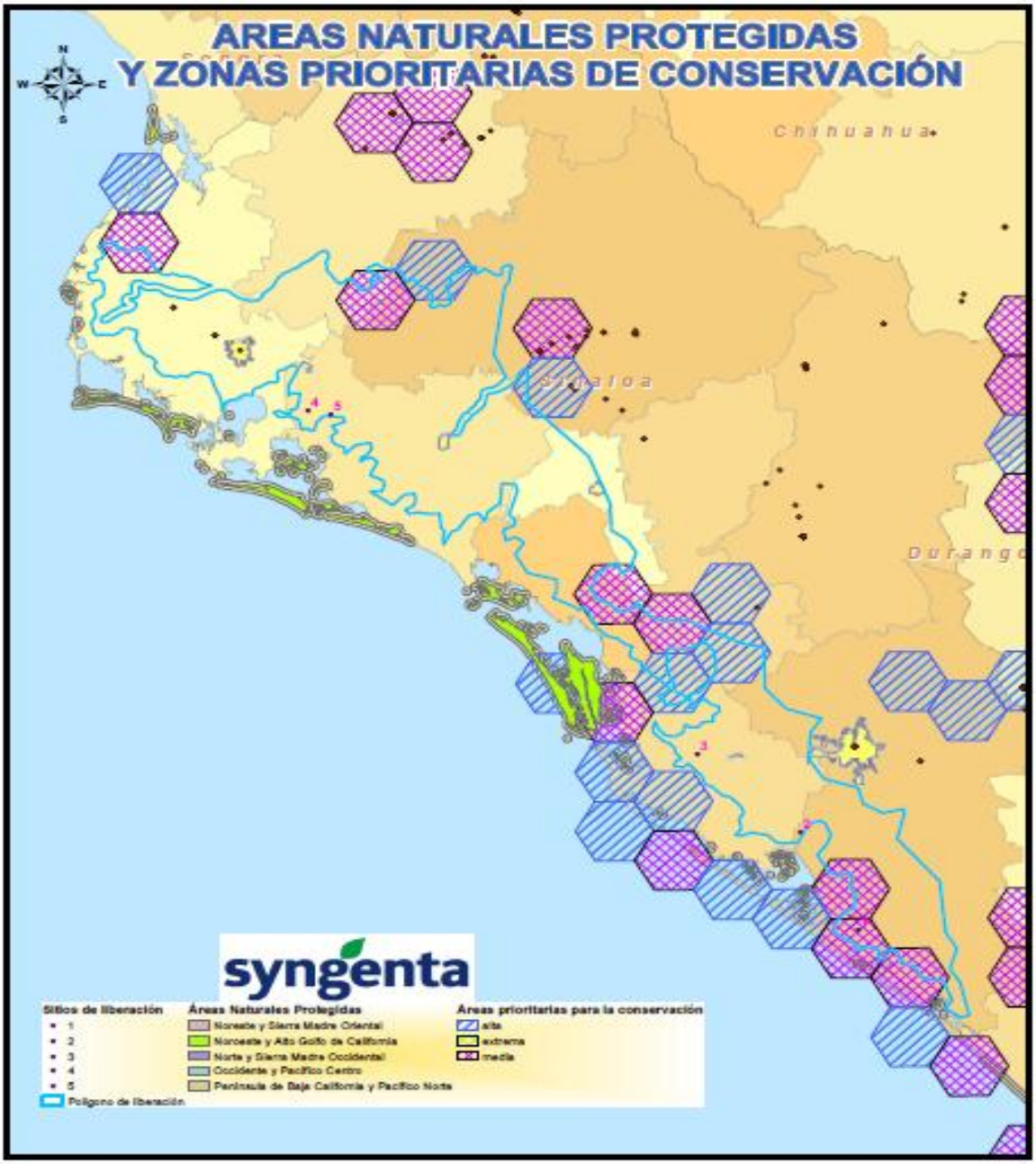


Figura 34. Mapa de las Áreas Naturales Protegidas y Regiones Prioritarias para la Conservación presentes en la zona. Cartografía empleada: "Cobertura de las 166 Áreas Naturales Protegidas Federales" CONANP, 2008; "Regiones Terrestres Prioritarias", Conabio, 2004 a; "Sitios prioritarios terrestres para la conservación de la biodiversidad", CONABIO, CONANP, TNC y Pronatura, 2007 y "Áreas Urbanas de México", ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1: 1.250.000.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Hidrografía

❖ Ahome[45]

El río Fuerte es uno de los más importantes recursos hidrológicos de la vertiente del Pacífico Norte; su origen se localiza en la Sierra Tarahumara y penetra al municipio por su parte oriental recorriéndolo de noroeste a sudoeste, desde San Miguel Zapotitlán pasando por Higuera de Zaragoza para desembocar en el Golfo de California. Su área de cuenca, estimada por la Secretaría de Agricultura y Recursos Hidráulicos, es de 33 mil 590 kilómetros cuadrados y escurre un volumen de agua promedio de 4,838 millones de metros cúbicos.

❖ El fuerte[46]

El principal recurso hidrológico con que cuenta el municipio es el río Fuerte, con sus 670 kilometros de longitud, nace en el estado de Chihuahua y desemboca en el golfo de California, recibiendo en sus recorridos las aguas de los arroyos de Alamos, San Felipe, Sibajahui, Batopilas, Urique, Septentrión, Chinipas, Chinobampo y Baymena, aunados al caudal del río Choix. Sus aguas son controladas por la presa Miguel Hidalgo, que abarca parte de los municipios del El Fuerte y Choix, además de la presa Josefa Ortíz de Domínguez.

❖ Sinaloa[47]

Dentro de las corrientes hidrológicas más importantes del municipio se encuentra el río Sinaloa que es el único que atraviesa el municipio y tiene su nacimiento en Guadalupe y Calvo, dentro del estado de Chihuahua; penetra al estado de Sinaloa por el extremo nororiental del municipio y sigue su recorrido por la región, cruzando en su parte final el municipio de Guasave, para desembocar finalmente en el Golfo de California. (ver tabla 21)

Tabla 21. Corrientes de importancia son los arroyos de Cabrera y Ocoroni.

Río	Arroyo	Cuerpos de Agua
Sinaloa	Ocoroni	Presas: Ing. Guillermo Blake Aguilar y Lic. Gustavo Díaz Ordaz.
	Cabrera	
	Yecorato	
	Santa Magdalena	
	La Vainilla	
	San Rafael	
	Chorogüi	
	La Joya	
	San José de Gracia	

[45] Visitar: http://www.inafed.gob.mx/work/templates/enciclo/sinaloa/mpios/25001a.htm
[46] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[47] Visitar: http://www.e-local.gob.mx

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

❖ Guasave[48]

La corriente superficial más importante en el municipio es el río Sinaloa o Petatlán; que se forma en el suroeste del estado de Chihuahua con la confluencia de los arroyos de Nahirora y Besanopa. Se adentra en nuestro estado a través del municipio de Sinaloa, donde recibe afluentes de los arroyos de Magdalena, San José de Gracia y Bacubirito. Ya dentro de Guasave, el río Sinaloa recibe las afluentes de los arroyos de Ocoroni y de Cabrera. La cuenca de captación de este río, es de 8 mil 179 kilómetros cuadrados, poseyendo un escurrimiento medio anual de 1 mil 239 millones de metros cúbicos. El río Sinaloa se adentra 70 kilómetros —el 17 por ciento de su longitud total— en la superficie municipal. En la ribera de su trayecto se encuentran las poblaciones de Bamoa, Cruz Blanca, Pueblo Viejo, la ciudad Guasave, Tamazula y La Brecha, para verter sus aguas al Golfo de California en la comunidad de Boca del Río a un kilómetro de Las Juntas, sindicatura de La Brecha. En el municipio también fluyen los arroyos de El Mesquitillo y San Rafael. Además, encontramos dos importantes cuerpos de agua: las lagunas de Huyaqui y Chamicari.; y los esteros La Presa y Cohui.

CUENCA	SUBCUENCA	PORCENTAJE DE LA SUPERFICIE MUNICIPAL
Río Mocorito	A. Mesquitillo	13.99
	Bahía Santa María	2.82
Río Sinaloa		
	Río Sinaloa	18.77
Bahía Lechuguilla	A. Ocoroni	4.10
Ohuira Navachiste	A. Cabrera	2.30
	Bahía Navachiste	38.82
	Bahía Ohuira	19.20

❖ Salvador Alvarado[49]

La principal corriente que cruza el municipio de Salvador Alvarado es el río Mocorito, que nace en la sierra de las Palmas y termina en Playa Colorada en el municipio de Angostura. El río Mocorito en su recorrido por el municipio recibe en su cauce las aguas de los arroyos de la Ciénega, Palmar de los Leal, Del Valle, La Huerta y Comanito. Recorre desde su nacimiento hasta la desembocadura 108 kilómetros. En los límites con el municipio de Mocorito se alcanza la presa Eustaquio Buelna. En los márgenes de este río en su paso por Salvador Alvarado, se encuentran las localidades del Barrio de los Pinedo, El Sabino, La Cebolla, Guamúchil, Las Golondrinas, La Vizcaya y El Salitre. Sobre su cauce se encuentra la estación hidrométrica de Guamúchil y su área de la cuenca a la estación es de 1 mil 645 kilómetros cuadrados. El escurrimiento promedio anual de dicho río es de 134 millones de metros cúbicos.

❖ Angostura[50]

Por la parte norte del municipio penetra el río Mocorito que recorre 19.1 kilómetros, y descarga sus aguas en el Golfo de California. Sus principales afluentes en el municipio son los arroyos El Tabayal, El Piajal, El Alamo y Acatita.

❖ Mocorito[51]

[48] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[49] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[50] Visitar: http://www.e-local.gob.mx

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

El río Mocorito que nace en este municipio y desemboca en el Golfo de California, se forma con los escurrimientos de la sierras de Surutato, Baragua, Capirato y Parras. En su recorrido el río Mocorito recibe aportaciones de los arroyos La Ciénaga, Palmar de los Leal, Del Valle, La Huerta, Comanito, y Capirato, que forman la laguna de Vitaruto. Anualmente el río Mocorito arrastra aproximadamente 134 millones de metros cúbicos, con un máximo de 457 millones y un mínimo de 41 millones de metros cúbicos. El arroyo de Pericos, es una corriente hidrológica intermitente que se localiza al norte del río Culiacán, y al sur del río Mocorito, su formación se debe a la convergencia de los caudales del arroyo del Pilar y la Vainilla, su cuenca de captación abarca 695 kilómetros cuadrados. Otra corriente intermitente es el arroyo de Rancho Viejo que nace en la sierra de Capirato y desemboca en el arroyo de Pericos, adelante de la laguna de Caimanero a la altura de la estación del mismo nombre, y se forma con la aportación de los escurrimientos de los arroyos de Apoma y los Mezquites.

- **Navolato**[52]

El río Culiacán es la principal corriente hidrológica que atraviesa el municipio de Navolato; dicho escurrimiento se forma con la confluencia de los ríos Humaya y Tamazula en la ciudad de Culiacán; penetra el municipio por el este de la altura de San Pedro dirigiéndose hacia el oeste, hasta llegar a la altura de la ciudad de Navolato, de donde se dirige al sur, inclinándose al suroeste, para desaguar en el Golfo de California, frente a la península de Lucernilla en la ensenada del Pabellón. Tiene una longitud de su nacimiento a la desembocadura de 72 kilómetros, su área de cuenca es de 17,195 kilómetros cuadrados y su escurrimiento medio anual es de 3 mil 276.2 millones de metros cúbicos en el año.

- **Culiacán**[53]

El municipio de Culiacán es atravesado por cuatro corrientes hidrológicas: los ríos Humaya, Tamazula, Culiacán y San Lorenzo; el Humaya tiene su origen en el Estado de Durango, entrando a Sinaloa por el municipio de Badiraguato, sus aguas son controladas por la presa Licenciado Adolfo López Mateos. El río Tamazula nace en la Sierra Madre Occidental en las cercanías del valle de Topia, su corriente es controlada por la presa Sanalona; los ríos Humaya y Tamazula se unen frente a la ciudad de Culiacán para formar el río Culiacán, que finalmente desemboca en el Golfo de California; el río San Lorenzo nace en la Sierra Madre Occidental dentro del Estado de Durango, se interna a Sinaloa a través del municipio de Cosalá y desemboca en el Golfo de California.

[51] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[52] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[53] Visitar: http://www.e-local.gob.mx

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Figura 35. 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: 1.250.000.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Producción agrícola de la región

En el Estado de Sinaloa existe una gran actividad agrícola y se producen principalmente los siguientes cultivos:

Tabla 22. Principales cultivos en el Estado de Sinaloa. Información tomada de: http://mapserver.inegi.gob.mx/geografia/espanol/estados/sin/agr_veget.cfm?c=1215&e=25&CFID=1058218&CFTOKEN=58420999

Concepto	Nombre científico	Nombre local	Utilidad
Agricultura			
34.75 % de la superficie estatal	*Zea mays*	Maíz	Comestible
	Sorgum bicolor	Sorgo	Forraje
	Phaseolus vulgaris	Frijol	Comestible
	Glycine max	Soya	Comestible
	Triticum aestivum	Trigo	Comestible
Pastizal			
0.32 % de la superficie estatal	*Cenchrus ciliaris*	Buffel	Forraje
Selva			
40.09 % de la superficie estatal	*Acacia cymbispina*	Guinolo	Forraje
	Lysiloma divaricata	Mauto	Forraje
	Bursera simaruba	Palo colorado	Otros
Bosque			
14.71 % de la superficie estatal	*Pinus engelmannii*	Pino real	Maderable
	Pinus durangensis	Pino colorado	Maderable
	Pinus leiophylla	Pino prieto	Maderable
	Quercus xalapensis	Madronio	Leña
Matorral			
2.77 % de la superficie estatal	*Stenocereus thurberi*	Pitahaya	Comestible
	Olneya tesota	Palo fierro	Artesanal
	Guaiacum coulteri	Guayacàn	Medicinal
	Cercidium praecox	Palo brea	Medicinal
Otro			
7.36 % de la superficie estatal	*Rhizophora mangle*	Mangle rojo	Comestible
	Allenrolfea occindentalis	Chamizo	Forraje
	Atriplex confertifolia	Chamizo	Forraje

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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

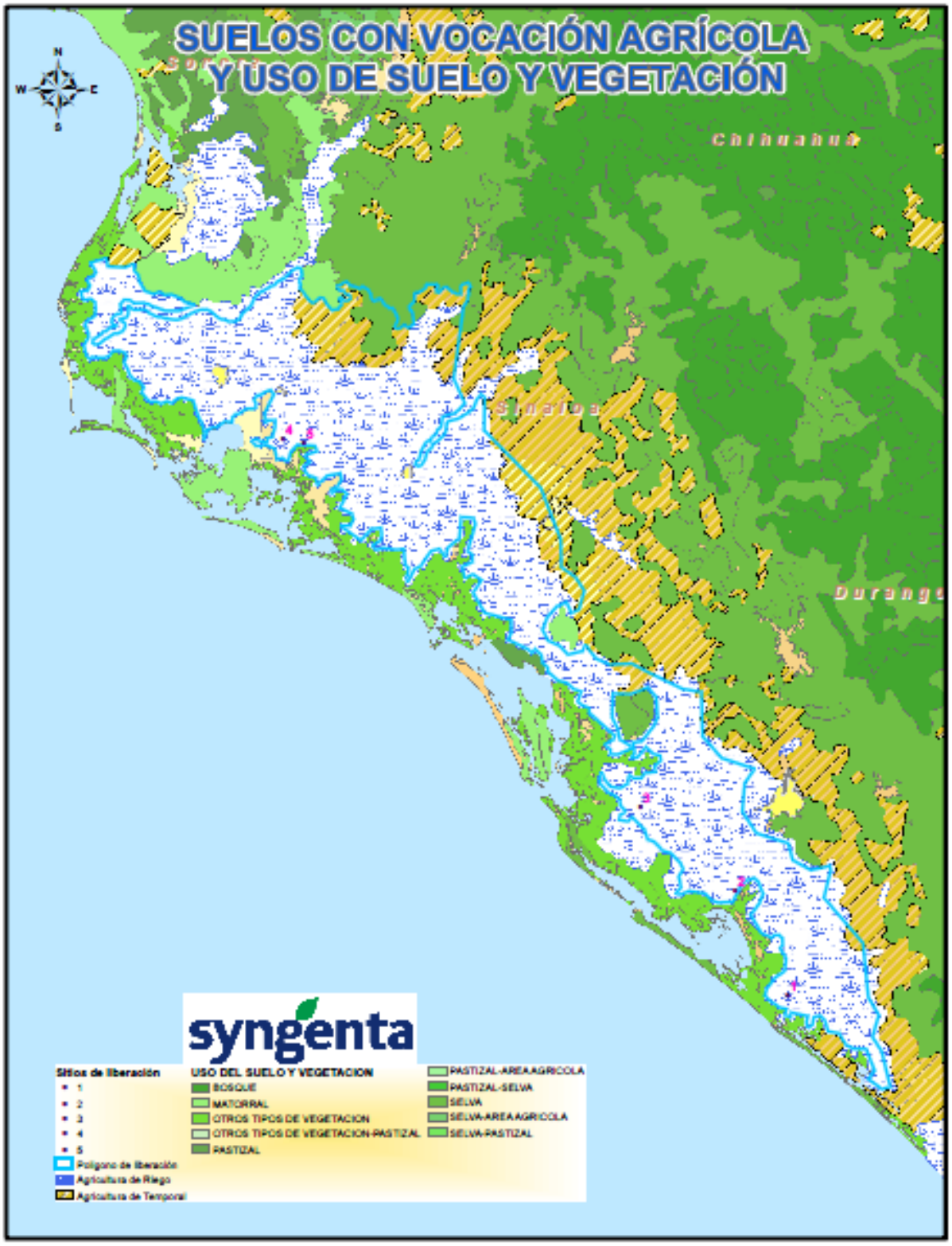


Figura 36. Uso de suelo y Vegetación presentes en la zona de liberación. Cartografía usada "Carta de Uso del Suelo y Vegetación", 1:250 000. INEGI. "Áreas Urbanas de México". ESRI, 2008. Representación aproximada en escala 1:1.250.000.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Estadísticas de producción del cultivo de maíz convencional en los municipios de Ahome, El Fuerte, Sinaloa, Guasave, Salvador Alvarado, Angostura, Mocorito, Navolato y Culiacán.

Tabla 23. Producción de maíz en zonas de riego en el Estado de Sinaloa. http://www.siap.gob.mx

ESTADO SINALOA
Ciclo: Año Agricola OI+PV 2009
Modalidad: Riego + Temporal
MAIZ GRANO

Ubicación	Sup. Sembrada	Sup. Cosechada	Sup. Siniestr.	Producción	Rend	PMR	Valor Producción
	(Ha)	(Ha)	(Ha)	(Ton)	(Ton/Ha)	($/Ton)	(Miles de Pesos)
AHOME	102,349.00	102,349.00	0.00	996,026.00	9.73	2,689.58	2,678,887.10
ANGOSTURA	44,457.00	44,457.00	0.00	432,325.40	9.72	2,754.22	1,190,717.68
EL FUERTE	13,482.00	13,357.00	125.00	131,419.00	9.84	2,651.72	348,486.60
CULIACAN	27,189.00	27,169.00	20.00	350,456.05	12.90	2,679.73	939,127.71
CULIACAN	69,321.00	62,116.00	7,205.00	665,921.00	10.72	2,698.93	1,797,273.90
GUASAVE	4,008.00	4,006.00	2.00	34,251.30	8.55	2,750.00	94,191.08
GUASAVE	33,066.00	33,066.00	0.00	358,215.00	10.83	2,676.42	958,733.60
GUASAVE	80,447.84	80,447.84	0.00	765,726.41	9.52	2,650.00	2,029,174.99
MOCORITO	6,584.00	6,584.00	0.00	51,660.80	7.85	2,733.87	141,233.78
MOCORITO	14,464.00	12,426.00	2,038.00	117,702.00	9.47	2,701.67	317,991.60
NAVOLATO	1,033.00	1,033.00	0.00	10,639.90	10.30	2,750.00	29,259.72
NAVOLATO	66,426.00	66,426.00	0.00	760,180.00	11.44	2,694.35	2,048,189.30
SALVADOR ALVARADO	8,007.00	7,931.00	76.00	67,968.30	8.57	2,746.87	186,699.82
SINALOA	5,862.00	5,862.00	0.00	67,136.00	11.45	2,698.42	181,161.40
SINALOA	32,090.08	29,789.08	2,301.00	209,272.74	7.02	2,635.78	551,597.09

© 2011 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 Sinaloa cuenta con suficientes vías de comunicación, tanto terrestres como aéreas, que lo conectan internamente y con el resto del país[54]

- **Ahome[55]**

El municipio de Ahome cuenta con una red de caminos estimada en 3 mil kilómetros, de los cuales 348 están pavimentados, 1 mil 843 están revestidos y 864 son de terracería, lo que permite la fluidez y seguridad del tráfico vehícular. La comunicación carretera de norte a sur es de cuatro carriles. Los tramos más importantes son la autopista Los Mochis-Topolobampo, Los Mochis-San Blas, Los Mochis-Ahome-Cohuibampo, Ahome-El Carrizo y Ahome-Higuera de Zaragoza. Un total de 25 mil 131 vuelos nacionales e internacionales son cubiertos por el Aeropuerto Internacional y doce aeródromos. Se cuenta también con el ferrocarril Chihuahua-Pacífico como importante medio de comunicación y transporte; desde el puerto de Topolobampo se realiza una importante movilización de buques, barcos, transbordadores, etc. que por el mar de Cortés se llega a numerosas regiones.

- **El fuerte[56]**

Al municipio se puede llegar por carretera, ferrocarril o avioneta. Sobresale por su importancia la carretera federal número 23 Los Mochis-El Fuerte-Choix. Contando además con comunicación regional a través de carreteras y caminos pavimentados, revestidos y de terracería. En lo que respecta al ferrocarril, el servicio que presta reviste destacada importancia en la región debido a los atractivos turísticos de la zona. El servicio es proporcionado por las empresas: Ferrocarril del Pacífico y Ferrocarril Chihuahua-Pacífico; ambas empresas cuentan con estaciones en el territorio municipal.Existe un aeropuerto que cumple funciones comerciales y turísticas, localizado en la Ciudad de El Fuerte y una aeropista en el poblado de Mahone para el aterrizaje de avionetas tipo cessna y pipper

- **Sinaloa[57]**

Se cuenta con una importante red de caminos de terracería, 62 kilómetros pavimentados, además cuenta con dos estaciones de ferrocarriles, en Estacion Naranjo y Ceferino Paredes. Existe aeródromo en Bacubirito, Ocoroni y San José de Gracia, una central camionera en Sinaloa de Leyva, servicio de fax y casetas de larga distancia en la mayoría de las comunidades.

- **Guasave[58]**

Guasave, es uno de los municipios del estado mejor comunicado, porque cuenta con una infraestructura y red caminera muy completa. Esto se debe a que la topografía del valle es sumamente plana, permitiendo que la construcción de la red caminera sea menos costosa. El inventario de caminos pavimentados en el municipio, hacen una longitud total de 360.8 kilómetros lineales, así mismo, cuenta con 283.6 km lineales de caminos revestidos y 611.0 km lineales en obras de terracería, haciendo esto un

[54] http://mapserver.inegi.gob.mx

[55] Visitar: http://www.inafed.gob.mx/work/templates/enciclo/sinaloa/mpios/25001a.htm
[56] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[57] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[58] Visitar: http://www.e-local.gob.mx

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

total de 1 mil 255.4 kilómetros lineales el inventario de carretera y caminos vecinales, que intercomunican todas las comunidades del municipio con la cabecera municipal y otros puntos del estado.

Una de las principales vías de comunicación del municipio, es sin duda alguna, la supercarretera Internacional de cuatro carriles México 15, que actualmente, en su tramo Guasave-Los Mochis (60 kilómetros) está siendo revestida en su totalidad. Dicha carretera atraviesa de Norte a Sur el municipio, con una longitud aproximada de 73 kilómetros (Las Brisas-Juan José Ríos). En relación al sistema ferroviario, existen 6 estaciones ferroviarias: León Fonseca, Estación Bamoa, Zopilote, Estación Capomas, Toruno y el ramal Naranjo-Guasave cuya terminal se encuentra en la zona industrial de la Cabecera Municipal. El municipio cuenta con un aeródromo localizado en el predio Camagüey a 15 kilómetros de la ciudad de Guasave, ofrece una pista pavimentada, con una longitud aproximada de 2 kilómetros. De igual forma, se localizan en el municipio de Guasave 15 aeropistas tipo rural.

- **Salvador Alvarado**[59]

Salvador Alvarado es uno de los 7 municipios que cuentan con una estación radiodifusora. La empresa comercial establecida en la cabecera del municipio, es una de las 35 con que cuenta el estado. Se identifica con las siglas XEJL, su frecuencia es de 1,300 kHz y una potencia de 1000 watts. El periodismo en el municipio, es una actividad que llevan a cabo tres empresas editoriales que emiten un traje promedio de 1 mil 800 ejemplares diarios. La circulación de los tres periódicos en el municipio son El Debate de Guamúchil, El Sol y El Noroeste. En la ciudad de Guamúchil a partir de 1989 se incorporó al moderno sistema de imagen por Cable, concesionado a particulares por la Secretaría de Comunicaciones y Transportes; por este medio se transmiten cinco canales de televisión de la unión americana y tres de la ciudad de México que son captados por satélite.

En el transporte se encuentran registrados al 31 de diciembre de 1996 un total de 3 mil 560 automóviles, de los cuales 3 mil 431 unidades son de servicios particular y 113 de servicio público. Los vehículos de servicio público se subdividen en pasaje y carga. Existen en el municipio 120 camiones de pasajeros de los cuales 103 son de alquiler y 17 particulares. Existen además 5 mil 049 camiones de carga. El servicio postal se ha adecuado a las necesidades de la población mediante reformas en la clasificación administrativa de las oficinas y ampliación del número de las mismas. Este servicio se proporciona a través de una administración, 2 agencias, 6 expendios y 4 rutas terrestres; las localidades beneficiadas con este medio de comunicación son Guamúchil, San Joaquín y Villa Benito Juárez. Con el teléfono se benefician a 2 poblados y más de 60 mil personas.

- **Angostura**[60]

Se tiene la quinta red de caminos más amplia del estado, con 1,068 kilómetros de longitud, sin embargo, el mayor kilometraje es para caminos revestidos, pues estos alcanzan los 524 kilómetros, mientras que los pavimentados y terracería desarrollan 139 y 405 kilómetros, respectivamente.También forma parte de la ruta Ferrocarriles de México, al recorrer su territorio en 38 kilómetros y dispone de estaciones en Acatita y Palos Blancos. Se cuenta con 6 aeropistas destinadas a labores de fumigación agrícola.

[59] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[60] Visitar: http://www.e-local.gob.mx

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Mocorito**[61]

En el municipio ocho comunidades están incorporadas al servicio postal por conducto de tres administraciones y once agencias.

En el transporte, Mocorito registra al 31 de diciembre de 1996 un total de 1 mil 263 automóviles, 22 camiones de pasajeros y 3 mil 063 camiones de carga.

Telégrafos en tres comunidades con dos administraciones y una agencia telegráfica que presta el servicio. La telefonía llega a 26 comunidades a través de 1 mil 576 líneas, con casetas de larga distancia y lada automática en la Cabecera Municipal, este medio de comunicación es el de mayor cobertura en el municipio. Cuenta con servicio público de transporte urbano y de pasajeros, servicio foráneo y transportación al medio rural. Se distribuyen periódicos y revistas, hay servicio de fax e internet en la Cabecera Municipal.

- **Navolato**[62]

En Navolato la principal vía de transportación lo constituye una red caminera de 745.8 kilómetros, de los cuales 258.2 son pavimentados y 350 de terracería. Debe destacarse, la reciente construcción de la autopista Culiacán, Navolato, que incrementó el inventario de caminos pavimentados y la rehabilitación de la carretera Navolato-Altata. Por la longitud de caminos pavimentados, el municipio se ubica en el contexto estatal en el cuarto sitio, siendo superado únicamente por Culiacán, Ahome y Guasave. El Ferrocarril del Pacífico (FERROMEX) ha instalado 51 kilómetros de vía, además de un ramal de vía angosta que une la ciudad de Navolato con la vía principal. Se cuenta con 18 aeropistas y 11 mil 871 metros en pista de aterrizaje que manifiestan capacidad suficiente para satisfacer las necesidades de fumigación de las superficies agrícolas. Es el municipio en donde se encuentra la mayor capacidad de este servicio a nivel estatal, contando con alrededor de 100 aeronaves.

- **Culiacán**[63]

Se cuenta con una importante red de caminos de terracería, 62 kilómetros pavimentados, además cuenta con dos estaciones de ferrocarriles, en Estacion Naranjo y Ceferino Paredes. Existe aeródromo en Bacubirito, Ocoroni y San José de Gracia, una central camionera en Sinaloa de Leyva, servicio de fax y casetas de larga distancia en la mayoría de las comunidades.

[61] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[62] Visitar: http://www.e-local.gob.mx
[63] Visitar: http://www.e-local.gob.mx

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Figura 37. Plano de ubicación señalando las principales vías de comunicación presentes en la zona de liberación. Cartografía empleada: 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. R Representación aproximada en escala 1:1.250.00.

© 2011 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:

Para llevar a cabo un estudio de riesgos y concluir sobre la posible magnitud y las estrategias necesarias para contender con los riesgos indentificados, 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[64] *: **"... 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 lago 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).

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):

[64] 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- 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 riesos 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-IR604-5 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, MIR604 y GA21 en el maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21. Además hoy en día, los eventos parentales SYN-BTØ11-1, SYN-IR604-5 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 la estabilidad de los genes heredados en el híbrido de maíz Bt11 x MIR604 x GA21, se comparó la expresión de las cinco proteínas en varios tejidos del híbrido de maíz Bt11 x MIR604 x GA21 con respecto a las proteínas expresadas individualmente en plantas isogénicas derivadas de los eventos genéticamente modificados parentales: Bt11, MIR604, 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, mCry3A, PMI y mEPSPS fueron similares entre los diferentes tejidos de los eventos individuales de maíz con las tecnologías Bt11, MIR604 y GA21 y el híbrido de maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21 (Tabla 11-15).

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 la proteína Cry1Ab, y las raíces en la etapa de verticilo para la proteína mCry3A por ELISA para comparar las concentraciones de estas proteínas insecticidas a diferentes tiempos de ingesta de los insectos blanco. Además, se analizaron semillas en etapa de senescencia para la proteína Cry1Ab y madurez fisiológica, así como se analizaron las plantas completas en etapa de senescencia para mCry3A.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

En general, las concentraciones medidas para las proteínas Cry1Ab, PAT, mCry3A y mEPSPS fueron similares entre los diferentes tejidos de los eventos individuales de maíz Bt11, MIR604, y GA21 y el híbrido de maíz con combinación de genes Bt11 x MIR604 x GA21 (Tablas 11, 12, 13 y14).

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;

El híbrido de maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21 (SYN-BTØ11-1 x SYN-IR6Ø4-5 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 y a la aplicación de glufosinato, MIR604 (SYN-IR6Ø4-5) resistente a coleópteros 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 lineas parentales de maíz Bt11, MIR604 y GA21 en el híbrido de maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21, encontrándose que estos se heredaron sin ninguna modificación no esperada. 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, MIR604, GA21) que se utilizó para la producción del híbrido de maíz SYN-BTØ11-1 x MON-ØØØ21-9 (Annick de Framond, 2007), así como el análisis Southern realizado con el híbrido de maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21, demuestra que los rasgos se heredaron sin modificaciones.

Además, dado que el híbrido de maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21 se obtuvo por cruzamiento convencional entre líneas portadoras de los eventos Bt11, MIR604 y GA21, éste expresa las seis proteínas transgénicas: Cry1Ab, PAT, mCry3A, PMI y mEPSPS. Como se menciona en el inciso anterior, para caracterizar el rango de expresión de las proteínas transgénicas Cry1Ab, PAT, mCry3A, PMI y mEPSPS en las plantas de maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 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, mCry3A, PMI y mEPSPS fueron similares entre los diferentes tejidos de los eventos individuales de maíz con las tecnologías Bt11, MIR604 y GA21 y el híbrido de maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21.

En general, las concentraciones medidas para las proteínas Cry1Ab, PAT, mCry3A, PMI y mEPSPS fueron similares entre los diferentes tejidos de los eventos individuales de maíz con las tecnologías BT11, MIR604, y GA21 y el híbrido de maíz con la tecnología BT11 x MIR604 x GA21. Respecto del análisis estadístico, se observaron dos diferencias significativas entre las concentraciones medidas en los tejidos de la planta de maíz con respecto de las 20 comparaciones estadísticas, sin embargo a pesar de estos dos 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

.
El maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21 es producto de la cruza convencional de los maíces con las tecnologías parentales y por lo tanto, no está automáticamente sujeto a la reglamentación aplicable en todos los países. Algunas jurisdicciones pueden exigir una notificación por adelantado sobre el lanzamiento de un híbrido con tecnología o bien, pueden solicitar información para llevar a cabo una evaluación sobre seguridad ambiental, como es el caso de México.
A continuación se expone lo referente a los eventos parentales del híbrido de maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21, objeto de esta solicitud:
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 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 **expresión de las proteínas Cry1Ab y PAT**

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 mCry3A del evento parental SYN-IR604-5, Syngenta Biotechnology Inc. realizó en 2004 dos estudios para evaluar el riesgo y destino ambiental de la proteína mCry3A expresada en el evento parental MIR604, que da a lugar al híbrido de maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21. Con estos dos estudios se pretendía verificar que la proteína mCry3A se comportaría como cualquier otra proteína Cry proveniente de Bacillus thuringiensis. Como se esperaba, se encontró que la proteína mCry3A, como lo reportado para las

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

proteínas Cry, se degrada rápidamente en el suelo y posee menos efectos secundarios en artrópodos no blanco cuando se compara con el uso de insecticidas químicos de amplio espectro.

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 MIR604 x GA21 (identificador de la OCDE: SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 x MON-ØØØ21-9) es un hibrido F1 resultante de la hibridación de la línea de maíz Bt11 (SYN-BTØ11-1) resistente a lepidópteros y a la aplicación de glufosinato, por la línea de maíz MIR604 (SYN-IR604-5) resistente a coleópteros y por la línea de maíz GA21 (MON-ØØØ21-9) tolerante a glifosato.

Para el caso de la proteína insecticida Cry3A, la proteína nativa es tóxica sólo para ciertos escarabajos (*Coleoptera*) de las familias *Chrysomelidae*, *Curculionidae* y *Tenebrionidae*. Además, la proteína nativa Cry3A es tóxica para *Leptinotarsa decemlineata* de la familia *Chrysomelidae*. Sin embargo, para *Diabrotica virgifera virgifera*, perteneciente a la familia *Chrysomelidae*, y una de los insectos plaga que más afectan los cultivos de maíz en Estados Unidos, la proteína nativa no es tóxica. El gen *cry3A* de *Bacillus thuringiensis* subs. *tenebrionis* (Sekar *et al*., 1987) fue recreado sintéticamente por Syngenta para optimizar la expresión del gen en el maíz, así como se modificó para tener la característica insecticida para *Diabrotica virgifera virgifera* y *Diabrotica longicornis barberi*, introduciendo en la secuencia una secuencia corta de aminoácidos que funcionan como sitio de reconocimiento para catepsina G, dado que se sabe que el fluido intestinal de *Diabrotica virgifera virgifera* tiene actividad para catepsina G. Respecto de la exposición de algunas poblaciones de coleópteros a la toxina se restringe a aquéllos que consumen la planta con las tecnologías o sus productos, generalmente lepidópteros plaga. En las cercanías de los campos de maíz con las tecnologías MIR604 o Bt11 x MIR604 x GA21, larvas de coleópteros no blanco susceptibles (pertenecientes a las familias *Chrysomelidae* y *Cucurlionidae*) podrían estar expuestas a la toxina solo sí en el polen de maíz se expresara la proteína mCry3A, pero como se vio en el inciso anterior, la expresión de ésta es mínima o casi nula, por lo que si el polen se llegara a depositar en las plantas de las que se alimentan las larvas, el riesgo sería mínimo o nulo, además de que se requeriría de que las larvas de coleópteros no blanco se encontraran presentes en la zona.

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.

© 2011 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 caracterísitca 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-IR604-5 x MON-ØØØ21-9 es comparable al maíz tradicional excepto por que expresan seis proteínas. Tres de ellas (Cry1Ab y mCry3A) confieren el carácter insecticida para el control de ciertos lepidópteros y coleópteros plaga; otras han sido utilizadas como marcador de selección: 1) la fosfinotricina acetiltransferasa (PAT) que le brinda la resistencia al herbicida glufosinato 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 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 *mepsps* 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.

© 2011 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

El híbrido de maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21 (SYN-BTØ11-1 x SYN-IR6Ø4-5 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 y a la aplicación de glufosinato, por la línea de maíz MIR604 (SYN-IR6Ø4-5) resistente a coleópteros 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, MIR604 y GA21 en el híbrido de maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21, encontrándose que estos se heredaron sin ninguna modificación no esperada.

(Annick de Framond, 2007).

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, alguna de 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 dehisencia 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-IR604-5 x MON-ØØØ21-9 con su homólogo no modificado genéticamente. Por lo tanto bajo las condiciones de la liberación experimental

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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-IR604-5 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-IR604-5x 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 MIR604 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.

iv) 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

© 2011 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 38).

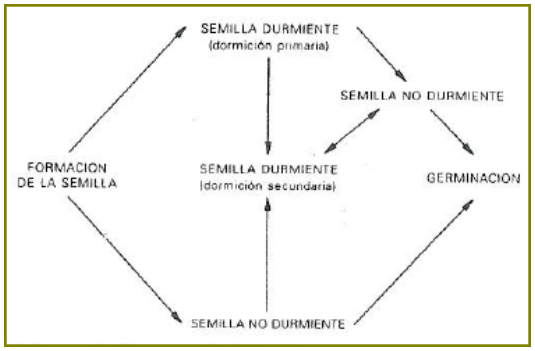


Figura 28. Representación esquemática de los diferentes estadios. Por lo que puede pasar una semilla (Bewley y Black, 1982 (modificado)).

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. 39. La familia Leguminosae es una de las más conocidas en este sentido.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

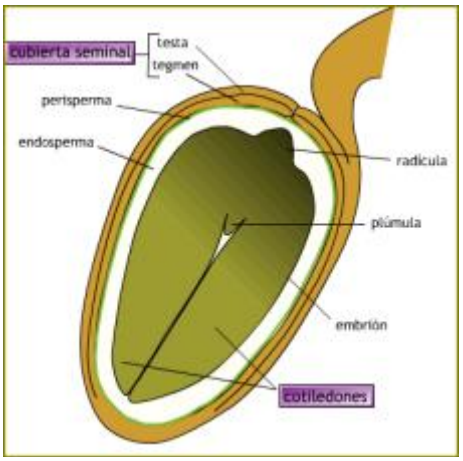


Figura 29. **Ejemplo de semilla con cubierta impermeable al agua**.

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 40).

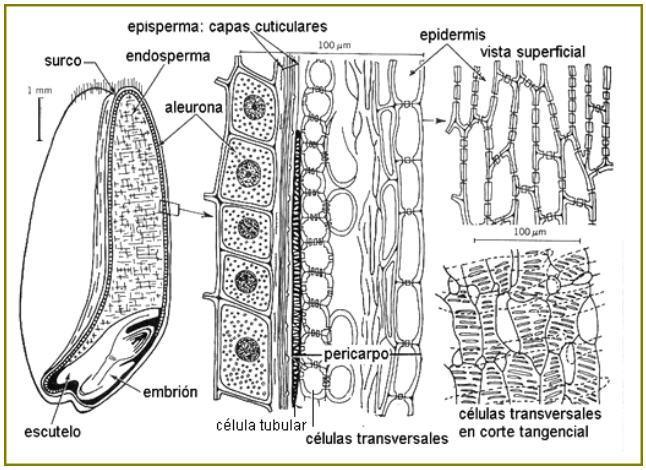


Figura 30. **Grano de trigo mostrando la capa de endospermo, que determina el lento movimiento del agua a través de este.**

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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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).

Sin embargo, la mayoría de los estudios realizados sobre este regular de crecimiento, se han llevado a cabo mediante aplicaciones exógenas de ABA (Fig. 41) 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.

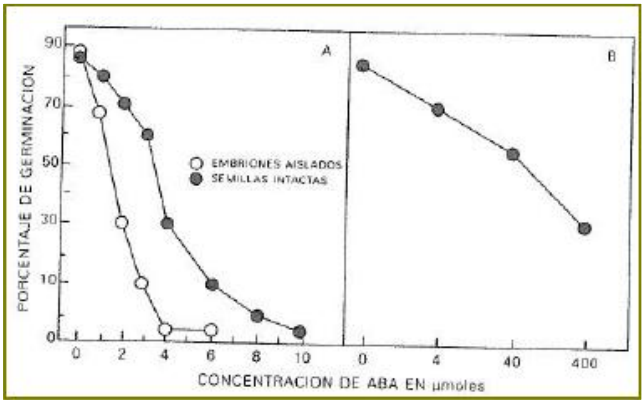


Figura 31. **Efecto de las aplicaciones exógenas de ácido abscísico sobre la germinación de semillas**. A, lechuga (Lactuca sativa) y B, arce (Arce pseudoplatanus).

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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

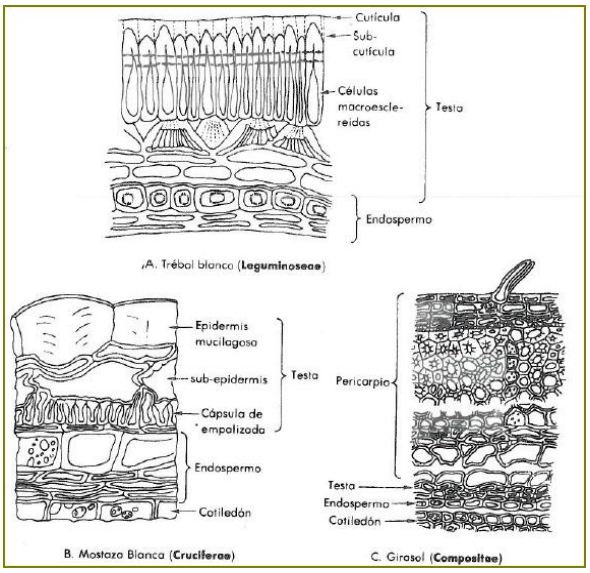


Figura 32. Tres tipos de cubierta de las semillas que influyen en las condiciones de letargo de las mismas. (A) Trébol blanco (*Melilotus alba)* Leguminosae: La capa exterior de células se vuelve dura e impermeable debido a las células macroesclereidas orientadas verticalmente que han sido cubiertas 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- 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 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 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 teocinte y *Tripsacum* podemos observar que el maíz no presenta latencia, a diferencia del teocinte que en algunas ocasiones puede presentar, y finalmente, el *Tripsacum* presenta cierto nivel de latencia.

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 24.

Tabla 15. Características morfológicas de maíz, teocinte 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 teocinte 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 teocinte, 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 teocinte normales.

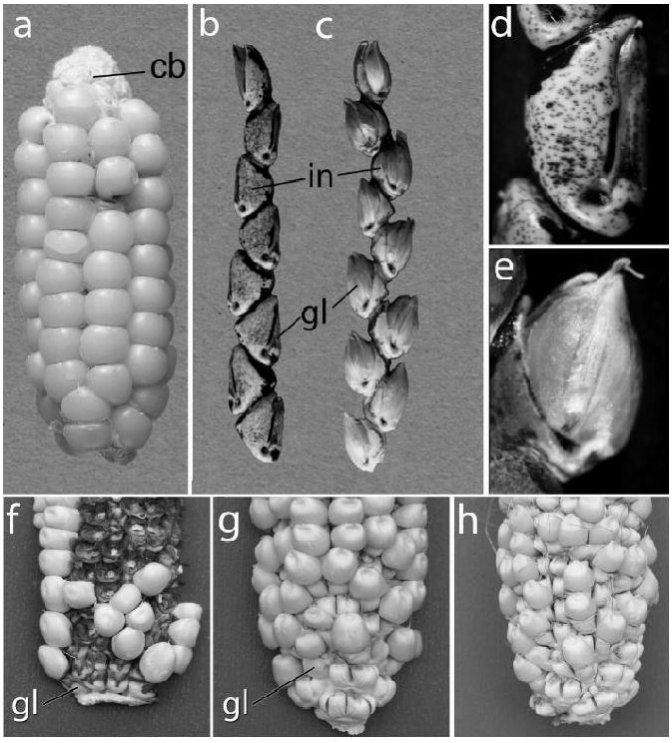


Figura 33. A) Mazorca de maíz mostrando el eje (cb); B) Mazorca de teocinte y C) Mazorca de teocinte con el alelo tga1 del maíz. *vemos los internodos (in) y la gluma (gl). D) Grano de teocinte, nótese la desarrollada cubierta protectora. E) Grano de teocinte con el alelo tga1 del maíz. F) Mazorca de maíz cultivado, véase las glumas (gl). G y H) Mazorca de maíz con el alelo tga1 del teocinte, las*

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 teocinte 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 teocinte 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 teocinte 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 teocinte, 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 teocinte

En el caso de maíz por el grado de domesticación no presenta latencia, ya que carece de la cubierta impermeable (característica del teocinte) 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 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 **TEOCINTE** ***TRIPSACUM***

Figura 34. Estructura de la semilla de maíz, teocinte y *Tripsacum*. Tomado de http://www.tropicalforages.info/key/Forages/Media/Html/Tripsacum_dactyloides.htm

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 mesocótilo, el cual empuja al naciente coleóptilo hacia la superficie de la tierra. El mesocótilo 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 mesocótilo, 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 teocinte que tiene una cubierta dura que funge como barrera a la permeabilidad ocasionando latencia. Asimismo, esta conclusión se aplica al maíz con la tecnología tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 x MON-ØØØ21-9 ya que los estudios moleculares y agronómicos realizados para caracterizar al maíz con la tecnología tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 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 glufosinato, así como la resistencia a las plagas objetivo.

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 encuentran cerca ni de Áreas Naturales Protegidas, ni de ninguna otra zona determinada como prioritaria para la conservación por su riqueza en especies o endemismos, por lo que no se esperan efectos a la diversidad biológica y al medio ambiente 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-IR604-5 x MON-ØØØ21-9 es comparable al maíz tradicional excepto por que expresa cinco proteínas. dos de ellas (Cry1Ab, y mCry3A) confieren el carácter insecticida para el control de ciertos lepidópteros y coleópteros 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 tests 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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-IR604-5 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 cuál 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-IR604-5 x MON-ØØØ21-9 en México se haga en pequeña escala.

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)[65]

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 Sinaloa, 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

[65] http://www.agronet.com.mx

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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

De acuerdo con la zona agroecológica donde se cultive en Sinalo, 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 38.

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-IR604-5 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Efectos en lepidópteros no blanco en la zona de liberación**

LEPIDÓPTEROS

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-IR604-5 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).

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **Taxonomía (SIIT, 2009):**

8. Reino*Animalia*
9. Phylum*Arthropoda*
10. Subphylum*Hexapoda*
11. Clase*Insecta*
12. Subclase*: Pterygota*
13. Infraclase *Neoptera*
14. Orden *Lepidoptera*
15. *Superfamilia Acanthopteroctetoidea*
16. *Superfamilia Alucitoidea*
17. *Superfamilia Bombycoidea*
18. *Superfamilia Choreutoidea*
19. *Superfamilia Copromorphoidea*
20. *Superfamilia Cossoidea*
21. *Superfamilia Drepanoidea*
22. *Superfamilia Epermenioidea*
23. *Superfamilia Eriocranioidea*
24. *Superfamilia Galacticoidea*
25. *Superfamilia Gelechioidea*
26. *Superfamilia Geometroidea*
27. *Superfamilia Gracillarioidea*
28. *Superfamilia Hepialoidea*
29. *Superfamilia Hesperioidea*
30. *Superfamilia Hyblaeoidea*
31. *Superfamilia Incurvarioidea*
32. *Superfamilia Lasiocampoidea*
33. *Superfamilia Micropterigoidea*
34. *Superfamilia Mimallonoidea*
35. *Superfamilia Nepticuloidea*
36. *Superfamilia Noctuoidea*
37. *Superfamilia Papilionoidea*
38. *Familia Lycaenidae*

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

39. Familia Nymphalidae

40. Familia Papilionidae

41. Familia Pieridae

42. Familia Riodinidae

43. Superfamilia Pterophoroidea

44. Superfamilia Pyraloidea

45. Superfamilia Schreckensteinioidea

46. Superfamilia Sesioidea

47. Superfamilia Thyridoidea

48. Superfamilia Tineoidea

49. Superfamilia Tischerioidea

50. Superfamilia Tortricoidea

51. Superfamilia Urodoidea

52. Superfamilia Yponomeutoidea

53. Superfamilia Zygaenoidea

De acuerdo a la CONABIO[66]: "*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).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 Lepidópteros 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 extratropical 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 Sinaloa en el que se pretende llevar a cabo la liberación del maíz con la

[66] Visitar: http://www.conabio.gob.mx/informacion/catalogo_autoridades/doctos/lepidopteros.html

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 x MON-ØØØ21-9, **no se encuentra reconocido como uno de los de mayor diversidad o endemismos**.(ver figura 45).

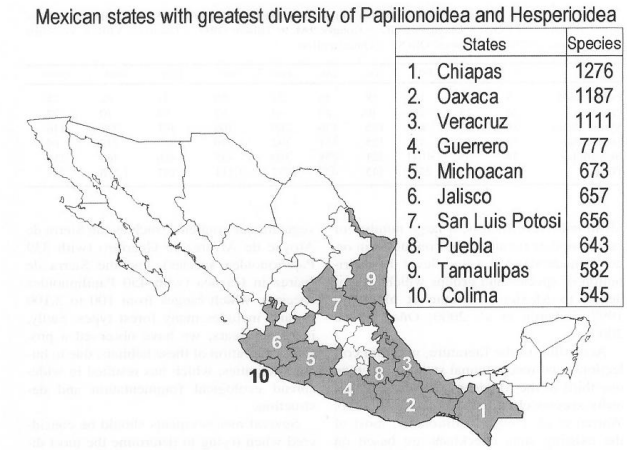


Figura 35. Mapa de los Estados de la República Mexicana con más diversidad de los grupos *Papilionoidea* y *Hesperioidea*. Figura tomada de: Luis M.A. *et al*., 2003

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 Sinaloa se encuentran solo 52 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[67] 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-IR604-5 x MON-ØØØ21-9.

A continuación se muestra una tabla con lepidópteros no blanco que se pueden encontrar en el estado de Sinaloa (ver tabla 25)

[67] Visitar: http://www.biodiversidad.gob.mx/pdf/NOM-059-ECOL-2001.pdf

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 16: Especies de *Papilionidae y Pieridae* en el Estado de Sinaloa. Datos de presencia de las especies tomados de: Llorente B. *et al.,* 1996).

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	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 periferias.	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.,*	*Aristolachia erecta, A. californica, A. marcrophylla, A. reticulata, A. serpentaria, A. tomentosa y Polygonum sp.*	REMIB=1 SNIB=0	1961	Nula

[68] 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

[69] 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

[70] Se revisó la información en las páginas siguientes: http://www.mariposasmexicanas.com/Bfly_Names.htm y http://www.butterfliesandmoths.org/species?l=1412

[71] 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.

[72] 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.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
				Brodiaea sp., Gilia sp., Lantana sp., Echium vulgare, *Hesperis matronalis, Aesculus califórnica,* 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
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
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	Néctar de *Lantana sp., Solidago sp., Saponaria officinalis, Hesperis matronalis, Lonicera japonica, Asclepias incarnata,*	Familias *Staphyleaceae y Rutacea, Citrus sp, Humulus lupulus, Ptelea trifoliata, Zanthoxylum americanum, Ruta graveolens*	REMIB=2 SNIB=0	1965	Nula

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
			de pino, plantaciones de cítricos. Morelos, Nuevo León, Sonora, Veracruz.	*Bougainvillea sp. y* azalea				
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 de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	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
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	*Néctar de flores entre las que se inluyen Trifolium pratense, Asclepias sp., y los cardos de la familia Asteraceae,*	*Aegopodium sp., Anethum sp., Angelica., Apium., Cicuta sp., Conium sp., Daucus carota, D. dioica, Foeniculum vulgare, Heracleum maximum, Ligusticum scoticum,*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
			Potosí, Veracruz	*además, Thamnosma texana, Cichlospermum leptophyllum.*	*Lomatium sp., Pastinaca sp., Petroselinum crispum, Taenidia sp., Zizia sp.*			
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
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,*	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	D.F., Jalisco (900 m), Morelos (>1600 m), Oaxaca, Magistral y Mazatlán Sinaloa	Néctar de flores en general.	*Rutaceae*	REMIB=0 SNIB=3	N.D.	Insignificante

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
Heraclides rogeri pharnaces)		ocurrencias). Esquemas de conservación no requeridos para la variedad tropical.	(>200 m),					
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) / (*Eurytides p. philolaus*)	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.	Selva baja caducifolia Colima (250m), Tamaulipas, Veracruz.	Néctar de flores en general	*Annona sp.*	REMIB=0 SNIB=3	N.D.	Nula
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	Zonas de baja altitud de pino, campos cultivados, matorral desértico, jardines, terrenos baldíos y	*Néctar de varias flores entre las que se encuentra*	*Senna hirsuta* *Senna lindheimeriana*	REMIB=4 SNIB=34	De 1918 a 1982 el más reciente	Muy baja

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
		distribución, especialmente en las periferias.	bordes de carreteras.Morelos (>300 m), Cosala Sinaloa, Tamaulipas	*Bidens pilosa.*			6 registros en Culiacán (1956-1963)	
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, especialmente en las periferias.	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
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,*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
					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, 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.,*	*Cleome sp., Nasturtium sp., Polanisia sp., Rorippa sp., Tropaeolum sp., Armoracia rusticana, Batis marítima, Brassica oleracea, B. rapa, Cakile edentula, C. marítima,*	REMIB=1 SNIB=3	1982 N.D.	Insignificante

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
				Lepidium virginicum, Polanisia dodecandra y algunas plantas halófilas.	*Cleome gynandra, C. rutidosperma, C. spinosa, Lepidium virginicum, Raphanus sativus, Sinapis alba.*			
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 embargo puede ser rara en algunas partes de su rango de distribución, especialmente en la periferia.	Coahuila, D.F., Guanajutao (2000 m), Morelos (1800 m), Nuevo Léon, Oaxaca, Puebla, Sinaloa (1400 msnm)	Néctar de *Fuchsia sp*., *Lantana sp*. y *Senecio sp.*	*Phoradendron velutinum*	REMIB=0 SNIB=3	1965 y 1983 2 registros en Culiacán de 1965	Muy baja
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,*	REMIB=0 SNIB=5	1903, 1904 y 1964 2 registros en Culiacán de 1903.	Insignificante

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
					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., 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	No citada en la	No declarada como prioritaria	Bosques subtropicales	Néctar de flores	*Senna bicapsularis, S.*	REMIB=0	De 1946	Muy baja

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
boisduvaliana Felder, 1865	NOM como riesgo o endémica	G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	y lindes de bosques, matorrales, bordes de caminos y pastizales Morelos, San Luis Potosí, Mazatlán Sinaloa, Sonora, Tamaulipas,	en general.	*occidentalis, S. pallida, Cassia sp., Astragalus sp.*	SNIB=40	a 1978 1 registro en Culiacán fecha N.D.	
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 rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	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 biflora, Medicago lupulina, Mimosa pudica*	REMIB=3 SNIB=90	De 1916 a 1986 3 registros en Culiacán de 1957	Muy baja
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*	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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
kuschei)								
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 periferias.	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
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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
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 periferias.	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 filifolium, T. megapotamicum*	REMIB=0 SNIB=0	N.D.	Nula
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,	No citada en la NOM como riesgo o	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a nivel global, sin embargo	Zonas abiertas, zonas tropicales de baja altitud incluyendo	*Néctar de flores de Bougainvillea sp.*, *Hibiscus*	*Cassia* sp., *Lysiloma watsonii, Lysiloma microphylla, Inga vera,*	REMIB=4	1971-1983	Insignificante

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
[1836])	endémica	puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	jardínes, pastizales, bordes de caminos, vías de tren y parques públicos. Morelos (>1100 m), Nuevo León, san Luis Potosí, Mazatlán Sinaloa,	*sp. Lantana sp., Lilium sp., Pithocellobium sp., Bidens pilosa y Catharanthus roseus*	*Pithecellobium ebano, P. dulce*	SNIB=0		
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 rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	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, Pentaclethra macroloba,*	REMIB=0 SNIB=3	N.D.	Insignificante
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,	No citada en la NOM como riesgo o	No declarada como prioritaria G5: Seguridad demostrada a	Sitios abiertos de baja altitud, como jardínes, bordes de bosques,	*Pithocellobium dulce* y *néctar*	*Cassia sp., Caesalpinia sp., Salva sierra*	REMIB=1	1947	Nula

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
1763)	endémica	nivel global, sin embargo puede ser rara en algunas zonas de su rango de distribución, especialmente en las periferias.	parques y bordes de caminos. Morelos (>1100 m), Nuevo León, Oaxaca, San Luis Potosí, Tamaulipas,	*de varias flores.*		SNIB=0		
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 distribución, especialmente en las periferias	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 flores silvestres de la familia *Convolvulaceae*	*Cassia sp., Phaseolus sp., Chamaecrista chamaecristoides, Ch. fasciculata, Crotalaria agatiflora, Senna armata, S. bicapsularis, S. corymbosa, S. covesii, S. hirsuta, S. marilandica, S. obtusifolia, S. occidentalis.*	REMIB=8 SNIB=6	1942-1983 1957	Insignificante
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.	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*	REMIB=0 SNIB=3	1903 y 1904	Nula

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
			Amplia distribución en México		*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.*			
Phoebis clarki Schaus, 1920 (syn: *Prestonia clarki)*	No citada en la NOM como riesgo o endémica	Endémica de México según Luis M etal 2000. No declarada como prioritaria	Oaxaca, Sinaloa	N.D.	N.D.	REMIB=0 SNIB=11	1920	Insignificante
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	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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
		las periferias						
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 de su rango de distribución, especialmente en las periferias	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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Especie[68]	NOM-059-SEMARNAT-2001	Endemismo/ en riesgo[69]	Hábitat/Distribución conocida[70]	Planta de la que se alimenta el adulto	Planta hospedara conocida[71] en la fase larvaria	Registros en el Estado[72]	Año colecta	Probabilidad de que se presenten riesgos
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 Sinaloa			**52 especies**					
Total de especies reportadas en México			**1548 especies**					

N.D.: Información No Disponible al momento de la redacción de esta solicitud

© 2011 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-IR604-5 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 Sinaloa 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 MIR604 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 Sinaloa 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 MIR604 x GA21.

Dado que el híbrido de maíz con la tecnología SYN- SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 x MON-ØØØ21-9 expresa las proteínas PAT y mEPSPS que le confiere tolerancia a productos que contienen glufosinato y glifosato respectivamente, y a que no hay “organismos blanco” de la modificación genética (por ejemplo insectos), no existen “organismos no blanco” para estas características 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 SYN-BTØ11-1 x SYN-R604-5 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-IR604-5 x MON-ØØØ21-9.

COLEÓPTEROS

De igual forma que con los lepidópteros, para un análisis de los posibles riesgos hacia este grupo taxonómico derivado de la liberación del maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 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.

- **Taxonomía (CONABIO, 2010)**

Reino Animalia Linnaeus, 1758

Phylum Arthropoda Latreille, 1829

Clase Insecta Brulle, 1832

Subclase Pterygota Lang, 1888

Superorden Neoptera Martynov, 1923

Orden Coleoptera Linnaeus, 1758

Suborden Polyphaga Emery, 1886

Superfamilia Chrysomeloidea Latreille, 1802

Familia Bruchidae Latreille, 1802

Familia Cerambycidae Latreille, 1802

Superfamilia Tenebrionoidea Latreille, 1802

Familia Ciidae Leach, 1819

Superfamilia Byrrhoidea Latreille, 1806

Familia Elmidae Curtis, 1830

Superfamilia Cucujoidea Latreille, 1802

Familia Erotylidae Latreille, 1802

Superfamilia Scarabaeoidea Latreille, 1802

Familia Geotrupidae Latreille

Familia Lucanidae Latreille, 1804

Familia Melolonthidae Samouelle, 1819

Familia Passalidae Leach, 1815

Familia Scarabaeidae Latreille, 1802

Familia Trogidae MaCleay, 1819

Superfamilia Hydrophiloidea Latreille, 1802

Familia Histeridae Gyllenhal, 1808

Superfamilia Staphylinoidea Latreille, 1802

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Familia Hydraenidae Mulsant, 1844

Familia Leiodidae Fleming, 1821

Familia Silphidae Latreille, 1807

Familia Staphylinidae Latreille, 1802

De acuerdo a la CONABIO[73]*: "El orden Coleoptera es el más grande de la clase Insecta y comprende a los denominados escarabajos. Estos poseen un cuerpo fuertemente esclerotizado, el par de alas anteriores se ha transformado en unas cubiertas resistentes e impermeables denominadas élitros; estos cubren las alas posteriores, membranosas, a veces reducidas o ausentes. Los élitros dan al cuerpo una protección especial, permitiéndoles excavar en suelos duros, incluso soportar caídas de alturas considerables, soportando golpes y aplastamientos, además de evitar la deshidratación, gracias a lo cual, los escarabajos pueden vivir en todos los ambientes del mundo excepto en mar abierto (Brusca y Brusca, 2002).*
El orden Coleoptera es el grupo más rico en especies de la clase Insecta. A nivel mundial se conocen alrededor de 358,000 especies descritas, lo cual corresponde aproximadamente al 40% del total de insectos y al 30% del total de animales (Costa, 2000), lo que es más, los cálculos más conservadores estiman que existen cuando menos otras 300,000 por describir. Se han descrito 165 familias agrupadas en cuatro subórdenes: Archostemata, Myxophaga, Adephaga y Polyphaga (Lawrence y Newton 1995). Para Latinoamérica se conocen 129 familias, 6,704 géneros y 72,479 especies (Costa 2000). Para México se reconocen 114 familias, lo que equivale al 88.37% de las conocidas para Latinoamérica y al 69% del total (Navarrete-Heredia y Fierros-López, 2001). A pesar de esta riqueza en la región, el trabajo taxonómico con coleópteros mexicanos muestra una marcada desproporción entre los grupos de especialistas, ya que muy pocas familias han sido relativamente bien trabajadas, mientras que de la mayoría es poco lo que se conoce. En este sentido, los grupos mejor estudiados son Scarabaeoidea y Curculionidae."

De los coleópteros presentes en México (ver tabla 17) y que podemos encontrar en el estado de Sinaloa se enlistan los siguientes:

Tabla 17. Listado de coleópteros en el Estado de Sinaloa

NombreCientifico	Sinaloa
A. abditus	1
A. acapulcensis	1
A. aequalis	1
A. brevipes	1
A. burkei	1
A. cincta	1
A. compressicornis	1
A. cuernavaca	1
A. desmanthi	1
A. desmoditus	1
A. elongata	1
A. figurator	1

[73] http://www.conabio.gob.mx/informacion/catalogo_autoridades/doctos/coleopteros.html

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

A. flavescens	1	
A. flavilla	1	
A. forreri	1	
A. fryxelli	1	
A. gracilis	1	
A. griseolus	1	
A. guazumicola	1	
A. hirsutus	1	
A. idoneus	1	
A. johnsoni	1	
A. kingsolveri	1	
A. leucaenicola	1	
A. limbatus	1	
A. liogaster	1	
A. lividus	1	
A. macrophthalmus	1	
A. mankinsi	1	
A. mazatlan	1	
A. megacornis	1	
A. mexicanus	1	
A. modestus	1	
A. nicoya	1	
A. nigromarginatus	1	
A. oaxaca	1	
A. obscurus	1	
A. puellus	1	
A. puniceus	1	
A. rhynchosiestes	1	
A. rodriguezi	1	
A. schaefferi	1	
A. sculptor	1	
A. sleeperi	1	
A. stridulator	1	
A. strigatus	1	
A. subaequalis	1	
A. zeteki	1	
B. parvulus	1	
B. sallei	1	
B. variabilis	1	
C. (Cotinis) mutabilis	1	
C. bolivari	1	
C. curvipes	1	
C. erubescens	1	
C. forcipulata	1	
C. forreri	1	
C. freudei	1	
C. gleditsiae	1	
C. indigaceus	1	
C. intertribalis	1	
C. islasi	1	

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

C. janzeni	1	
C. lecontei	1	
C. lugubris	1	
C. mafaffa	1	
C. podagricus	1	
C. sinaloae	1	
C. splendens	1	
D. carbonata	1	
D. commixta	1	
D. conradti	1	
D. coriacea	1	
D. cribulosa subsp. sinaloa	1	
D. gibbosum	1	
D. kuschei	1	
D. megapleura	1	
D. nigriventris	1	
D. sonora	1	
D. trapezifera	1	
E. duncani	1	
E. inda	1	
E. oryctoides	1	
E. subglabra	1	
G. (Golofa) tricolor	1	
G. (Golofa) xiximeca	1	
G. guanacaste	1	
I. arizonensis	1	
L. (Ligyrodes) sallei	1	
L. (Tomarus) selanderi	1	
M. amicus	1	
M. apicicornis	1	
M. boucheri	1	
M. cavicollis	1	
M. codonophagus	1	
M. cubiciformis	1	
M. desmoportheus	1	
M. fulvescens	1	
M. humeralis	1	
M. insolitus	1	
M. maculiventris	1	
M. mimosae	1	
M. minusculus	1	
M. mitchelli	1	
M. nubigens	1	
M. placidus	1	
M. porosus	1	
M. porphyreus	1	
M. santarosae	1	
M. serraticulus	1	
M. sonorensis	1	
M. surrubresus	1	

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

M. triacanthus	1	
M. tricolor	1	
M. ulkei	1	
M. vandykei	1	
M. viduatus	1	
M. vittaticollis	1	
N. granulicollis	1	
N. praesidii	1	
O. batesi	1	
O. monachus	1	
O. pseudofuscus	1	
O. rubricans	1	
O. ruginasus	1	
O. tessellatus	1	
O. tomentosus	1	
P. (Chlaenobia) pilositarsis	1	
P. (Listrochelus) ghentata	1	
P. (Listrochelus) monstrosa	1	
P. (Listrochelus) praesidii	1	
P. (Listrochelus) venodiola	1	
P. (Passalus) interstitialis	1	
P. (Passalus) punctiger	1	
P. (Pelidnota) lugubris	1	
P. (Pelidnota) virescens	1	
P. (Pertinax) punctatostriatus	1	
P. (Phyllophaga) brevidens	1	
P. (Phyllophaga) dentex	1	
P. (Phyllophaga) eniba	1	
P. (Phyllophaga) fulviventris	1	
P. (Phyllophaga) lenis	1	
P. (Phyllophaga) ravida	1	
P. (Phyllophaga) setifera	1	
P. (Phyllophaga) verruciventris	1	
P. (Phyllophaga) vetula	1	
P. (Phytalus) obsoleta	1	
P. (Phytalus) sinaloana	1	
P. (Triodonyx) gigantissima	1	
P. (Triodonyx) lalanza	1	
P. amithaon	1	
P. angulatus	1	
P. brevis	1	
P. chihuahuae	1	
P. furiosus	1	
P. lecontei	1	
P. quadridens	1	
R. durangoana	1	
S. aloeus	1	
S. auricomus	1	
S. discolor	1	
S. durangensis	1	

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

S. ensiculus	1	
S. fallax	1	
S. guttifer	1	
S. jugurtha	1	
S. lebasi	1	
S. limbatus	1	
S. morosus	1	
S. presidii	1	
S. pruininus	1	
S. rufomaculatus	1	
S. simulans	1	
S. sordidus	1	
S. sulcipennis	1	
S. vachelliae	1	
S. vestita	1	
T. alternatus	1	
T. archimedes	1	
T. cristatellus	1	
T. discrepans	1	
X. thestalus	1	
Z. amplissimus	1	
Z. bexarensis	1	
Z. chavesi	1	
Z. densus	1	
Z. obliteratus	1	
Z. planifrons	1	
Z. sinaloensis	1	
Z. victoriensis	1	

De acuerdo a los estudios de recopilación de información sobre la distribución de los coleópteros en México se sabe que el estado de Sinaloa en el que se pretende llevar a cabo la liberación del maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 x MON-ØØØ21-9, **no se encuentra reconocido como uno de los de mayor diversidad o endemismos**.

Para que se presenten riesgos a los coleópteros 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 coleópteros y

- Que la especie se alimente del maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 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 coleópteros no blanco reportadas en el Estado de Sinaloa 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 SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 x MON-ØØØ21-9 de las especies de coleópteros no blanco que podrían llegar a encontrarse en el sitio; dicha exposición será

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

corta y transitoria en la naturaleza, por lo que finalmente se concluye que, es prácticamente improbable que se presenten riesgos a dichas especies.

Asimismo, no hay especies de coleópteros reportadas en la NOM-059-SEMARNAT-2001, como especies prioritarias por el Gobierno Federal, por lo que no se espera afectación alguna a la diversidad de coleópteros por la probable exposición al maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 x MON-ØØØ21-9.

- **Efectos en otros organismos no-objetivo**

  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 cuál 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-IR604-5 x MON-ØØØ21-9 causará cambios en las especies no-objetivo distintos a los causados por el cultivo convencional. (EFSA, 2005).

  Respecto de la proteína mCry3A que se expresa dentro del maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21, los estudios de evaluación de riesgo ambiental que Syngenta desarrolló para asegurar la inocuidad de la proteína en el medio ambiente, abarcaron el análisis de exposición de la proteína a diferentes organismos no blanco que pudiesen estar presentes comúnmente en la agricultura (pájaros, peces, predadores, parasitoides, invertebrados del suelo y polinizadores), no encontrándose ningún riesgo hacia este tipo de organismos**.**

- **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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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-IR604-5 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-IR604-5 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 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-IR604-5 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-IR604-5 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.

Se hizo lo propio para la proteína mCry3A, encontrándose como resultado que la proteína mCry3A, como lo reportado para las proteína Cry, se degrada rápidamente en el suelo.

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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). 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, , MIR604 y GA21, son los utilizados para detectar al híbrido de maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21.

Para el caso de los eventos parentales Bt11, MIR604 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]. El método de detección y cuantificación, así como la validación del método y el protocolo de extracción de ADN.

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)[74].

Adicionalmente, Syngenta desea declarar**, que en cumplimiento al artículo 66 del RLBOGM**, se hizo entrega al Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria, de material de referencia positivo y negativo que permite la detección, identificación y cuantificación del maíz con la tecnología SYN-BT-Ø11-1 y MON-ØØØ21-9 con fecha 23 de febrero de 2010 y SYN-IR604-5 con fecha 22 de Junio de 2010, eventos parentales del híbrido de maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21, objeto de esta solicitud.

De forma comercial existen métodos de detección rápidos que pueden ser útiles en actividades de monitoreo e inspección, empleadas como pruebas presuntivas dado que no son evento específico.

[74] Visitar: http://irmm.jrc.ec.europa.eu/html/reference_materials_catalogue/catalogue/RM_Catalogue.pdf Página 26.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Algunos métodos disponibles75 con capacidad para detectar las proteínas presentes en el maíz con las tecnologías SYN-BT-Ø11-1, SYN-IR604-5 y 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
- Envirilogix QuickStix™ Kit for mCry3A (Agrisure™ RW) - AS 037, Número de Catálogo: AS 037 LT, AS 037 BG
- Envirilogix QuickComb™ Kit for QuickScan - Corn Bulk Grain - AQ 036 TC, Número de Catálogo: AQ 036 TC
- 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.
- TraitChek Vip3A Bulk Corn Grain Test Kit 3000093 TraitChek Vip3A Bulk Corn Grain Test Kit from SDix
- SeedChek PMI Test Strips - 50 strips 7000052 SeedChek PMI Test Strips - 50 strips from SDix
- SeedChek Cry1Ab Strips (detects in Leaf/Seed and Bulk Seed) - 50 strips 3000014 SeedChek Cry1Ab Strips (detects in Leaf/Seed and Bulk Seed) - 50 strips from SDix

Igualmente, los eventos parentales se pueden diferenciar mediante pruebas de tolerancia a un rango más amplio de insectos lepidópteros o coleópteros objetivo (eventos parentales Bt11 y MIR604) y mediante pruebas de tolerancia a glifosato (evento parental GA21).

[75] Para mayor referencia por favor visitar: http://envirologix.com/artman/publish/cat_index_5.shtml o http://www.sdix.com/Products/Agricultural-Tests/GMO-Grain-TraitChek.aspx

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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), Sanvido *et al*. (2008) y más recientemente Riesgo *et al.* (2010) 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; Devos, Y *et al* 2009) precisan un número de factores bióticos y abióticos que pueden 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
- 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 18. 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).

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**

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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).

Por otro lado, Riesgo[76] *et al* (2010) con base en los numerosos estudios de campo que se han realizado en la Unión Europea, reportan un análisis estadístico de polinización cruzada en maíz, **mostrando que una distancia de aislamiento de 40 m es suficiente para mantener el porcentaje de presencia adventicia por debajo del 0.9% necesario en la UE**. No obstante lo anterior, esta medida de aislamiento no es la única medida que los autores están recomendando para la producción de maíz**,** si no además comentan que las barreras de polen de maíz convencional han demostrado reducir la polinización cruzada de maíz GM con mayor efectividad que la distancia de aislamiento impuestas por los gobiernos de la UE, que dejar un espacio libre entre cultivos o que cultivar otros cultivos diferentes al maíz. **Con una barrera de maíz convencional de 10 a 20 m alrededor de la fuente de polen de maíz GM, el maíz convencional aledaño a este raramente excede el porcentaje de presencia adventicia de 0.9%**, por lo que las zonas de amortiguamiento, zonas descartables y otras medidas pueden combinarse o sustituir a las distancias de aislamiento impuestas en la UE, en busca de un sistema que incremente las opciones reales que tienen los agricultores para elegir el cultivo de su elección.

[76] http://www.nature.com/nbt/journal/v28/n8/full/nbt0810-780.html

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- **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 teocinte, 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 MIR604 x GA21 no ve afectada sus características de supervivencia, multiplicación o diseminación en comparación con el maíz convencional, y han adquirido la resistencia a glufosinato 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-IR604-5 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 de los genes *pat* y *mepsps* que le permiten a la planta de maíz tolerar la aplicación de glufosinato y glifosato, respectivamente, 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.

El maíz con tecnología Bt11 x MIR604 x GA21 no tendrá impactos significativos adversos en organismos benéficos no objetivos en cualquier población en el ambiente de campo, ya sean parasitos de plagas, depredadores de plagas o polinizadores. Ademas, se considera que el cultivo de maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21 puede tener menos impactos negativos en los organismos no objetivo que el uso de productos químicos pesticidas para la producción de maíz, debido a que ajo ciscunstancias normales, el maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 x GA21 requiere sustancialmente menos aplicaciones de pesticidas químicos en comparación con la producción de maíz no-Bt. Un menor número de aplicaciones de insecticidas químicos. Un menor número de aplicaciones de insecticidas químicos tiene por lo general como resultado, mayores poblaciones de organismos benéficos que controlan a las plagas secundarias, tales como ácidos y saltadores de hojas. Además, no se espera un efecto adverso en las especies en peligro y amenazadas.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

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-IR604-5 x MON-ØØØ21-9, no han sido publicadas en el Diario Oficial de la Federación ninguna Norma Oficial Mexicana aplicable derivada de la LBOGM[77] aplicable a los permisos de liberación en fase experimental, piloto o comercial.

[77] Consulta llevada a cabo el 03 de mayo de 2010. Visitar: http://dof.gob.mx/busqueda_detalle.php?textobusqueda=bioseguridad&vienede=

© 2011 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:

1. Plan de monitoreo detallado

Se efectuará un monitoreo durante la liberación y la cosecha del maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 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-IR604-5 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 la liberación experimental 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-IR604-5 x MON-ØØØ21-9. Además, todo el personal involucrado deberá saber que el maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 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 proteínas Cry1Ab, PAT, pmi, mCry3A y 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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[78]

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
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[79]

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 (ver figura 46).

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.

[78] http://www.excellencethroughstewardship.org/ETSOverview.aspx
[79] http://www.excellencethroughstewardship.org/LinkClick.aspx?fileticket=1bxJGf1Odcs%3d&tabid=62

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Figura 36. 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.
- 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- 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

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*[80] 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.

[80] http://www.excellencethroughstewardship.org/LinkClick.aspx?fileticket=P4qw2mlAeLc%3d&tabid=62

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

planificación. La *Guía para la gestión de lanzamiento de productos*[81] *y la Guía para la descontinuación de productos*[82] brindan las guías pertinentes.

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;
- 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

[81] http://www.excellencethroughstewardship.org/LinkClick.aspx?fileticket=U8SEhLYSZYA%3d&tabid=62
[82] http://www.excellencethroughstewardship.org/LinkClick.aspx?fileticket=13x-wiedNrM%3d&tabid=62

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

- 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.

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[83] del producto. La *Guía para el mantenimiento de la integridad de los productos vegetales* brinda la orientación pertinente.

Retiro o devolución del producto

[83] **"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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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*[84] brinda la orientación pertinente.

5. Producción del cultivo

La fase de producción del cultivo incluye actividades asociadas con el cultivo para 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.

[84] 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

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*[85].

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 biotecnológicos no autorizados estén presentes en las semillas permitidas, alimentos autorizados, o los canales de alimentación.

[85] http://www.excellencethroughstewardship.org/LinkClick.aspx?fileticket=13x-wiedNrM%3d&tabid=62

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 Bt11 x MIR604xGA21.

© 2011 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-IR604-5 x MON-ØØØ21-9.**

El maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR604-5 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. El aislamiento temporal podrá ser usado en el caso de que no se cumpla con la distancia de aislamiento de 300 m.

- 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 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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:

- 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Establecer medidas efectivas para lograr el aislamiento espacial y/o 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).
- 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,

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

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[86]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.

[86] 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 o en el caso de que no se cumpla con la distancia de aislamiento de 300 m[87].

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-IR604-5 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-IR604-5 x MON-ØØØ21-9, ya cuentan con la autorización sanitaria de COFEPRIS que avala su inocuidad, evento parental SYN-BT-Ø11-1 el 16 de Julio de 2007; para MON-ØØØ21-9 el 24 de Mayo de 2002 y para el evento parental SYN-IR604-5 el 8 de Octubre de 2007[88]. 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-IR604-5 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.

[87] 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.
[88] http://www.cofepris.gob.mx/wb/cfp/organismos_geneticamente_modificados

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

5. La destrucción del cultivo debe ocurrir en el momento oportuno.

© 2011 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 las tecnologías Bt11 x MIR604 x GA21 (identificador de la OCDE: SYN-BTØ11-1 x SYN-IR6Ø4-5 x MON-ØØØ21-9) es un hibrido F1 resultante de la hibridación de la línea de maíz con la tecnología Bt11 (SYN-BTØ11-1) resistente a lepidópteros y a la aplicación de glufosinato, por la línea de maíz con la tecnología y resistente a la aplicación de herbicida a base de glufosinato, la línea de maíz con la tecnología tecnología MIR604 (SYN-IR6Ø4-5) resistente a coleópteros y por la línea de maíz con la tecnología GA21 (MON-ØØØ21-9) tolerante a la aplicación de glifosato. Este apilado de tecnologías es producto del mejoramiento tradicional de plantas, y por lo tanto no es automáticamente sujeto a la normativa en todas las jurisdicciones, como son las tecnologías parentales resultantes de la ingeniería genética.

En la tabla 28 se encuentra una lista de los eventos parentales que dieron origen por mejoramiento tradicional al híbrido de maíz con la tecnología SYN-BTØ11-1 x SYN-IR6Ø4-5 x MON-ØØØ21-9, han sido aprobados en los siguientes países y para las siguientes actividades[89] presentando un historial de uso seguro:

Tabla 19. 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
Korea			2003	2006
México		2007		
Filipinas	2005		2003	2003
Rusia			2003	

[89] visitar: http://cera-gmc.org/index.php?action=gm_crop_database

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Sudáfrica	2003	2002		
Suiza			1998	1998
Taiwan			2004	
Reino Unido			1998	1998
Estados Unidos	1996	1996		
Uruguay	2004	2004		

Tabla 20. Historial de aprobaciones a nivel mundial de maíz SYN-IR604-5. Adaptada de: http://cera-gmc.org/index.php?action=gm_crop_database&mode=Submit&evidcode=MIR604

País	Liberación al ambiente	Alimentación humana, animal o procesamiento	Alimentación humana	Alimentación animal
Australia			2006	
Canadá	2007		2007	2007
China		2008		
Japón	2007		2007	2007
México		2007		
Filipinas		2007		
Rusia			2007	2007
Taiwán			2007	
Estados Unidos	2007	2007		

Tabla 21. 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
Argentina	1998	2005		
Australia			2000	
Brasil	2008	2008		

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Canada	1998		1999	1998
China		2004		
Union Europea			2006	2005
Japón	1998		1999	1999
Korea			2002	2005
México		2002		
Filipinas	2009		2003	200
Rusia			2007	2007
Sudafrica		2002		
Taiwan			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[90]

Tabla 22. 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 Norte	Grandes Planicies	95-068-15n
Dakota del Sur	Grandes Planicies	95-068-21n
Delaware	Bosques templados del Este	95-068-05n
Georgia	Bosques templados del Este	95-065-13n
Hawaii	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

[90] Visitar: http://www.isb.vt.edu/cfdocs/fieldtests2.cfm

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Previo a obtener el estatus de de-regulado ante la APHIS, el maíz SYN-IR604-5 fue liberado en las zonas agrícolas de los siguientes estados de la Unión Americana:[91]

Tabla 23. Estados de la Unión Americana en los que se libero maíz SYN-IR604-5, previo a la de-regulación**.**

Año	Estados	Notificación USDA
2001	Hawái	01-018-01n
2001	Illinois, Puerto Rico	01-022-07r/m
2002	Florida, Illinois, Minnesota, Texas	02-022-07r/m
2002	Hawái	
2003	Florida, Iowa, Illinois, Indiana, Kansas, Kentucky, Minnesota, Missouri, Mississippi, Nebraska, Puerto Rico, Dakota del Sur, Texas, Wisconsin	03-021-01r/m
2003	Hawái	03-021-02r/m
2003	Puerto Rico	03-287-07n
2003	Florida, Hawái, Illinois	03-287-05n
2003	Hawái	03-287-02n
2003	Hawái	03-287-01n
2003	Hawái	03-287-10n
2003	Hawái	03-287-11n
2003	Illinois	03-287-04n
2003	Puerto Rico	03-300-04n
2004	Arkansas, California, Colorado, Florida, Hawái, Iowa, Idaho, Illinois, Indiana, Kansas, Kentucky, Luisiana, Maryland, Minnesota, Missouri, Mississippi, Carolina del Norte, Nebraska, Nuevo México, Nueva York, Ohio, Pennsylvania, Puerto Rico, Dakota del Sur, Texas, Virginia, Wisconsin	04-072-06n
2004	Florida, Hawái, Iowa, Idaho, Illinois, Indiana, Kentucky, Minnesota, Missouri, Nebraska, Pennsylvania, Puerto Rico, Dakota del Sur, Wisconsin (IR/HT stacks)	04-076-04n
2004	Iowa	04-085-08n
2004	Illinois	04-086-03n
2004	Iowa	04-140-01n
2004	Puerto Rico (IR/HT stacks)	04-203-09n

[91] Visitar: http://www.isb.vt.edu/cfdocs/fieldte_sts2.cfm

© 2011 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:[92]

Tabla 24: 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

[92] Visitar: http://www.isb.vt.edu/cfdocs/fieldte_sts2.cfm

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

b) Efectos de la liberación sobre la flora y la fauna;

El híbrido de maíz con las tecnologías Bt11 x MIR604 x GA21 (identificador de la OCDE: SYN-BTØ11-1 x SYN-IR6Ø4-5 x MON-ØØØ21-9) es un hibrido F1 resultante de la hibridación de la línea de maíz con la tecnología Bt11 (SYN-BTØ11-1) resistente a lepidópteros a la aplicación de glufosinato, por la línea de maíz con la tecnología y resistente a la aplicación de glufosinato, la línea de maíz con la tecnología tecnología MIR604 (SYN-IR6Ø4-5) resistente a coleópteros y por la línea de maíz con la tecnología GA21 (MON-ØØØ21-9) tolerante a la aplicación de glifosato. Este apilado de tecnologías es producto del mejoramiento tradicional de plantas, y por lo tanto no es automáticamente sujeto a la normativa en todas las jurisdicciones, como son las tecnologías parentales resultantes de la ingeniería genética.

El híbrido de maíz con las tecnologías Bt11 x MIR604 x GA21 expresa cinco proteínas: la delta endotoxina Cry1Ab producida por el gen *cry1Ab* que confiere resistencia a al gusando barrenador Europeo de maíz y otros lepidópteros, la enzima fosfinotricin-acetil transferasa (PAT) producida por el gen *pat* que confiere tolerancia al herbicida glufosinato de amonio; la fosfomanosa isomerasa (PMI) producida por el gen *pmi* que confiere toleracnci a la palicación de glufosinato; la proteína para el control de insectos mCry3A producida por el gen *mcry3A* que le confiere la resistencia a los gusanos come raíces que se localizan en el lado oeste de los Estados Unidos (WCRW; *Diabrotica virgifera virgifera*), en el lado norte (NCRW; *D. longicornis barberi*) (Chen and Stacy, 2003), y al gusano mexicano come raíces (*D. virgifera zeae*); la proteína producida por el gen *pmi* de la *E. coli*, PMI (fosfomanosa isomerasa) usada como marcador de selección; y la proteína modificada EPSPS producida por el gen *mepsps* que confiere tolerancia al herbicida glifosato.

Las característica novedosas de cada línea parental se han combinado a través de mejoramiento tradicional para producir esta nueva tecnología Bt11 x MIR604 x GA21 A continuación se expone lo referente a los eventos parentales del híbrido de maíz Bt11 x MIR604 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 MIR604 la EPA concluyó que** “…el maíz con tecnología MIR604 *no tendrá impactos significativos adversos en organismos benéficos no objetivos en cualquier población en el ambiente de campo, ya sean parasitos de plagas, depredadores de plagas o polinizadores. Ademas, considera que el cultivo de maíz con la tecnología MIR604 puede tener menos impactos negativos en los organismos no objetivo que el uso de productos químicos pesticidas para la producción de maíz, debido a que bajo ciscunstancias normales, el maíz con la tecnología MIR604 requiere sustancialmente menos aplicaciones de pesticidas químicos en comparación con la producción de maíz no-Bt. Un menor número de aplicaciones de insecticidas químicos. Un menor número de aplicaciones de insecticidas químicos tiene por lo general como resultado, mayores poblaciones de organismos benéficos que controlan a las plagas secundarias, tales como áfidos y saltadores de hojas. Además, no se espera un efecto adverso en las especies en peligro y amenazadas.. La actividad insecticida de la proteína mCry3A se limita a las especies de coleópteros plaga, el gusano de la raíz de maíz. Sobre la base de la especificidad de la actividad de la proteína mCry3A, especies fuera del orden Coleoptera y la familia Chrysomelidae no deberían verse afectadas. ...El gen PMI no tiene propiedades tóxicas. Por lo tanto, no habría impacto hacia los organismos no blanco, incluidos los organismos benéficos o especies amenazadas o en peligro de extinción En conclusión, la EPA no encontró peligro alguno para el medio ambiente debido al cultivo de maíz con la tecnología MIR604 que expresa preteína insecticida mCry3A.* Por lo que cualquier cualquier progenie derivada del mejoramiento tradicional con el parental MIR604 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.

© 2011 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[93] ante la USDA-APHIS se presentó el 13 de julio de 1995 (Ver archivo anexo: 05-097-001.pdf)[94], 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 empledos 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 no debería incrementar el potencial de convertirse en maleza de cualquier progenie resultante*

4. *El maíz Bt11 es sustancialemente equivalente en composición, calidad y otras características al maíz no transgénicao 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,

[93] 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

[94] 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

si el maíz Bt11 no se considera más un artículo reglamentado en virtud de su regulación (7 CFR Parte 340)."

En los documentos anexos referidos anteriormente se detallan con más precisión las medidas recomendadas por las autoridades.

La solicitud completa de desregulación para el evento SYN-IR604-5[95] ante la USDA-APHIS se presentó el 2 de Agosto de 2006 (Ver archivo anexo: 07-092-002.pdf)[96], en el que se presentó el estudio de los posibles riesgos por la liberación del maíz SYN-IR604-5 en **Estados Unidos de Norteamérica**, al que la APHIS contestó oficialmente (Ver archivo anexo: 07-092-001.pdf) concluyendo que:

"…el maíz con tecnología MIR604 *no tendrá impactos significativos adversos en organismos benéficos no objetivos en cualquier población en el ambiente de campo, ya sean parasitos de plagas, depredadores de plagas o polinizadores. Ademas, considera que el cultivo de maíz con la tecnología MIR604 puede tener menos impactos negativos en los organismos no objetivo que el uso de productos químicos pesticidas para la producción de maíz, debido a que bajo ciscunstancias normales, el maíz con la tecnología MIR604 requiere sustancialmente menos aplicaciones de pesticidas químicos en comparación con la producción de maíz no-Bt. Un menor número de aplicaciones de insecticidas químicos. Un menor número de aplicaciones de insecticidas químicos tiene por lo general como resultado, mayores poblaciones de organismos benéficos que controlan a las plagas secundarias, tales como áfidos y saltadores de hojas. Además, no se espera un efecto adverso en las especies en peligro y amenazadas. Los datos disponibles no indican que las proteínas mCry3A tengan un efecto adverso medible en poblaciones de microbios en el suelo, ni se han demostrado ninguna transferecnia horizontal de genes de las plantas transgénicas a las bacterios del suelo. La actividad insecticida de la proteína mCry3A se limita a las especies de coleópteros plaga, el gusano de la raíz de maíz. Sobre la base de la especificidad de la actividad de la proteína mCry3A, especies fuera del orden Coleoptera y la familia Chrysomelidae no deberían verse afectadas. …El gen PMI no tiene propiedades tóxicas. Por lo tanto, no habría impacto hacia los organismos no blanco, incluidos los organismos benéficos o especies amenazadas o en peligro de extinción En conclusión, la EPA no encontró peligro alguno para el medio ambiente debido al cultivo de maíz con la tecnología MIR604 que expresa proteína insecticida mCry3A.* Por lo que cualquier cualquier progenie derivada del mejoramiento tradicional con el parental MIR604 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 [97] ante la USDA-APHIS se presentó el 19 de Abril de 1997 (Ver archivo anexo: 01-290-061.pdf)[98], en el que se presentó el estudio de los posibles

[95] 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

[96] Este documento es de libre acceso en su idioma original a través de la siguiente página de internet: http://cera-gmc.org/docs/decdocs/07-092-002.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-v4.shtml?documentid=15105

[97] 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

[98] 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-v4.shtml?documentid=14794

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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)."

En los documentos anexos referidos anteriormente, se detallan con más precisión las medidas recomendadas por las autoridades.

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 MIR604 x GA21 con tolerancia a herbicida glifosato y glufosinato.

Decisiones sobre la línea parental Bt11

© 2011 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/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 MIR604

Canadian Food Inspection Agency, Plant Biotechnology Office	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/07-320-002.pdf
European Food Safety Authority, Scientific Opinion: Application (Reference EFSA-GMO-UK-2005-11) for the placing on the market of insect-resistant genetically modified maize MIR604 event	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-207-002.pdf
Food Standards Australia New Zealand, Final Assessment Report: Application A564, food derived from insect-protected corn line MIR604	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/06-279-001.pdf
Health Canada Novel Food, Novel Food Information: AgriSureRW Insect-Protected Corn Event MIR604	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/07-222-001.pdf
Japanese Biosafety Clearing House, Ministry of Environment.	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/07-278-001.pdf
U.S. Department of Agriculture, Animal and Plant Health Inspection Service	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/07-092-001.pdf
U.S. Environmental Protection Agency, FIFRA Scientific Advisory Panel Report	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/09-217-001.pdf
U.S. Environmental Protection Agency, Office of Pesticide Programs	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/07-156-001.pdf
United States Food and Drug Administration	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/07-092-003.pdf

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Decisiones sobre la línea parental GA21

Australia New Zealand Food Authority	http://cera-gmc.org/docs/decdocs/01-290-058.pdf
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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

4. California EPA. (1997). Public health goal for glyphosate in drinking water. Pesticide and Environmental Toxicology Section, Office of Environmental Health Hazard 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. Franz, J.E., Mao, M.K. & Sikorski, J.A. (1997). Glyphosate: A Unique Global Herbicide. ACS Monograph No. 189. American Chemical Society. Washington, DC.

13. Giesy, J.P., Dobson, S. & Solomon, K.R. (2000). Ecotoxicological risk assessment for Roundup herbicide. Reviews of Environmental Contamination and Toxicology 167: 35-120.

14. Kishore, G. & Shah, D. (1988). Amino acid biosynthesis inhibitors as herbicides. Annu. Rev. Biochem. 57:627-663.

15. Levin, J.G. & Sprinson, D.B. (1964). The enzymatic formation and isolation of 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate. J. Biol. Chem. 239:1142-1150.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

16. Moshier, L.J., Penner, D. (1978). Factors influencing microbial degradation of 14C-glyphosate to 14CO2 in soil. Weed Science 26(6): 686-91.

17. 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.

18. 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.

19. 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.

20. 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

21. 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

22. Speth, T.F. (1994). Glyphosate removal from drinking water. J. Envir. Engr. 119: 1139-1157.

23. USDA/APHIS (1996) USDA/APHIS Petition 95-195-01 for determination of nonregulated status for Bt11 corn. 1-11

24. USDA/FDA BVK (1996) Note to file (BNF0017). In, pp 1-3

25. 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

26. 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.

27. 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

28. 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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

29. WHO (1994). Glyphosate. Environmental Health Criteria No. 159. World Health Organization¸ International Programme of Chemical Safety (IPCS), Geneva.

30. WHO (1997). Rolling Revisions of WHO Gudielines 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.

31. 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.

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 comprometidos debido a la alta incidencia de plagas o malezas, o cuando las plagas presentes han desarrollado resistencia a a algunos plaguicidas. Los beneficios relacionados a la adopción de los cultivos Bt pueden comprender tanto altos rendimentos 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 si 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 podedumbre de mazorca y contaminación por fumonisina comparado contra plantas de maíz convencional, lo que podría indicar, que bajo ciertas condiciones el

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

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-IR604-5 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 SYN604-5 x MON-ØØØ21-9.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

1. Baum, J. A., C.-R. Chu, M. Rupar, G. R. Brown, W. P. Donovan, J. E. Huesing, O. Ilagan, T. M. Malvar, M. Pleau, M. Walters, and T. Vaughn. 2004. Binary toxins from Bacillus thuringiensis active against the western corn rootworm, Diabrotica virgifera virgifera LeConte. Appl. Environ. Microbiol. 70:4889–4898.

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. Betz, F. S., B. G. Hammond, and R. L. Fuchs. 2000. Safety and advantages of Bacillus thuringiensis-protected plants to control insect pests. Regul. Toxicol. Pharmacol. 32:156–173

4. 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.

5. 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

6. 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

7. 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.

8. 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.

9. 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.

10. Fang, Jun., et al., (2007). Characterization of Chimeric *Bacillus thuringiensis* Vip3 Toxins, Applied and Environmental Microbiology, February 2007, p. 956–961.

11. 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

12. 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

13. 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.

14. 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.

15. Keeler, K. 1989. Can genetically engineered crops become weeds? Bio/Technology 7:1134- 1139.

16. 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

17. Losey JE, Rayor LS, Carter ME (1999) Transgenic pollen harms monarch larvae. Nature London 399: 214

18. 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.

19. 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.

20. Miki B, and S. McHugh. 2004. Selectable marker genes in transgenic plants: applications, alternatives and biosafety. Journal of Biotechnology 107:193–232

21. 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.

22. 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.

23. 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.

24. 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.

25. 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

26. 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.

27. 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.

28. Saxena D, Flores S, Stotzky G (1999) Insecticidal toxin in root exudates from Bt corn. Nature London 402: 480

29. 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.

30. 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.

31. 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.

32. 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.

33. Saxena D, Stotzky G (2001) Bt corn has a higher lignin content than non-Bt corn. American Journal of Botany 88: 1704-1706

34. Saxena D, Stotzky G (2001) Bt toxin uptake from soil plants. Nature Biotechnology 19: 199

35. 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

36. 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

37. 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

38. 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.

39. U.S. EPA (1992). Pesticide tolerance proposed rule. Federal Register 57: 8739-8740.

40. 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

41. 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.

42. 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.

43. 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.

44. 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

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.

El híbrido de maíz con las tecnologías Bt11 x MIR604 x GA21 (identificador de la OCDE: SYN-BTØ11-1 x SYN-IR6Ø4-5 x MON-ØØØ21-9) es un hibrido F1 resultante de la hibridación de la línea de maíz con la tecnología Bt11 (SYN-BTØ11-1) resistente a lepidópteros y a la aplicación de glufosinato, por la línea de maíz con la tecnología resistente también a lepidópteros, la línea de maíz con la tecnología tecnología MIR604 (SYN-IR6Ø4-5) resistente a coleópteros y por la línea de maíz con la tecnología GA21 (MON-ØØØ21-9) tolerante a la aplicación de glifosato. Este apilado de tecnologías es producto del mejoramiento tradicional de plantas, y por lo tanto no es automáticamente sujeto a la normativa en todas las jurisdicciones, como son las tecnologías parentales resultantes de la ingeniería genética.

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 Norteméricа) 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.[99]

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.[100]

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

[99] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://www.aphis.usda.gov/brs/aphisdocs2/95_19501p_com.pdf
[100] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://www.cfsan.fda.gov/~rdb/bnfl017.html

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.[101]

Para la línea parental MIR604[102], se presenta la documentación oficial que acredita que la línea parental de maíz con la tecnología SYN-IR604-5 está permitido 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 MIR604, para su venta comercial como semilla para siembra sin tener que presentar requisitos adicionales. Emitido el 23 de marzo de 2007.

b) Se presenta la documentación que acredita que el grano y forraje proveniente de variedades de maíz MIR604, 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 30 de enero de 2007

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 mCry3A expresada en el maíz MIR604 como insecticida producida en plantas. 3 de octubre de 2006.

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.[103]

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.[104]

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.[105]

[101] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://www.epa.gov/EPA-PEST/1998/August/Day-17/p22013.htm
[102] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://cera-gmc.org/index.php?evidcode=MIR604&hstIDXCode=&gType=&AbbrCode=&atCode=&stCode=&coIDCode=&action=gm_crop_database&mode=Submit
[103] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://www.aphis.usda.gov/brs/aphisdocs2/95_19501p_com.pdf
[104] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://www.cfsan.fda.gov/~rdb/bnfl017.html
[105] Para la versión en línea en la página web, favor de visitar: http://www.epa.gov/EPA-PEST/1998/August/Day-17/p22013.htm

© 2011 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 cuenta 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 47 se representan las plagas de importancia económica con relación a las etapas fenológicas del cultivo.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

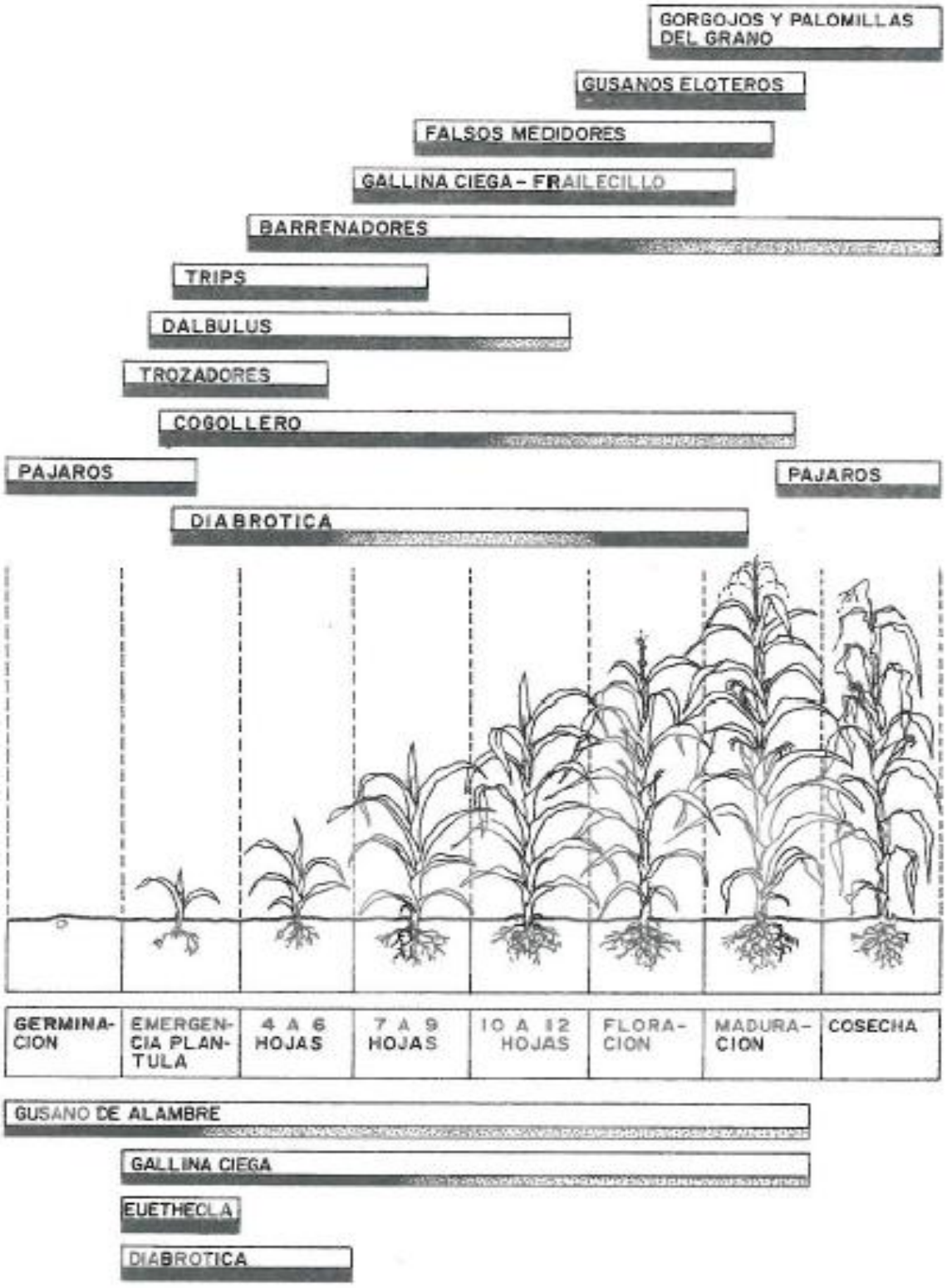


Figura 37. Plagas del cultivo del maíz en México con relación a sus etapas fenológicas (Tomado Guía fitosanitaria para el cultivo del maíz).

© 2011 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), ver figura 48.

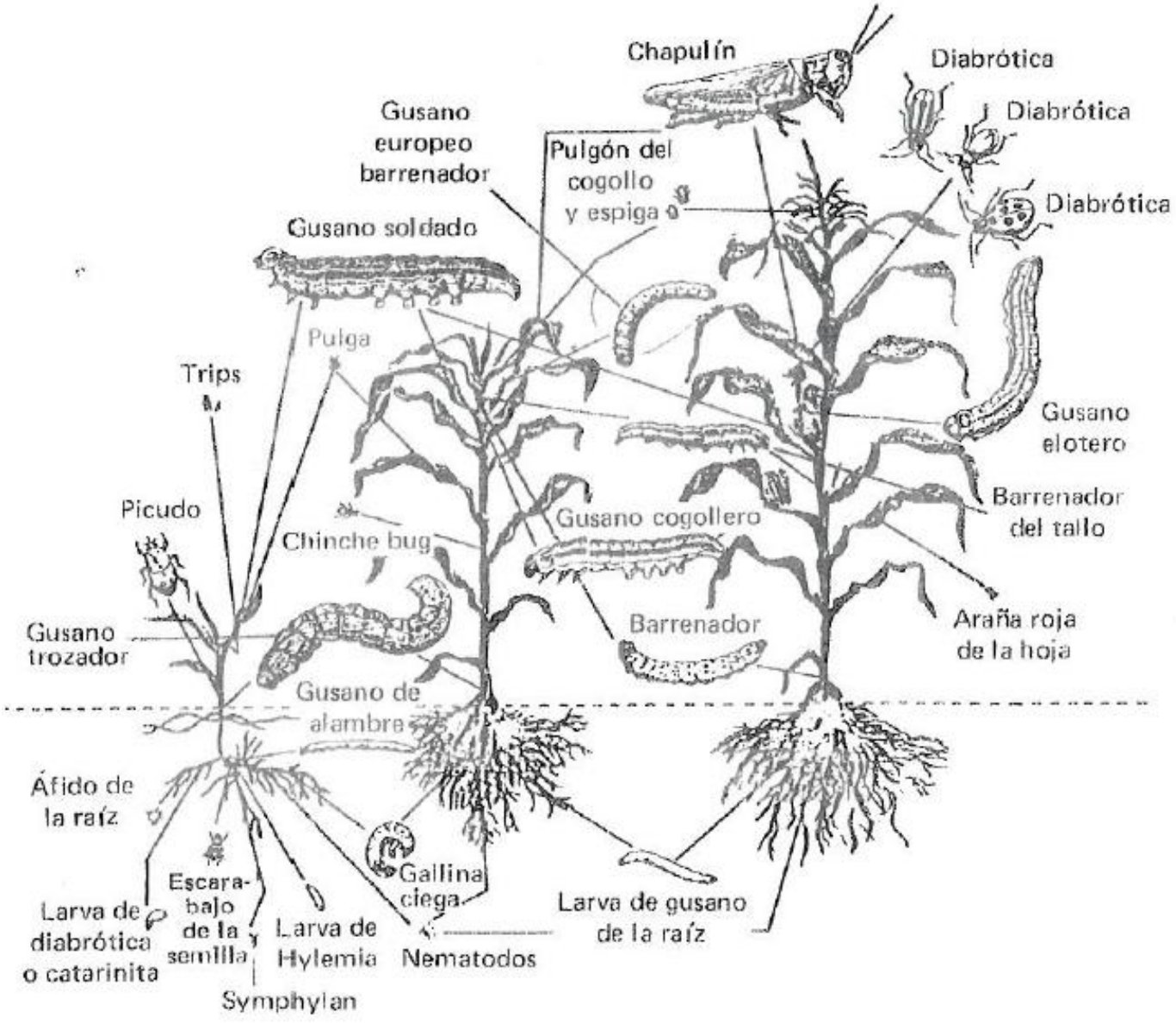


Figura. 38. Tres estadios para inspeccionar las plagas del maíz en: raíz, hojas, tallos, flores y fruto.

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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

El uso de variedades de maíz con una resistencia y tolerancia a los insectos reduciría los gastos en materiales y equipo para medidas de 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 Sinaloa, el Campo experimental del INIFAP recomendó los siguientes tratamientos para la plagas presentes en el cultivo de maíz. Ver tabla 25.

Tabla 25. Manejo de plagas en la región Agrícola de Sinaloa. (Adaptada de: Campo Experimental CIRNO, Sinaloa.

Plaga	Ingrediente activo	Dosis/Ha	Epoca de aplicación
Trips *Frankliniella sp.*	Ometoato 480 g de I. A.	0.6 L	Cuando haya de cinco a diez trips por planta
	Diazinon 345 g de I. A.	1.5 L	
	Dimetoato 400 g de I. A.	1.0 L	
Chapulin *Melanoplus sp.*	Paratión Metílico 600 g I.A.	20 kg	Al encontrar de cinco a diez individuos por planta
Pulga saltona *Epitrix spp*.	Carbaril 1200 g de I.A.	1.5 kg	
G. cogollero *Spodoptera Frugiperda*	Bacilus thuringiensis	3.0 a 1.0 L	Cuando se registra de 15 a 25% de ataque en plantas menores de 80 centimetros
G.elotero *Heliothis spp.*	Clorpirifos 360 g I.A.	0.75 L - 2.0 L	
	Permetrina 170 g I.A.	0.5 L	
	Cyflutin 37.5 g I.A.	0.75 L	
	Cypermetrina 50 g I.A.	0.25 L	
	Zetacipermetrina 25 g I.A.	0.25 L	
	Alfacipermetrina 40 g I.A.	0.2 L	
	Methoxyfenozide 40.8 g I.A:	0.17 L	
G. barrenador *Zeadiatrea grandiozella* Dyar	Permetrina 170 g I.A.	0.5 L	Cuando se registra de 15 a 25% de ataque en plantas menores de 80 centimetros
Pulgón *Rhopalosiphum maidis* Fitch	Piricarb 170 g I.A. o Carbofuran 875 g I.A.	0.5 L	Cuand se encuentre 15% de plantas atacadas
G. trozador	Carbofuran 875 g I.A.	2.5 L	Si se encuentra de una a tres plantas trozadas por metro lineal
	Thiodicarb 525 g I.A:	3.5 L	

El maíz con la tecnología Bt11 x MIR604 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 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 responder 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:

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

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 Sinaloa se presentan en la tabla 26 (Asociación Mexicana de la ciencia de la Maleza, A.C.).

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Tabla 26. Malezas más comunes y problemáticas presentes en el cultivo de Maíz en la región Agrícola de Sinaloa (Asociación Mexicana de la ciencia de la Maleza, A.C.).

Nombre científico: ***Anoda cristata (L.) Schltdl***

Nombre común: Malva

Descripción técnica basada en Espinosa y Sarukhán, 1997; Rzedowski y Rzedowski, 2001. Hábito y forma de vida: Hierba o subarbusto erecto, decumbente o rastrero. Tamaño: Hasta de 1 m de alto. Tallo: Muchas veces con pelos más o menos largos. Hojas: Son variables: ovadas, lanceoladas, hastadas (en forma de flecha) o algunas veces 3 a 7-palmatilobadas, de 2 a 9 mm de longitud, verdes y a menudo con una mancha purpúrea irregular a lo largo del nervio central. Inflorescencia: Flores sobre pedúnculos largos, axilares. Flores: Cáliz de 5 a 10 mm de longitud en flor, continua su crecimiento en fruto hasta 20 mm; pétalos de 8 a 26 mm de longitud, de color lila o morados, raras veces blancos. Frutos y semillas: Frutos pubescentes, de 8 a 15 mm de diámetro, 3 a 5 veces más anchos que altos, con espinas radiales de 1.5 a 4 mm de longitud; semillas solitarias, con o sin endocarpio reticulado envolvente, reniformes (en forma de riñón) irregulares o hemirreniformes de 2.5 a 3.5 mm de largo y 2.5 a 3 mm de ancho, comprimidas, se sección transversal casi triangular, superficie tuberculada). Plántulas: Hipocótilo cilíndrico, alargado, de 25 a 50 mm de largo, cubierto de pelos. Cotiledones asimétricos, lámina cordada de 8 a 12 mm de largo y 7 a 8 mm de ancho. Epicótilo cilíndrico, de 3 a 10 mm, con pelos. Hojas alternas.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Nombre científico: ***Chenopodium album***

Nombre común: Quelite cenizo

Las Floras norteamericanas (p.ej. la Flora de Norteamérica) tratan a esta planta como parte de un agregado de entidades polimórficas (con formas variables) bajo el nombre de *Chenopodium album.* Son plantas que se encuentran en evolución activa a través de la selección, hibridización (dentro del complejo y con otras especies), radiación y formación de poliploides. Se pueden distinguir cientos de grupos, pero, hasta ahora, no hay una clasificación satisfactoria del complejo. *Chenopodium giganteum* probablemente es una forma del *Chenopodium album* domesticado en Asia, que luego se volvió a silvestrar a partir de poblaciones cultivadas en varias partes del mundo. En México tiene un aspecto muy distintivo (y muy diferente al *Chenopodium album* "normal", p.ej.), parece que se encuentra en expansión en México y tiene una ecología muy específica: crece sobre suelos ricos y alcalinos, p.ej. en Xochimilco, en varias partes del oriente del Valle de México, alrededor de Texcoco y en partes del Mezquital en Hidalgo. Por estas razones esta autora (HV) considera que es conveniente mantener este taxón con un nombre propio por el momento. Cabe mencionar que la Flora de China sí reconoce a Ch. giganteum.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Nombre científico: ***Chenopodiun murale* L.**

Nombre común: Quelite puerco

Descripción técnica basada en Rzedowski y Rzedowski, 2001. Hábito y forma de vida: Planta erguida o ascendente. Tamaño: De 10 a 60 cm de alto. Tallo: Profusamente ramificado desde la base, a veces con textura harinosa (farinoso). Hojas: Con pecíolos delgados, ovadas o rómbico-ovadas, de 2 a 7 cm de largo por 1 a 5 cm de ancho, irregularmente sinuado-dentadas, con textura harinosa en el envés, sobre todo cuando tiernas. Inflorescencia: En forma de pequeños glomérulos, de cimas o panículas axilares o terminales, mas bien cortas. Flores: Pentámeras, diminutas; perianto de 1 mm de largo, lobulado, los lóbulos harinosos, envolviendo el fruto de manera incompleta. Frutos y semillas: Fruto (un utrículo) envuelto incompletamente por el perianto; pericarpio adherente a la semilla; semilla horizontal, finamente punteada, biconvexa, de 1.5 mm de diámetro, con el borde agudo o atenuado (formando un ángulo menor de 45°). Plántulas: Hipocótilo cilíndrico, de 5 a 17 mm, con pelos; cotiledones de lámina oblongo-lanceolada a lanceolada, de 3.5 a 10 mm de largo y 1 a 3 mm de ancho, sin pelos; epicótilo nulo o cilíndrico; hojas opuestas (Espinosa y Sarukhán, 1997).

Nombre científico: ***Commelina diffusa Burm. f.***

Nombre común: Tripa de pollo

Descripción técnica basada en Rzedowski y Rzedowski, 2001. Hábito y forma de vida: Planta rastrera a ascendente, rara vez erecta, suculenta. Tamaño: Hasta de 50 cm o más de largo. Tallo: Radicante en los nudos inferiores, abundantes, muy ramificados, casi sin pelos, delgados, por lo general de menos de 5 mm de diámetro, tendiendo al color morado. Hojas: Con vainas membranosas, de 0.5 a 1 (1.5) cm de largo por 3 a 4 mm de ancho, margen superior ciliado, persistentes, láminas ovadas a lanceoladas, de 2 a 6 (12) cm de largo por 1 a 2 (3) cm de ancho, agudas en el ápice, redondeadas en la base, con pocos pelos o sin ellos. Inflorescencia: Cimas axilares, con pedúnculos por lo común de 1 a 5 cm de largo, bráctea espatácea de 1 a 2 (3) cm de

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

largo por 5 a 10 mm de ancho, con frecuencia algo curvada sobre todo en el ápice, que es agudo o acuminado, por lo general sin pelos y con las venaciones transversales algo conspicuas o inconspicuas. Flores: Con pétalos azules, de 4 a 6 (10) mm de largo, dos de ellos un poco mayores y de uña relativamente larga, con respecto al tercero que es poco menor y de uña corta; estambres 3, estaminodios 2 o 3; sépalos de 3 a 4 mm de largo. Frutos y semillas: El fruto es una cápsula bivalva, elipsoide, de unos 6 mm de largo, con 4 o 5 semillas de color negro, con marcas en forma de pequeños hoyos, de 2.5 a 4 mm de largo. Raíz: Adventicia, numerosas y fibrosas, cilíndricas, más bien delgadas en la porción cercana a la planta, a veces muy largas, engrosándose en el extremo distal.

Nombre científico: ***Cucurbita foetidissima*** **Kunth**

Nombre común: Calabacilla loca

Descripción técnica basada en Rzedowski y Rzedowski, 2001. Hábito y forma de vida: Hierba perenne de olor desagradable, tendida en el suelo, a veces formando colonias. Tamaño: Los tallos hasta de 6 m de largo. Tallo: Tendido, áspero al tacto, cubierto de cortas protuberancias, a veces con finos pelillos. Hojas: Alternas, correosas, de color verde-grisáceo, triangular-ovadas, de hasta 30 cm de largo (más largas que anchas), puntiagudas, el margen más o menos irregularmente dentado o entero, la base truncada o acorazonada, ásperas al tacto, con pelillos blancos, las venas muy prominentes; los pecíolos estriados, de hasta 20 cm de largo. Zarcillos robustos, divididos en 3 a 5 ramas (la parte basal no dividida de más de 2 cm de largo), estriados, con algunos pelillos. Inflorescencia: Las flores solitarias en las axilas de las hojas. Las flores masculinas sobre largos pedúnculos y las femeninas con pedúnculos cortos. Flores: Masculinas de hasta 12 cm de largo, el cáliz es un tubo (cubierto de pelillos y de diminutas protuberancias) de hasta 2 cm de largo,

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

que hacia el ápice se divide en lóbulos angostos de aproximadamente 1 cm de largo; la corola de hasta 12 cm de largo, es un tubo que hacia el ápice se divide en lóbulos anchos y algo puntiagudos, de color amarillo con numerosas venas de color verde, áspera al tacto, cubierta de pelillos; estambres 3 con las anteras lineares y unidas entre sí formando un cuerpo cónico o cilíndrico. Las flores femeninas son similares a las masculinas, aunque de menor tamaño, el ovario cubierto de pelillos. Frutos y semillas: Los frutos globosos, de hasta 8 cm de diámetro, de color verde oscuro con franjas de color crema o blanco, volviéndose amarillentas al madurar, la pulpa fibrosa. Semillas numerosas, fuertemente comprimidas, ovado-oblongas, de aproximadamente 12 mm de largo. Raíz: La raíz fuerte y profunda, fusiforme. A veces los tallos enraizando en los nudos.

Nombre científico: ***Cynodon dactylon (L.) Pers.***

Nombre común: Zacate bermuda

Descripción técnica basada en Rzedowski y Rzedowski, 2001. Hábito y forma de vida: Hierba perenne. Tamaño: 10 a 30 cm de alto, pero puede tener más de largo, ya que crece con estolones. Tallo: Delgados, glabros, erectos o decumbentes. Hojas: Vainas de 1.5 a 7 cm de largo, generalmente más cortas que los entrenudos, vilosas en el ápice, las inferiores usualmente quilladas, los bordes membranosos, lígulas membranosas, cilioladas, de 0.2 a 0.3 mm de largo, a veces vilosas en el dorso, láminas de 0.5 a 6.5 cm de largo por 1 a 3.5 mm de ancho, aplanadas, en ocasiones dobladas, escabriúsculas (poco ásperas), generalmente vilosas detrás de la lígula y en los márgenes inferiores, ocasionalmente en ambas superficies. Inflorescencia: Espigas (3) 4 a 6, de 1.5 a 6 cm de largo, distribuidas en un verticilo, usualmente radiadas. Espiguilla/Flores: Espiguillas de 2 a 2.8 mm de largo, adpresas en el raquis e imbricadas, verde violáceas, glumas de 1 a 2.3 mm de largo, glabras, la primera falcada (en forma de hoz), la segunda lanceolada; lema de 2 a 2.6 mm de largo, fuertemente doblada y aquillada, sin arista u ocasionalmente con un corto mucrón, pálea glabra tan larga o un poco más corta que la lema; raquilla

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

prolongada, desnuda o llevando una segunda flor masculina o rudimentaria. Frutos y semillas: Cariópsis de perfil fusiforme a elíptico, de 0.9 a 1.5 mm de largo y 0.5 a 0.7 mm de ancho, cuerpo translúcido de color ambarino o cremoso, de textura estriada extremadamente fina (Espinosa y Sarukhán, 1997).

Nombre científico: *Datura stramonium* L.

Nombre común: Toloache común

Descripción técnica basada en Rzedowski y Rzedowski, 2001. Hábito y forma de vida: Hierba robusta. Tamaño: De 30 cm a 1 m de alto. Tallo: Glabrescente (con pelos). Hojas: Con láminas ovadas, de 2.5 a 20 cm de largo por 1 a 18 cm de ancho, ápice agudo, margen sinuado a ligeramente lobado, base atenuada, a veces oblicua, membranáceas, sin pelos, de color verde oscuro en el haz, un poco mas claro en el envés; pecíolos de 1 a 6 (7) cm de largo. Flores: Erectas, sobre pedúnculos de 5 a 10 mm de largo; cáliz tubular, casi cilíndrico, de 1.5 a 5 cm de largo por 0.5 a 1 cm de diámetro con dientecillos de alrededor de 5 mm de largo por 1 a 3 mm de ancho, circuncísil (se abre transversalmente) poco arriba de la base del tubo y cayendo junto con la corola, pero dejando un reborde a modo de collar doblado hacia abajo y que persiste en el fruto; corola blanca o violácea, de 6 a 10 cm de largo, limbo plegado, pentalobado, con los ápices de los lóbulos subulados, de 3 a 8 mm de largo; estambres unidos un poco por debajo de la mitad del tubo de la corola, filamentos de 2.2 a 3.5 cm de largo, anteras de 3 a 5 mm de largo por 1 a 2 mm de ancho; ovario imperfectamente tetralocular, de placentación parietal, estilo simple, de 4 a 5 cm de largo, estigma con dos pliegues (bilamelado), de alrededor de 3 mm de alto y ancho. Frutos y semillas: Fruto en forma de cápsula erecta, ovoide, de alrededor de 4 cm de largo por 2.5 cm de diámetro, dehiscente por 4 valvas, armada con espinas largas y agudas, subyúgales o poco desiguales, hasta de 1 cm de largo; semillas reniformes, aplanadas, de 3 a 4 mm de largo, negras, finamente reticuladas.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Nombre científico: ***Echinochloa colona (L.) Link***

Nombre común: Arrocillo silvestre

Descripción técnica basada en Ackerman et al., 1991; Correll y Johnston, 1970; Gleason y Cronquist, 1991; McVaugh, 1983; Nicora, 1978; Rzedowski y Rzedowski, 2004 y observaciones propias (A. Hanan). 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Nombre científico: *Echinochloa crus-galli* (L.) P. Beauv.

Nombre común: Zacate de agua

Descripción técnica basada en Rzedowski y Rzedowski, 2001. Hábito y forma de vida: Planta anual. Tamaño: De 30 cm a 1 (2) m. Tallo: Erecto o decumbente, glabro, con muchos nudos. Hojas: Vainas glabras, lígula ausente, láminas foliares hasta de 65 cm de longitud y de 0.5 a 3 cm de ancho. Inflorescencia: Panícula de 10 a 25 cm de longitud, erecta o péndula, con tintes de color púrpura, generalmente con 5 a 25 ramas aplicadas o abiertas, las ramas inferiores distantes, hasta de 10 cm de longitud, algunas veces ramificadas, eje principal y ramas de la panícula con pelos firmes, a menudo papilosa en la base, con frecuencia del tamaño de las espiguillas. Espiguilla/Flores: Espiguillas con o sin arista, de 2.5 a 3 (4) mm de longitud y de 1.1 a 2.3 mm de ancho; glumas y lema de la flor inferior variablemente escabrosas, con o sin pelos, la lema con o sin arista, palea membranácea, bien desarrollada; flor fértil coriácea, obtusa o aguda, con una punta membranosa en el ápice. Frutos y semillas: El fruto es un cariopside elíptico, aprox. de 2 mm de largo.

Nombre científico: ***Leptochloa filiformis* (Lam.)**

Nombre común: Zacate liendrilla

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Zacate anual, delgado y gracioso que llega a medir hasta 1.2 m de altura. Son muchos los cultivos que infesta, si bien prefiere aquellos con grandes espacios abiertos como los frutales donde llegan a formar enormes manchones, por ejemplo en el cultivo del banano o de cítricos. Llega a ser más problema en las plantaciones de regiones tropicales. Las hojas son largas y delgadas y sus vainas tienen pubescencia bien visible. Las espiguillas son largas, delgadas, con brazos hasta de 12 cm y se abren en la maduración. Los granos miden 3 mm o menos, lisas. Se le encuentra en toda clase de cultivos, desde el nivel del mar hasta los 1,500 m de altitud.

Nombre científico: ***Eclipta prostrata* (L.) L**

Nombre común: Clavel de pozo

Descripción técnica basada en Stevens et al., 2001. Hábito y forma de vida: Hierba anual o perenne, con pelillos reclinados. Tamaño: De hasta 1 m de alto. Tallo: La base de la planta es rizomatosa. Hojas: Opuestas, elípticas o lanceoladas, de hasta 10 cm de largo y 3 cm de ancho, pero normalmente más pequeñas, angosta hacia la base, ligeramente aserradas en el margen, algo ásperas al tacto. Inflorescencia: Cabezuelas solitarias, sobre cortos pedúnculos ubicados en la punta de los tallos y en las axilas de las hojas. Cabezuela/Flores: Cabezuela: aunque tiene el aspecto de una flor, es en realidad una inflorescencia formada por pequeñas flores sésiles dispuestas sobre un receptáculo plano, provisto en su superficie de brácteas (páleas) muy delgadas, parecidas a cerdas cubiertas de pelillos y que permanecen en el receptáculo después de que han caído los frutos; el conjunto de flores está rodeado por fuera por 8 a 9 brácteas dispuestas en 2 o 3 series no muy evidentes, que constituyen el involucro, éste es cilíndrico o acampanado, las brácteas están estriadas y presentan pelillos reclinados. Flores liguladas 50 o más, femeninas, fértiles, ubicadas en la periferia de la cabezuela, la corola es un tubo en la base y a manera de cinta hacia el ápice de 2 mm, semejando el pétalo de una

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

flor sencilla, de color blanco. Flores del disco en menor número, aproximadamente 1.5 mm, hermafroditas, ubicadas en la parte central, la corola es un tubo que hacia el ápice se ensancha ("garganta") y se divide en 5 lóbulos, también de color blanco; los estambres alternos con los lóbulos de la corola, sus filamentos libres e insertos sobre el tubo de la corola, las anteras son negras y soldadas entre sí formando un tubo alrededor del estilo; el ovario ínfero. El cáliz de ambos tipos de flor se encuentra modificado formando una estructura llamada vilano.

Nombre científico: ***Portulaca oleracea* L.**

Nombre común: Verdolaga

Hierba carnosa, rastrera, a veces algo ascendente, con pocos pelos o sin ellos, de 5 a 40 cm de largo. Tallo a veces rojizo, ramificado, con las ramas extendidas radialmente. Hojas alternas, obovado-cuneadas a espatuladas, de 0.5 a 3 (5) cm de largo, por 0.2 a 1.5 cm de ancho, ápice redondeado o truncado, base cuneada. Flores sésiles, solitarias o agrupadas por pocas, rodeadas por escasos (a veces ningunos) pelos inconspicuos; sépalos ovados a orbiculares, de 2.5 a 4.5 mm de largo y de ancho, algo aquillados; pétalos amarillos, de 3 a 5 mm de largo; estambres 6 a 10, estilo 4 a 6-lobado. El fruto es una cápsula de 5 a 9 mm de largo, circuncísil cerca de la mitad; semillas circulares, rara vez triangulares, comprimidas, color café o negro, granular-tuberculadas, de casi 1 mm de ancho. Hipocótilo cilíndrico, de 6 a 12 mm de longitud, sin pelos; cotiledones de lámina carnosa estrechamente elíptica, de 1.5 a 3.5 mm de largo y hasta 1 mm de ancho, sin pelos; sin epicótilo; hojas opuestas, de lámina elíptica, sin pelos (Espinosa y Sarukhán, 1997).

Nombre científico: ***Rumex crispus* L.**

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Nombre común: Lengua de vaca

Planta herbácea, sin pelos, erguida, de 50 cm a 1.2 m de alto. Tallo con rayas longitudinales, simple o con ramificaciones en la parte superior. Las hojas basales con pecíolos largos, lanceoladas a oblongo-lanceoladas, de 10 a 30 cm de largo, borde frecuentemente ondulado, con la venación manifiesta, las hojas superiores más reducidas. Flores verticiladas y dispuestas en panículas densas, estrechas, alargadas, ascendentes, de 10 a 50 cm de largo, pedicelos florales de 5 a 10 mm de largo, articulados cerca de la base. Flores con tépalos exteriores de 1 mm de largo, segmentos interiores del perianto (en fruto) anchamente ovados a casi orbiculares, subcordados en la base.

Nombre científico: *Eleusine indica* (L.) Gaertn.

Nombre común: **Pata de gallina**

Descripción técnica basada en Rzedowski y Rzedowski, 2001. Hábito y forma de vida: Planta anual. Tamaño: Hasta de 80 cm de alto. Tallo: Erecto o ascendente. Hojas: Vainas foliares comprimidas y aquilladas, glabras o con algunos pelos marginales en la parte superior, lígula en forma de membrana ciliada de más o menos 1 mm de largo, lámina a menudo plegada, hasta de 30 cm de largo y 9 mm de ancho, por lo general glabra, pero con un mechón de pelos en la garganta y a veces con algunos pelos largos en los márgenes cerca de la base. Inflorescencia: Ramas de la inflorescencia (1) 2 a 10 (17), de (3) 6 a 10 (15) cm de largo, dispuestas en forma digitada, pero con frecuencia una o dos se sitúan más abajo. Espiguilla/Flores: Espiguillas de 3 a 7 mm de largo, compuestas de 4 a 9 flores, densamente apiñadas sobre un ráquis angostamente alado o sin alas; primera gluma de 1.5 a 1.8 mm de largo, la segunda de 2 a 3 mm de largo; lema de 2.5 a 4 mm de largo, con las nervaduras laterales prominentes cerca del ápice, pálea un poco más corta que la lema. Frutos y semillas: Cariopsis libres o dispersadas dentro del flósculo, la pared del fruto cae fácilmente. Semilla de 1 a 2 mm de largo y de hasta 1 mm de ancho, surcada y rugosa en la superficie, color café oscuro, café rojizo o café negruzco (Espinosa y Sarukhán, 1997). Plántulas: Coleóptilo

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

oblongo de 2 a 4 mm de largo; en la primera hoja se pueden distinguir dos formas, una en la que la hoja es mayor que las tres subsecuentes y la otra forma tiene un tamaño similar a las subsecuentes, ambas formas de ápice obtuso y sin pelos; en la segunda hoja también hay dos formas, ambas lanceoladas a elíptico-lanceoladas (Espinosa y Sarukhán, 1997).

Nombre científico: ***Sorghum halepense* L.**

Nombre común: **Zacate Jhonson**

Planta perenne, rizomatosa. De hasta 1.50 m. Tallo de 50-1.5 m, más cortos en sitios secos o desfavorables, nudos sin ornamentación o con pelos finos, erecto, hueco. Hojas con Lígula en forma de membrana truncada, ciliada; láminas foliares hasta de 50 cm de longitud, de (0.8) 1.5 a 3 cm de ancho, lineares, con pelos. Panícula hasta de 50 cm de longitud, abierta y libremente ramificada, oblonga u oval, sus ramas ascendentes, las más largas de 7-14 cm de longitud. Espiguilla sésil perfecta, de 4.5 a 5.5 mm de longitud, sin arista o con una delicada, doblada, fácilmente caediza, glumas de la espiguilla sésil anchas, coriáceas (consistencia de cuero), sin nervaduras, brillantes excepto en las puntas, con pelos al menos en los márgenes, del tamaño de la espiguilla; lema y palea delgadas y transparentes, ligeramente menores que las glumas, arista de la lema (de estar presente), de 1 a 1.5 cm de longitud, con la base espiralada, geniculadas (dobladas); espiguilla pedicelada de 5-7 mm de longitud, usualmente estaminada, sin arista, lanceolada, más angosta que la espiguilla fértil, las glumas con nervaduras más prominente. Fruto oculto por las glumas; grano de 2 a 3 mm de longitud. Extensos rizomas horizontales, estoloniformes, largos e invasores

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

Nombre científico: ***Xanthiun pensylvanicum* L.**

Nombre común: Golondrina

Descripción técnica basada en Correll y Johnston, 1970; Stevens et al., 2001. Hábito y forma de vida: Hierba de vida corta. Tamaño: De hasta 50 cm de alto. Tallo: Los tallos principales con hojas reducidas a escamas espiralmente arregladas, y sobre este tallo se encuentran numerosas ramillas caedizas que son las que llevan las hojas bien desarrolladas y las inflorescencias. Hojas: Alternas, ovadas u oblongas, de hasta 1.7 cm de largo, con la base asimétrica, las venas evidentes en la cara posterior, el pecíolo corto con un par de diminutas hojillas triangulares (llamadas estípulas) en la base. Inflorescencia: Una flor femenina pedicelada junto con unas pocas flores masculinas pediceladas y claramente más pequeñas, se agrupan en la axila de cada hoja. Flores: Las flores verdosas, de 5 sépalos; las masculinas con 3 estambres. Frutos y semillas: El fruto es una cápsula de aproximadamente 3 mm de diámetro; semillas verrugosas.

Nombre científico: *Polygonum aviculare* L.

Nombre común: Sanguinaria

Descripción técnica basada en Rzedowski y Rzedowski, 2001. Hábito y forma de vida: Hierba anual, extendida a ascendente.Planta sin pelos. Tamaño: De 20 a 40 cm, pero a veces hasta de 1 m de largo. Tallo: Delgado, con rayas longitudinales, rastrero o ascendente, con frecuencia muy ramificado; ócreas membranosas, hialinas, partidas en forma irregular, unidas a los cortos pecíolos que están unidos con las láminas. Hojas: Con láminas lanceoladas o casi oblongas, de 1 a 4 cm de largo por 0.3 a 1 cm de ancho, generalmente agudas tanto en el ápice como en la base. Inflorescencia: Flores axilares, solitarias o agrupadas en fascículos hasta de 6 flores cortamente pediceladas. Flores: Brácteas en forma de embudo, bifurcadas o partidas en forma irregular en la punta, perianto de 2 a 3 mm de largo, verde con los bordes blancos o rojizos, de 5 divisiones unidas en la base; estambres generalmente 8, no sobrepasan el perianto. Frutos y semillas: El fruto es un aquenio triangular, rodeado del perianto,

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

de 3 mm de largo y hasta 1.7 mm de ancho, superficie del aquenio lustrosa, punteada, de color café rojizo o café ambarino. Plántulas: Hipocótilo de 5 a 12 mm de largo, sin pelos; cotiledones sésiles, lineares de 4 a 8 mm de largo y hasta 1 mm de ancho, sin pelos; epicótilo nulo o de hasta 1 mm; hojas alternas (Espinosa y Sarukhán, 1997).

Nombre científico: *Rumex pulcher* L.

Nombre común: Lengua de vaca cimarrona

Descripción técnica basada en Correa, 1984; Correll y Johnston, 1970; Gleason y Cronquist, 1991; Rzedowski y Rzedowski, 2001 y observaciones propias (A. Hanan). Hábito y forma de vida: Hierba perenne, erguida, delgada, sin pelos. Tamaño: De 30 a 60 cm de alto. Tallo: Con ramificaciones extendidas. En el lugar donde nace cada hoja y rodeando al tallo y a veces la base del pecíolo, se encuentra la ócrea, que es un tubo membranoso, translúcido, que se rompe y destruye pronto. Hojas: Alternas, las basales son oblongas, a veces angostándose cerca de la base (como la forma de un violín), de hasta 12 cm de largo, con la base generalmente acorazonada y el margen algo ondulado, sobre largos pecíolos, las hojas superiores más chicas y con la base redondeada. Inflorescencia: Las flores se disponen en grupitos compactos, algo alejados unos de otros, a lo largo de racimos que en conjunto forman una panícula grande en la que se presentan unas pocas hojas reducidas. También se presentan estos grupitos de flores en las axilas de las hojas superiores. Flores: Verdosas o rojizas, muy pequeñas. Frutos y semillas: El fruto es seco (un aquenio) y de una sola semilla, con 3 costillas, liso, envuelto por 3 hojillas (son los 3 tépalos internos de las flores que se han modificado), triangular, a veces largamente triangular, reticulado, con largos dientes

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

en el margen y con un tejido grueso, prominente, blanquecino, muy evidente; en conjunto da la apariencia de un fruto alado.

Nombre científico: *Sonchus oleraceus* L.

Nombre común: Lechuguilla común

Descripción técnica basada en Rzedowski y Rzedowski, 2001. Hábito y forma de vida: Hierba anual o a menudo persistiendo por más tiempo. Cuando sus tejidos se cortan se observa un exudado lechoso. Tamaño: De hasta 1.2 (2) m de alto. Tallo: Cilíndrico, hueco, frecuentemente rojizo, erecto, más o menos ramoso, glabro o con pelos glandulosos estipitados conspicuos. Hojas: Muy variables en forma y tamaño, por lo general profundamente pinnatisectas, con frecuencia con una base parecido a un pecíolo alado, las hojas del tallo casi siempre con aurículas más o menos prominentes y agudas, hasta de 40 cm de largo, más bien esparcidamente denticulado-espinulosas en el margen, las superiores indivisas, más cortas y más anchas. Inflorescencia: Cabezuelas agrupadas en conjuntos corimbiformes sobre pedúnculos hasta de 5 cm de largo, a menudo densamente blanco tomentosos debajo de la cabezuela; involucro campanulado, sus brácteas 25 a 35, lanceolado-subuladas, las más largas de 10 a 12 mm de longitud, glabras blanco-tomentosas y a menudo con uno o varios pelos glandulosos conspicuos; receptáculo plano. Flores: Cabezuelas con 100 a 200 flores, corolas por lo común amarillas, de 10 a 13 mm de largo, la lígula más o menos de la misma longitud que el tubo. Frutos y semillas: Aquenio comprimido, oblanceolado, de 2.5 a 4 mm

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

de largo, más o menos conspicuamente costillado, por lo general rugoso o tuberculado, glabro, café, vilano ± 100 cerdas blancas, de 5 a 9 mm de largo. Plántulas: Hipocótilo de hasta 20 mm, sin pelos; cotiledones de lámina aovada o ampliamente elíptica, de 3 a 6 mm de largo y 1.5 a 2.5 mm de ancho, sin pelos; epicótilo de 0.5 a 1.5 mm de largo, sin pelos; hojas alternas (Espinosa y Sarukhán, 1997).

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).

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 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.

© 2011 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

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 Sinaloa 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 Sinaloa, el Campo experimental CIRNO-CEVACU del INIFAP recomendó los siguientes tratamientos:

Malezas de hoja ancha: Se seguiere utilizar 2.4-D en dosis de 0.75 L de material comercial por hectárea. En maleza menor de 12 cm, la aplicación se realiza 10 a 15 días después de la germinación.

Gramíneas y malezas de hoja ancha: De 10 a 15 días despúes de la germinanción del maíz, se puede aplicar por kilograno de Atrazina 500 g de I.A., 0.5 L de 2,4-D. Al momento de la siembra también se puede aplicar de dos a tres kilogramos de Atrazina; la dosis baja es para suelos ligeros y la alta para suelos arcillosos.

Tabla 27. Manejo de malezas en la Zona Agrícola de Sinaloa. (Adaptada de: Campo Experimental INIFAP-CIRNO-CEVACU, 2009)[106]

Herbicida	Total M.C./ha	En banda de 30 cm M.C./ha	Época de aplicación
Atrazina + terbutrina	2 a 3 kg	0.7 a 1 kg	Preemergencia, a la siembra
Atrazina	2 a 3 kg	0.7 a 1 kg	Preemergencia, a la siembra
2,4-D	0.75 L	0.4 L	Posemergencia, y la maleza de hoja ancha a una altura máxima de 12 cm
Atrazina + 2,4-D	1 kg+0.5 L	0.4 kg + 0.2 L	Posemergencia, y la maleza a una altura máxima de 12 cm

[106] http://www.fps.org.mx

© 2011 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-IR604-5 x MON-ØØØ21-9 cuenta con Autorización Sanitaria expedida por la Secretaría de Salud, a través de la Comisión Federal para la Protección contra Riesgos Sanitarios. Además, 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 el evento parental SYN-IR604-5, la autorización se otorgó el 8 de Octubre de 2007; y para MON-ØØØ21-9, el 24 de Mayo de 2002[66] . 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-IR604-5 x MON-ØØØ21-9.

VIII. La propuesta de vigencia para el permiso y los elementos empleados para determinarla

Se propone que la vigencia del permiso solicitado sea por un año, iniciando en el ciclo OI-2011 para llevar a cabo la siembra en los sitios propuesto dentro del polígono de liberación (ver Figura 29) del Estado de Sinaloa, contemplando actividades desde la importación de la semilla hasta la destrucción del producto de la cosecha, disposición final de los productos del ensayo (incluyendo el transporte interestatal si fuera necesario) y monitoreo poscosecha. En Sinaloa se siembra entre Octubre y finales de Enero, 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 de Junio-Julio [107], sin embargo se deben contemplar los factores abióticos para que la siembra y cosecha se pueda dar en la época usual.

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.

[107] Visitar: http://www.inifapcirne.gob.mx/Biblioteca/Paquetes/110.pdf

© 2011 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 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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

Campo Experimental Valle de Culiacán. 2003. Guía para la asistencia técnica agropecuaria para el área de influencia del Campo Experimental Valle de Culiacán. INIFAP-CIRNO. Agenda Técnica. Quinta Edición. Culiacán Sinaloa, México. 214 p. Disponible en: https://intranet.inifap.gob.mx/infoteca/inifap/Multisector/Libro213.pdf

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 Sinaloa". Escala de impresión 1: 1 850000 . 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 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)

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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

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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

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).

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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

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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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

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 : *Chrysopida*e). 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.

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.

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.

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.

© 2011 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

© 2011 Syngenta Agro S.A. de C.V. y Syngenta Seeds, Inc. Todos los derechos reservados.