

Gossypium hirsutum L.



Gossypium hirsutum. De izquierda a derecha: hoja *Normal* de la planta de algodón; fibra blanca; flor en antesis; glándulas de gossipol en la lámina de la hoja; fibra café; flor cerrada; nectario foliar; diferencias en el tamaño de los frutos; fibra procesada.

Responsable de la propuesta: Dra. Ana Laura Wegier Briuolo
Corresponsables: Biol. Valeria Alavez Gómez y Biol. Melania Vega Angeles
Laboratorio de Genética de la conservación, Jardín botánico del Instituto de biología de la
Universidad Nacional Autónoma de México.
Tercer circuito exterior s/n, Ciudad Universitaria, Coyoacán, 03200, Ciudad de México. Oficina
56228986/ Laboratorio 56228222 ext. 46880
awegier@gmail.com / awegier@ib.unam.mx

 **Nombre científico válido (citando la autoridad taxonómica), los sinónimos más relevantes y nombres comunes de la especie que se propone incluir, excluir o cambiar de categoría en la lista de especies en riesgo y motivos específicos de la propuesta.**

Nombre científico: *Gossypium hirsutum*, Linnaeus, 1763.

Clasificación taxonómica:

Reino: Plantae

Subreino: Viridiplantae

Infrareino: Streptophyta

Superdivisión: Embryophyta

División: Tracheophyta

Subdivisión: Spermatophytina

Clase: Magnoliopsida

Superorden: Rosanae

Orden: Malvales

Familia: Malvaceae

Género: *Gossypium* L.

Especie: *Gossypium hirsutum* L.

Nombres comunes: Musá (Chinanteco) / Rü musa (Cora) / Algodoncillo, Algodón silvestre, Algodonero, Algodón cimarrón, Algodón amarillo (Español) / Tamán (Lacandón) / Taman, Taman ch'up (Maya) / Algodón coyuche, H-taman, Piits' (ND) / Ichcaxihuitl, Ixcatl, Ixcaxihuitl (Náhuatl) / Móoj (Seri) / Shuruata, Suruata, Xuruata (Tarasco) / Ichcalchishit, Panamác (Totonaco) / Xiaa (Zapoteco) / upland cotton (inglés)

Sinónimos relevantes:

Gossypium purpurascens Poir.

Gossypium mexicanum Tod.

Gossypium hirsutum var. *hirsutum* L.

Gossypium hirsutum var. *marie-galante* (Watt) Hutch.

Gossypium hirsutum var. *punctatum* (K. Schum. & Thonn.) Roberty

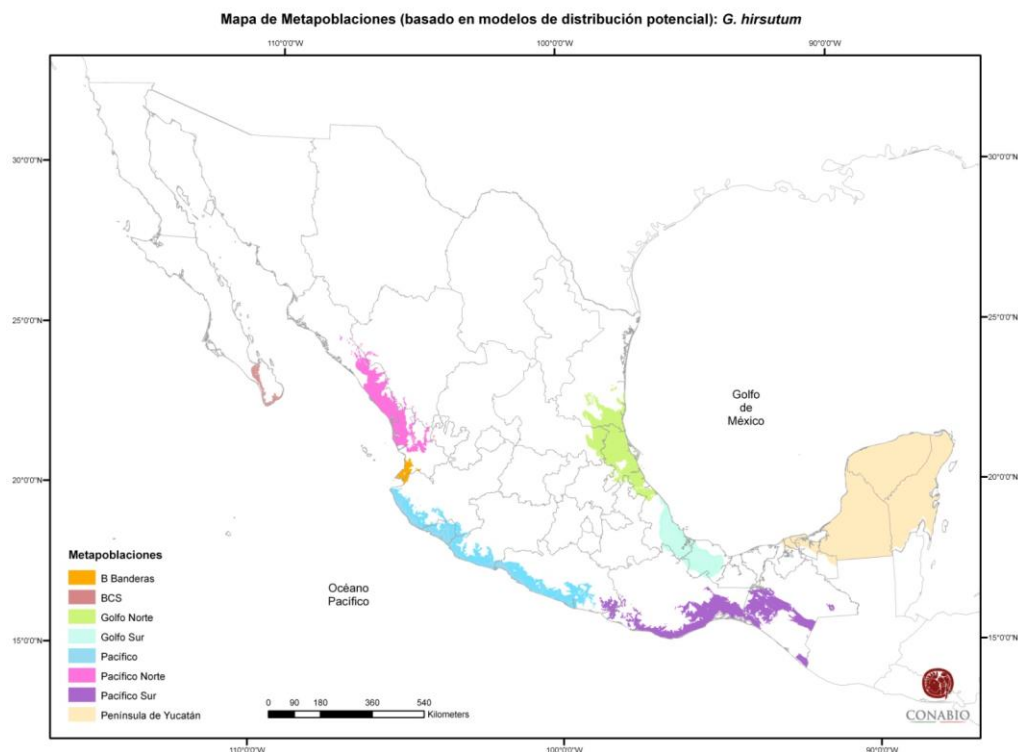
Gossypium herbaceum auct. non L.

Gossypium nervosum Watt

Gossypium punctatum Schumach.

La diversidad de la especie y su hábitat se encuentran amenazados por el cambio de uso de suelo de las dunas costeras y selvas bajas, debido al crecimiento de zonas turísticas, ganaderas y expansión de la frontera agrícola y urbana. Aunado a esta problemática, las plantas domesticadas con poca diversidad genética tienen flujo génico con las poblaciones silvestres (Wegier et al 2011), con posibles consecuencias morfológicas (las plantas domesticadas presentan caracteres florales más grandes, Peña 2015), fisiológicas (diferentes tiempos de latencia y sincronía en la germinación, Peña 2015) y genéticas (introgresión de transgenes con propiedades insecticidas que además afectan las interacciones en el ecosistema, Wegier 2013, Pérez 2015 y Benítez 2014). Los análisis demográficos indican que de siete poblaciones analizadas, sólo una está en crecimiento, dos se mantienen constantes, mientras que otras tres decrecen en mayor o menor medida (Wegier et al., 2025). Por lo tanto, diversos estudios demuestran la vulnerabilidad de la especie y su hábitat. Finalmente, el análisis de la metodología de evaluación del riesgo, con la que se propone la inclusión de *Gossypium hirsutum* dio como resultado la categoría de **Amenazada**.

 Mapa del área de distribución geográfica de la especie (se incluye igualmente en el Anexo Normativo II).



 **Justificación técnica científica de la propuesta que incluya al menos los siguientes puntos:**

- a) **Análisis diagnóstico del estado actual que presentan la población o especie y su hábitat; esta diagnosis debe definir los métodos utilizados para desarrollarla y debe incluir los antecedentes del estado de la especie y su hábitat o, en su caso, de la población, que son el motivo de la propuesta.**

El diagnóstico de las poblaciones de *G. hirsutum* se presenta con dos perspectivas diferentes. En la primera se explica el análisis de la estructura genética, geográfica y ecológica con las que se determina que las metapoblaciones de algodón presentan un patrón de migración a larga distancia, histórico y reciente, teniendo como consecuencia final la presencia de transgenes en el 50% de las poblaciones silvestres, mediante la **(I) síntesis del artículo “Recent long-distance transgene flow into wild populations conforms to historical patterns of gene flow in cotton (*Gossypium hirsutum*) at its centre of origin”** que dio a conocer estos resultados en la revista *Molecular Ecology*, en 2011. La segunda es el **(II) Análisis demográfico de *Gossypium hirsutum* silvestre en México** (Wegier et al. 2015) realizado durante el “Programa para la conservación de las poblaciones de *Gossypium* en México”.

I. Síntesis del artículo “Recent long-distance transgene flow into wild populations conforms to historical patterns of gene flow in cotton (*Gossypium hirsutum*) at its centre of origin” (omitiendo las figuras, metodología, resultados y materiales suplementarios).

Los complejos entre las plantas cultivadas y sus parientes silvestres en sus centros de origen de cultivos y/o diversidad son buenos modelos biológicos para comprender diversas preguntas sobre las dinámicas ecológicas y evolutivas que los afectan, en concreto la dinámica del flujo de genes (por ejemplo, del maíz al teocintle, Baltazar et al., 2005; Ellstrand et al., 2007; en la familia del betabel, Bartsch et al., 1999; Viard et al., 2004; Fénart et al., 2007; Arnaud et al., 2009; o las especies del género *Brassica*, Jørgensen y Andersen, 1994; Snow et al., 1999).

El flujo genético puede tener un impacto dramático en la estructura genética de las

poblaciones (Ehrlich y Raven 1969) ya sea histórico o reciente, con transgenes u otros elementos genéticos, puede limitar la diferenciación de la población por homogeneización de la reserva genética (Slatkin 1987). Los patrones históricos de flujo de genes puede deducirse de redes que conectan los haplotipos a través de pasos mutacionales, correlacionando su origen con su distribución actual y contribuir a la diferenciación entre polimorfismos ancestrales y migración. Esta distinción es particularmente útil en el análisis de especies que han diversificado o divergido muy recientemente (Londo et al., 2006). Por otro lado, *Popgraph* aplica herramientas generadas en la genética del paisaje que permiten la diferenciación entre fenómenos que subyacen la diferenciación genética entre las poblaciones (Dyer y Nason 2004), el aislamiento por distancia (cuando las poblaciones más cercanas genéticamente también lo son geográficamente y la diferenciación va creciendo al aumentar la distancia) y las migraciones a larga distancia (cuando la dispersión está limitada por barreras físicas o biológicas, no por la distancia misma, y por lo tanto, no hay una correlación entre la distancia genética y la geográfica). Estos enfoques incorporan información geográfica para evaluar la contribución del espacio físico en la estructuración de la diversidad genética (Dyer 2009; Manel et al., 2003).

Si bien la estimación del flujo de genes es fundamental para analizar la estructura genética de las poblaciones, esto debe ser complementado con una evaluación de las dinámicas ecológicas que afectan a los patrones naturales de flujo de genes y, por tanto, la evolución de una especie determinada (por ejemplo, Paetkau 1999; Palstra et al., 2007).

Las metapoblaciones son ensamblajes de las poblaciones existentes en un equilibrio entre extinción, colonización y recolonización (Levins 1969; Hanski y Gaggiotti 2004 y sus referencias). El concepto de metapoblación en plantas es restrictivo a los siguientes criterios (Hanski 1998; Freckleton y Watkinson 2002): 1) los hábitats adecuados de la metapoblación son parches separados espacialmente; 2) todos los parches pueden extinguirse, pero no al mismo tiempo; y 3) la recolonización de cada parche después de la extinción local es posible (Honnay et al., 2009). En este trabajo se ha documentado la estructura metapoblacional del algodón (*Gossypium hirsutum*) en México, lo que tiene amplias repercusiones en su manejo y conservación.

Dada la distribución de las poblaciones silvestres y cultivadas de *Gossypium hirsutum* en su centro de origen y diversidad (México), así como la reciente liberación de variedades de algodón transgénico, nos encontramos con un sistema modelo apropiado para abordar el papel de la dinámica metapoblacional sobre la estructura genética con flujo genético histórico y reciente. El germoplasma de algodón cultivado actual se originó en Mesoamérica, donde fue semidomesticado en tiempos prehispánicos (Valle de Tehuacán, México, fechado en torno a 5500-

4300 AP, Smith y Stephens 1971). En varios estudios se utilizaron datos aloenzimas y RFLP para identificar posibles lugares de domesticación del algodón y para evaluar la diversidad genética (Wendel y Albert 1992; Brubaker y Wendel, 1994), pero necesitamos más información en la que se analice la variación en toda la distribución de algodón silvestre y conocer la contribución del flujo de genes sobre la estructura genética. Estas cuestiones son de especial importancia si tenemos en cuenta la importancia económica de las actuales variedades de algodón cultivadas, que son la fuente más importante de fibra natural y la tercera fuente de aceite vegetal en el mundo (FAOSTAT, 2009). El algodón es una especie que puede auto-polinizarse (McGregor 1976), por lo tanto, el flujo de genes se produce principalmente a través de la dispersión de semillas, que puede tener lugar en distancias largas, dado que sus semillas tienen la capacidad de resistir el agua salina (Stephens 1966) y también puede ser dispersadas por las aves, el agua dulce y el viento (observaciones personales). Sin embargo, la polinización cruzada puede ser más común de lo que se pensaba y depende de las condiciones ambientales (Stephens & Finkner 1953, Simpson 1954, McGregor 1976). Estos fenómenos deben tratarse con mayor atención, en particular, la dispersión de semillas a través del viento y de los medios antropogénicos, ya que pueden representar un medio importante para el del flujo de genes, sobre todo en los países que albergan poblaciones silvestres, variedades no GM y GM. En México, el algodón transgénico ha sido sembrado en un creciente número de hectáreas desde su aprobación (1996), y para 2009, sumaban ya 172.000 (SAGARPA, 2010). A pesar de la gran extensión del cultivo de algodón transgénico, la dispersión de transgenes no había sido evaluada hasta esta investigación.

Dada la compleja historia del género *Gossypium* y su capacidad para la migración a larga distancia, en este trabajo se estudia si las barreras geográficas han afectado el flujo de genes entre poblaciones silvestres de *G. hirsutum*, lo que resulta en una estructura genética que no se ajusta al modelo de aislamiento por distancia. Como un medio para estudiar la cuestión anterior, se evalúa la estructuración geográfica de las poblaciones de *G. hirsutum* en México, se presenta el área de distribución potencial y se propone una estructura de metapoblación. Con el fin de complementar el análisis anterior, documentamos el flujo de genes a partir de datos históricos con microsatélites de cloroplasto en una red de haplotipos y en otra de poblaciones. Por último, para evaluar si los últimos modelos de flujo de genes se ajustan a las inferencias históricas, utilizamos transgenes como marcadores recientes.

1.1 Discusión

Este estudio demuestra que el flujo de genes presenta un modelo de migración a larga distancia

entre las poblaciones silvestres *G. hirsutum*, tanto históricamente como recientemente. Los análisis sugieren que las barreras geográficas pueden ayudar a mantener la estructura genética, pero no lo suficiente para impedir la migración entre las poblaciones. Por otra parte, esta estructura podría ser exacerbada por la dinámica ecológica metapoblacional que se propone.

1.1.1 Metapoblaciones de algodón: distribución actual, la dinámica ecológica y el cambio de uso del suelo. Basándonos en los estándares cualitativos y coherentes con los criterios de delimitación presentadas por otros estudios (Hanski 1998; Freckleton y Watkinson 2003; Honnay et al., 2009), en este trabajo se propone la existencia de ocho metapoblaciones distintas de algodón silvestre en México: 1) Metapoblación Baja California Sur (Sur de Baja California Sur; MBC); 2) Metapoblación Pacífico Norte (Centro y Sur de Sinaloa y Norte de Nayarit; MPN); 3) Metapoblación Golfo Norte (Norte de Veracruz, Este de San Luis Potosí y Sur de Tamaulipas; MGN); 4) Metapoblación Bahía de Banderas (Suroeste de Nayarit y Noroeste de Jalisco; MBB); 5) Metapoblación Golfo Sur (Centro y Sureste de Veracruz; MGS); 6) Metapoblación Pacífico Sur (Sureste de Guerrero, línea costera de Oaxaca, Centro Oeste, Centro y Sur de Chiapas; MPS); 7) Metapoblación Pacífico Centro (línea costera del Centro y Sur de Jalisco, Colima, Michoacán, Noroeste y Centro de Guerrero; MPC) y 8) Metapoblación Península de Yucatán (Quintana Roo, Yucatán, Campeche, Noreste y Este de Tabasco; MPY). Esta dinámica podría verse favorecida por el hecho de que el 55% de las poblaciones viven en áreas perturbadas, lo que sugiere, de acuerdo a Fryxell y colaboradores (1979), en "evaluaciones previas de las poblaciones de algodón silvestre", que un proceso de alteración del hábitat debido a las perturbaciones humanas y otros procesos abióticos (cambios de uso del suelo, así como los huracanes y las tormentas tropicales) han ocurrido y dado forma al hábitat de la especie a lo largo de las costas del Pacífico y del Golfo de México. La supervivencia de estas poblaciones en áreas perturbadas probablemente está relacionada con la capacidad de la especie a crecer en sitios con baja cobertura vegetal y alta exposición solar, hábito perenne, madurez sexual durante el primer año de vida, poblaciones compuestas de plantas en diferentes etapas de vida, así como la dispersión a larga distancia de las semillas. Sin embargo, aunque las perturbaciones favorecen en algunos casos el crecimiento de las poblaciones, también podrían conducir a la extinción de las mismas sin posibilidad de re-colonización, especialmente en escenarios de cambio extremo en el uso del suelo, como la pérdida del hábitat por la construcción de desarrollos turísticos que abarcan grandes extensiones de territorio. Este podría ser el caso de la región costera del Golfo de México (Metapoblaciones Golfo Norte y Golfo Sur (en el artículo GNM y GSM, por sus siglas en Inglés), que ha sido objeto de cambios en el uso del suelo debido a la agricultura, áreas de

pastoreo y desarrollos urbanos. Lo que puede explicar las pocas poblaciones e individuos encontradas en esta región.

Mientras que las dinámicas ecológicas actualmente son afectadas por las actividades humanas, la estructura genética encontrada sólo se puede explicar en el tiempo evolutivo. El modelado del nicho ecológico de poblaciones de *G. hirsutum* en México se basó en datos reales obtenidos a partir de poblaciones silvestres de algodón, lo que confiere una entrada más precisa para los algoritmos de inferencia de distribución como GARP, a diferencia de los estudios anteriores en los que se infiere la distribución de esta especie pero utilizando registros de algodón cultivado (Rogers et al. 2007).

1.1.2 Flujo de genes entre metapoblaciones y cultivares de algodón. Para evaluar el flujo de genes histórico, se utilizaron microsátélites del cloroplasto (alelos heredados vía materna) para detectar el flujo de genes a través de la migración histórica de las semillas. Nuestros datos sugieren migración a larga distancia y son consistentes con las observaciones anteriores (Stephens 1958, Wendel 1989, Wendel y Albert de 1992, Andersson y de Vicente 2010). Curiosamente, al evaluar el flujo reciente utilizando transgenes como marcadores en poblaciones silvestres *G. hirsutum*, nos encontramos con altas tasas de migración ($m = 66/270 = 0.24$), pero esto no parece ser debido a la migración de semillas, ya que sólo 15.9 % de las plantas que fueron positivas para la presencia de las proteínas recombinantes tiene el haplotipo del algodón domesticado (haplotipo 2). Esta observación podría implicar una primera migración a larga distancia de las semillas, su posterior crecimiento y floración, y necesariamente el entrecruzamiento o flujo secundario de estas plantas con las poblaciones silvestres. Posteriormente, los transgenes se insertados en el genoma nuclear y pueden dispersarse tanto a través del polen o semillas (explicando que el 84.1 % de las plantas positivas presente haplotipos exclusivamente silvestres).

Como el algodón fue domesticado hace siglos, el flujo de genes entre antiguos cultivares domesticados y sus parientes silvestres podrían haber ocurrido históricamente, probablemente a través de la dispersión de semillas, favorecido por las actividades humanas y los fenómenos ambientales. Así, algunos de los patrones genéticos observados podrían ser el producto de tales eventos ancestrales que conducen el flujo de genes. No obstante, en el supuesto de que la estructura genética observada se ve afectada por los acontecimientos históricos del flujo de genes entre el algodón cultivado y silvestre, se repitió el análisis de haplotipos eliminando al haplotipo 2 (el único haplotipo en las muestras de algodón cultivado) y no se encontraron cambios significativos con respecto a la estructura reportada aquí (datos no mostrados). La red de haplotipos que hemos presentado nos ha ayudado a distinguir polimorfismos ancestrales de los

recientes acontecimientos de flujo génico. Además, todas las aproximaciones se han complementado con la estimación del flujo reciente de genes utilizando como marcadores a los transgenes en poblaciones existentes de algodón silvestre (Fig. 4 del artículo).

1.1.3. Los transgenes en metapoblaciones de algodón silvestre. Los rasgos que se han introducido mediante ingeniería genética a las variedades de algodón incluyen la resistencia lepidópteros (*Cry1Ab/Ac*, *Cry2Ac*, *Cry1F* y *vip3A*), tolerancia a los herbicidas (CP4-EPSPS), y resistencia a los antibióticos (*PAT / Bar*, *nptII* y *aph4*). Usando estos rasgos, solos o en diferentes combinaciones, se han modificado variedades de algodón que han sido liberadas al medio ambiente desde 1996 (Traxler y Godoy 2004). Quince años después de la introducción de variedades de algodón transgénico en México, se ha documentado la presencia de proteínas recombinantes en las poblaciones silvestres de algodón en su centro de origen y diversidad. Analizamos la presencia de las proteína recombinantes con los kits ELISA disponibles en México. Estos nos han permitido detectar 18 de 21 eventos aprobados (CERA, 2010) entre los individuos de las poblaciones silvestres de algodón. Los eventos restantes indetectables (3) han sido poco sembrados en el país. Es importante subrayar que las combinaciones de las proteínas recombinantes detectadas difieren entre metapoblaciones. Esto sugiere que las combinaciones han sido el resultado de múltiples eventos de flujo de forma independiente. En el caso de las semillas positivas para transgenes que albergan el haplotipo presente en el algodón cultivado (2), podríamos estar detectando las plantas de algodón GM escapadas que se han dispersado en hábitats adecuados para la sobrevivencia pero que no permiten el desarrollo morfológico “normal” de planta cultivada. Este último caso podría ser frecuente en las metapoblaciones Pacífico Norte y Golfo Norte, porque el algodón GM se cultiva muy cerca o incluso dentro de su área.

En el artículo se analizan las proteínas recombinantes encontradas en las poblaciones y los eventos comerciales aprobados para su cultivo en México, así como las combinaciones encontradas que no son de venta comercial y sus posibles causas. Estas combinaciones transgénicas no se pueden explicar como principales eventos de flujo génico, ya que no están presentes con esa configuración en las líneas de algodón GM actualmente disponibles. Este es el caso de una semilla de la metapoblación Golfo Norte que expresa las cuatro proteínas recombinantes analizadas. Este hallazgo sugiere que la recurrencia de eventos de flujo de genes y apilamiento de genes podría haber ocurrido en esta metapoblación. En contraste, algunas semillas de las metapoblaciones Pacífico Norte y Pacífico Sur sólo expresan la proteína *Cry2Ac*, la cual no se comercializa de forma individual. Este fenómeno podría implicar la segregación independiente de los transgenes o, alternativamente, silenciamiento transcripcional o post-transcripcional de los

genes con los que está disponible comercialmente (*Cry1Ab/Ac* y *CP4-EPSPS*). A fin de distinguir entre estas hipótesis, es necesario realizar análisis con ADN de las semillas y de las plantas madre.

Nuestros datos confirman que el flujo génico a larga distancia es posible en su centro de origen y diversidad. Sin embargo, el flujo de genes se favorece no sólo por factores biológicos como los mencionados anteriormente, sino también, por la intervención humana y la dinámica agrícola (Dyer et al., 2009). Algunas otras prácticas también pudieran ocasionarlo, como la dispersión accidental de semillas de algodón destinadas a la alimentación animal (hemos observado su transporte en diversas partes de México y desde los EE.UU. hacia el centro-sur de México). Tampoco puede descartarse la dispersión de semillas transgénicas de sitios no autorizados para su cultivo, ya que no hay un marcador visual que permita distinguir la segregación de las semillas GM o la diferenciación de los productores de algodón. Estos fenómenos se producen porque las semillas que están separadas de su fibra se venden como alimento para animales sin ser previamente trituradas en una "torta". Este escenario sucede porque se le presta poca atención a la semilla viable una vez separada de la fibra. Dados los patrones documentados, los estudios futuros deben abordar los posibles escenarios que se pueden esperar en términos del flujo transgénico y la acumulación de transgenes en las poblaciones silvestres, así como las consecuencias que su presencia pudiera tener en el centro de origen y diversidad del algodón, como se ha documentado en el caso del maíz en México (Piñeyro-Nelson et al., 2009; Dyer y Taylor, 2008).

El flujo de transgenes debe haber ocurrido principalmente a través de una migración primaria de las semillas y un evento secundario de polinización cruzada. Sólo en los casos en donde la distancia es muy corta se espera la polinización cruzada entre cultivares y plantas silvestres. En este estudio no encontramos una correlación entre la presencia del transgén y la pérdida de diversidad genética. Sin embargo, para explorar si la presencia de transgenes podría tener consecuencias en las poblaciones silvestres de algodón, se requieren estudios a largo plazo. En general, este estudio demuestra que los análisis basados en ELISA son útiles para evaluar la presencia de transgenes en metapoblaciones de algodón silvestre. Sin embargo, los estudios futuros también deben considerar métodos basados detección de ADN para corroborar los resultados, así como la determinación de los acontecimientos

II. Análisis demográfico de *Gossypium hirsutum* silvestre en México

A continuación se describe la metodología y resultados más relevantes del estudio demográfico realizado en las metapoblaciones de algodón silvestre en México.

2.1 Metodología

2.1.1 Salidas al campo y colecta de datos. Se realizaron salidas al campo durante el 2010 y 2013 en seis de las ocho metapoblaciones de algodón silvestre en México, las cuales fueron (entre paréntesis se señala la(s) fecha(s) de colecta): Baja California Sur (julio de 2011 y agosto de 2012), Pacífico Norte (enero de 2013), Bahía de Banderas (enero de 2012 y 2013), Pacífico Centro (julio de 2010 y agosto de 2012), Pacífico Sur (julio de 2010, junio de 2012 y febrero de 2013) y Península de Yucatán (enero de 2011 y marzo de 2013).

2.1.2 Análisis de datos. Se realizó una base de datos con toda la información colectada en campo, en donde se especificó la metapoblación, localidad, referencia geográfica, fecha de muestreo, cantidad de individuos medidos y no medidos (incluyendo adultos, juveniles y plántulas), medidas tomadas por individuo, cantidad de órganos reproductivos (flores y frutos) encontrados, y observaciones relevantes.

En cada sitio se registró el número de individuos (n), el diámetro basal del tronco principal, el número de flores, frutos y semillas de cada individuo. El número de semillas se estimó a partir un conteo con fibra colectada durante los muestreos correspondientes. Para Pacífico Norte, se hizo un promedio de semillas por fruto para cada categoría. En el caso de las metapoblaciones de Baja California Sur, Bahía de Banderas, Pacífico Sur y Península de Yucatán se hizo un promedio general de semillas por fruto. Los datos de semillas en Pacífico Centro se obtuvieron de otras plantas de las mismas localidades.

Se calculó la tabla de vida para cada metapoblación, así como una tabla de vida general en donde se conjuntaron todas las metapoblaciones para observar la tendencia de las poblaciones silvestres de algodón en México. Cada metapoblación se estructuró con base en 10 categorías de tamaño considerando el diámetro basal del tronco principal de las plantas, más una categoría inicial que indica el número estimado de semillas que se producen. La amplitud de la primera categoría de tamaño fue más amplia (25.8 mm) que las categorías subsecuentes (9.99 mm), esta práctica es común en el estudio demográfico de las plantas (e.g., Leverich y Levin, 1979; Godínez-Álvarez y Valiente-Banuet, 2004) con la finalidad de obtener una reducción continua en el número de individuos conforme avanzan las categorías de tamaño y reducir problemas en los cálculos.

El número de individuos de cada categoría de tamaño se determinó con el número de organismos totales que se registraron para cada metapoblación, es decir, considerando todos los registros de las diferentes colectas realizadas en un mismo sitio.

En la tabla de vida se calcularon los siguientes parámetros: supervivencia de los individuos (l_x), mortalidad (d_x), tasa de mortalidad por categoría (q_x) y tasa de supervivencia específica (p_x). Para estimar la fecundidad (f_x) de cada categoría de tamaño, se multiplicó el número de semillas promedio por fruto, por el número frutos y flores de los individuos; y con éste se calculó la tasa reproductiva neta (R_0) (Lemos et al., 2005).

Se construyeron las matrices con 11 categorías de tamaño para cada metapoblación y una general, con la finalidad de hacer la proyección poblacional iterando la matriz de Lefkovitch con el vector de número de individuos por categoría (n_x). Las iteraciones se detuvieron hasta alcanzar una tasa finita de crecimiento poblacional (λ) constante, y posteriormente se calculó la tasa intrínseca de crecimiento poblacional (r) (Lemos et al., 2005). Asimismo se realizaron los análisis de elasticidad y sensibilidad de las diferentes matrices con base en el manual de Lemos et al. (2005)

2.2 Resultados y discusión

La gran cantidad de semillas (en todas las metapoblaciones y a nivel general) es un reflejo de que los algodones silvestres invierten gran parte de sus recursos energéticos en su reproducción, con el fin de compensar la baja supervivencia que presentan en las etapas tempranas. Este comportamiento se ajusta a la historia de vida de las plantas ruderales (estrategia R) según la clasificación de Grime (1982). Ya que este tipo de plantas se caracteriza por presentar una reducción en su crecimiento vegetativo y maximizar la producción de semillas. Además son plantas que evolucionaron en ambientes muy alterados, aunque potencialmente muy productivos (Grime, 2001).

Las curvas de supervivencia del tipo III que presentaron todas las metapoblaciones de algodón silvestre (y a nivel general), coincide con lo reportado para los arbustos, ya que la supervivencia de estas plantas baja notablemente en las etapas tempranas por la ausencia de un cuidado parental, ya que son un alimento muy nutritivo y de fácil acceso para los depredadores de semillas o plántulas (Smith y Smith, 2007).

Las tasas reproductivas señalan que una metapoblación decrece (Pacífico Sur), otras dos también decrecen pero están cerca de la estabilidad (Baja California Sur y Pacífico Norte), dos se mantienen constantes (Bahía banderas, y Pacífico Centro) y sólo una tiende a incrementar su

tamaño (Península de Yucatán) en un 16% para el siguiente tiempo. A pesar de que las diferentes metapoblaciones están bajo la influencia de una gran variedad de factores en su ambiente, posiblemente el decrecimiento de las metapoblaciones Pacífico Sur, Baja California Sur y Pacífico Norte se deba a factores que afecten su supervivencia como son condiciones extremas o alguna interacción biótica negativa como la herbivoría o el parasitismo.

La tendencia al crecimiento poblacional de la metapoblación de la Península de Yucatán se puede deber a la gran extensión de su distribución potencial (Figura 2.1) que le permite una mayor superficie de colonización (Theodorou et al., 2009) además de que en esta zona se presentan condiciones favorables para el crecimiento y desarrollo de las plantas con un clima estable, cálido y con alta precipitación (Smith y Smith, 2007).

A nivel nacional, la población silvestre de algodón tiende a decrecer, sin embargo están muy cerca de la estabilidad. Esta tendencia puede deberse a la dinámica natural de las metapoblaciones con la extinción y recolonización de sus subpoblaciones, sin embargo se requieren de más registros para confirmar la tendencia nacional (Crone et al., 2011). Asimismo, estas plantas están bajo una alta presión selectiva y posiblemente la fuerza que ejerce una mayor influencia es la actividad humana ya que los sitios de muestreo se ubicaban muy cerca de los ecosistemas urbanos.

Los análisis de sensibilidad y elasticidad sugieren que las estrategias más eficientes para la conservación de las poblaciones de *G. hirsutum* en México son aquellas que están enfocadas en fomentar la supervivencia de los adultos, mientras que favorecer la fecundidad de los algodones tendrá un efecto muy pobre.

Es importante remarcar los alcances de los resultados de este estudio, ya que la que técnica de la tabla de vida estática solo muestra la estructura poblacional en una escala reducida de tiempo y se da el supuesto de que los parámetros demográficos no cambiarán a lo largo del tiempo. Para compensar estas limitaciones se ha recomendado el monitoreo a largo plazo, el cual permite análisis más robustos con predicciones más confiables (Crone et al., 2011).

b) Relevancia ecológica, taxonómica, cultural y económica, en su caso.

El algodón ha sido fundamental desde el origen de varias civilizaciones y continúa siendo una de las especies más importantes para la humanidad en nuestros días (Fryxell 1979; Wendel et al., 2010). Es la fibra natural más utilizada y la tercera fuente de aceite vegetal en el mundo (FAO 2009). Ocupa el sexto lugar mundial en superficie cultivada y el algodón genéticamente modificado se coloca en el tercer lugar de los cultivos biotecnológicos más sembrados. Es

sorprendente que dentro de los quince cultivos más importantes del mundo, el algodón es el único que no adquirió su valor por formar parte de la base de la alimentación (Wendel et al., 2010).

De las cuatro especies de algodón domesticadas, *Gossypium hirsutum* ocupa el 95% de la producción actual y la mayoría de las poblaciones silvestres de esta especie habitan en México. Aunque se han realizado bastas investigaciones sobre la biología, ecología y genética de la especie, la mayoría se han basado en plantas domesticadas y fuera de su distribución natural por lo que en realidad se conoce poco de la especie, ya que después del proceso de domesticación, se conserva sólo una parte de la variación que pudiera encontrarse en las poblaciones silvestres y por lo tanto las investigaciones sobre las plantas domesticadas deben utilizarse con precaución y sin extrapolar al resto de la especie.

Debido a que el algodón (*Gossypium* L.) es un género tan importante en la economía mundial, ha capturado la atención de científicos agrícolas, taxónomos y biólogos evolutivos. Especialmente en las últimas décadas, las tecnologías moleculares se han aplicado en las preguntas clásicas como el origen de la poliploidía de las especies, las relaciones filogenéticas entre las especies del género y los orígenes de las plantas domesticadas a partir de sus progenitores silvestres (Wendel et al., 2011).

Quizás el aspecto más llamativo de su historia es que debido a su amplia distribución geográfica, se involucró con antiguas culturas humanas en distintos continentes, lo cual dio lugar a un proceso de domesticación convergente o paralelo a partir de ancestros silvestres divergentes y geográficamente aislados. Esta domesticación paralela involucra a cuatro especies: dos americanas, *G. hirsutum* y *G. barbadense*, y dos africanas y asiáticas, *G. arboreum* y *G. herbaceum*. Los habitantes de distintas regiones del mundo descubrieron miles de años atrás y de manera independiente, que las propiedades únicas de las fibras de las cuatro especies de algodón las hacían útiles para la elaboración de cuerdas, textiles y otras aplicaciones, por lo tanto, cada una de éstas especies posee una historia única de domesticación, diversificación y utilización (Fryxell 1979).

El algodón, *G. hirsutum*, es una de las plantas más importantes para la humanidad a pesar de que su finalidad principal no es la alimentación humana, sin embargo posee una gran diversidad de usos tradicionales y modernos por los que adquiere gran relevancia. Además de la conocida apreciación de sus fibras para la elaboración de hilo y textiles, distintas culturas mesoamericanas aprendieron a utilizar toda la planta para muchos usos, desde medicinales para tratar afecciones respiratorias como asma o resfriados, ulceraciones en la piel o bajar la presión arterial o la fiebre, hasta el empleo de mantas y textiles como tributo o producto de intercambio comercial de gran importancia económica. Actualmente, muchos de estos usos se mantienen y a

ellos se suman desarrollos tecnológicos para control de la reproducción, productos farmacéuticos, elaboración de pigmentos o la alimentación del ganado (Wegier et al., 2016).

Finalmente, se trata de una especie de gran importancia ambiental, ya que habita en las dunas costeras y selvas bajas. Estos ecosistemas proveen gran cantidad de servicios ecosistémicos, pero la cualidad que hace especial a la especie dentro de ellos es su característica pionera, por lo que vive sitios donde la competencia es menor, tales como riscos, playas y sitios recientemente perturbados por huracanes o actividades humanas, lo que permite después el crecimiento de otras especies y la recuperación del hábitat.

c) Factores de riesgo reales y potenciales para la especie o población, así como la evaluación de la importancia relativa de cada uno.

Los riesgos reales son principalmente tres: (1) la pérdida del hábitat (al ser metapoblaciones es más importante la conservación del espacio donde puede habitar, que cuidar a cada una de las plantas que se observan en la actualidad); (2) la pérdida de diversidad genética y homogenización de las respuestas fisiológicas (ocasionado por el flujo genético con plantas domesticadas); y (3) las consecuencias que la presencia de transgenes con propiedades insecticidas puedan ocasionar sobre las interacciones de la planta con su entorno o la afectación en los distintos niveles ecológicos, como las comunidades al modificar su estructura. Los tres riesgos identificados son de igual importancia y deben enfrentarse de manera integral, ya que son complementarios.

d) Análisis pronóstico de la tendencia actualizada de la especie o población referida, de no cambiarse el estado actual de los factores que provocan el riesgo de su desaparición en México, a corto y mediano plazos.

Los análisis demográficos indican que el conjunto de todas las poblaciones está decreciendo, sin embargo cada una presenta resultados diferentes, lo que permite inferir que es posible recuperarlas, siempre que el hábitat no sea destruido por los cambios de uso de suelo.

En caso de no tomarse medidas para evitar el flujo génico con plantas domesticadas y domesticadas con transgenes, la teoría de genética de poblaciones nos ayuda a inferir que la tendencia será a que se homogenice el pool genético de todas las poblaciones en las que se presente, esto se incrementa debido al número de plantas iguales genéticamente y al número menor de plantas silvestres en las que se presenta la diversidad; el plazo en el que suceda depende

de los tamaños de estas poblaciones y factores que favorezcan o limiten la sobrevivencia de las plantas con las nuevas características.

En las plantas silvestres fue posible detectar combinaciones de transgenes que no son de venta comercial y que se apilaron en un mismo individuo; esto conlleva a que en las plantas silvestres se pueden tener construcciones por la suma o segregación de transgenes que no han pasado por los filtros legales de las liberaciones de estos organismos al ambiente, y que por lo tanto, no se les ha realizado un análisis de riesgo. Las plantas de algodón silvestre son el primer escenario, en el centro de origen y diversidad de la especie, de un ecosistema natural con presencia de estos nuevos genes con propiedades insecticidas y se desconocen las consecuencias finales que esto pudiera tener y el plazo en el que las podamos encontrar.

e) Consecuencias indirectas de la propuesta. Describa las acciones que debería tomar la autoridad como consecuencia de la propuesta de la especie o población en cuestión. En particular:

i. Describa la acción específica:

Las medidas de protección enlistadas a continuación se desprenden como sugerencia de las observaciones realizadas durante la investigación de esta especie:

1. Evitar el flujo génico entre cualquier planta domesticada y las silvestres. Las plantas domesticadas son homogéneas genéticamente y el intenso flujo génico con las poblaciones silvestres puede disminuir rápidamente la diversidad genética de las últimas. Varias acciones son necesarias, en particular regular el transporte de las semillas para evitar su caída en los traslados. Promover que la semilla viable no sea transportada grandes distancias (para ello se sugiere que se extraiga el aceite y la comida para ganado se procese antes de llegar a las ganaderías en donde se almacena en sitios donde la semilla puede continuar dispersándose. Otras más deben ser analizadas.
2. Determinar legalmente los Centros de origen y de diversidad genética, junto con las estrategias y medidas necesarias para su protección.
3. Establecer sitios de conservación *in situ*, en cada una de las metapoblaciones. Los centros de enseñanza, instituciones gubernamentales, jardines botánicos entre otros, pueden servir como refugio de la diversidad de cada una de las metapoblaciones.

4. Divulgar el conocimiento adquirido entre los habitantes cercanos a las poblaciones y al público en general.
5. Crear línea base y monitorear las frecuencias de organismos blanco y no blanco que interactúan en las comunidades.
6. Realizar un seguimiento demográfico para monitorear el tamaño de las poblaciones, su expansión o disminución.
7. Conocer a fondo la biología reproductiva de las poblaciones silvestres ya que la información actual fue obtenida de plantas domesticadas y el proceso de domesticación implica en muchos de los casos modificaciones en el sistema reproductivo.
8. Monitorear las frecuencias de los transgenes presentes en las poblaciones periódicamente.
9. Analizar integralmente la presencia de los transgenes en los ecosistemas de selvas bajas y dunas costeras, midiendo el efecto en poblaciones y comunidades.
10. Proteger legalmente a las once especies del género *Gossypium* que habitan en México, las cuales comparten interacciones bióticas, han sido menos estudiadas, su hábitat es más restringido y la vulnerabilidad de *Gossypium hirsutum* puede estar arrastrándolas a situaciones de fragilidad similares.
11. Evitar la migración transfronteriza de semilla GM viable, erróneamente tratada como “grano”.
12. Promover el correcto etiquetado de la semilla GM.
13. No perder de vista que el responsable legal de la semilla GM tiene obligación de “custodiarla” durante toda la cadena productiva, desde el inicio hasta su destrucción.

ii. Explique la manera en que contribuiría a solucionar la problemática identificada:

La investigación y educación ambiental son parte de las actividades de los que laboramos en el jardín botánico de la UNAM. En particular hemos estudiado a esta especie desde el 2002 a la fecha y estamos interesadas en seguir contribuyendo ampliando el conocimiento general sobre la especie principalmente en el ámbito biológico pero no limitado a este.

iii. Si existen otras acciones regulatorias vigentes directamente aplicables a la problemática identificada de la especie, explique por qué son insuficientes:

El protocolo de Cartagena sobre Seguridad de la Biotecnología y la Ley de Bioseguridad para Organismos Genéticamente Modificados (LBOGM) son dos acciones regulatorias en materia de bioseguridad directamente relacionadas con las problemáticas descritas para *G. hirsutum*. El Protocolo de Cartagena es un acuerdo ambiental multilateral cuyo objetivo es el de contribuir a la transferencia, manipulación y utilización seguras de los organismos vivos modificados (OGM) que pudieran tener efectos adversos en la diversidad biológica, concentrándose específicamente en los movimientos transfronterizos, mientras que la LBOGM describe la necesidad de establecer centros de origen, diversidad y domesticación de especies cultivadas y sus parientes silvestres, los cuales deben ser protegidos, conservados y libres de OGM.

La presencia de transgenes en el centro de origen y diversidad genética del algodón evidencian que dichas medidas de bioseguridad, adoptadas durante las liberaciones de algodón GM y la importación de semillas al país, son insuficientes para detener el flujo génico entre plantas domesticadas y silvestres, incluso a largas distancias. Por lo tanto, a pesar de que existe un marco regulatorio que teóricamente debió prevenir el flujo génico, existe evidencia de que hay factores que no han podido controlarse.

f) Análisis de costos. Identifique los costos y los grupos o sectores que incurrirían en dichos costos de ser aprobada la propuesta (por ejemplo costos de capital, costos de operación, costos de transacción, costos de salud, medio ambiente u otros de tipo social); señale su importancia relativa (alta, media, baja) y de ser posible, cuantifíquelo.

Regular el transporte de las semillas para evitar su caída en los traslados, es una medida que adoptó el Gobierno de Argentina para detener el avance del picudo del algodonero en su territorio, por lo que se puede consultar y aprender de esa experiencia. Desconocemos los costos en capital, pero serán regulatorios y para los intermediarios de la cadena productiva.

La industria de alimento para ganado podría beneficiarse al vender un producto mejorado y mejor aprovechado que directamente la materia prima, de la misma manera la industria ganadera podría recibir mejores alimentos, como sucede en Estados Unidos donde el alimento utiliza la semilla de algodón pero la complementa y vende en “torta”.

Determinar legalmente los Centros de origen y de diversidad genética, junto con las estrategias y medidas necesarias para su protección, tiene costos regulatorios, y las medidas que se desprendan tendrán costos asociados a las mismas.

Establecer sitios de conservación *in situ*, en cada una de las metapoblaciones, en los centros de enseñanza, instituciones gubernamentales, jardines botánicos entre otros, requiere una inversión de capital inicial para su establecimiento, la cual depende de la infraestructura y capital humano existente. Se estima que el proyecto podría realizarse con una inversión de 500 mil pesos en tres años, y después requerirá un 10% anual para seguimiento y mantenimiento. Divulgar el conocimiento adquirido entre los habitantes cercanos a las poblaciones y al público en general, puede ser incluido en el mismo proyecto.

El ‘programa para la conservación de las poblaciones silvestres de *Gossypium*’, comparte algunos de los objetivos propuestos y requiere un inversión de millón y medio de pesos para obtener: la línea base y monitorear las frecuencias de organismos blanco y no blanco que interactúan en las comunidades, el seguimiento demográfico para monitorear el tamaño de las poblaciones, su expansión o disminución, conocer la biología reproductiva de las poblaciones silvestres y monitorear las frecuencias de los transgenes presentes en las poblaciones periódicamente.

Por último las propuestas para proteger legalmente a las once especies del género que habitan en México, se espera que sean evaluadas para ser incluidas en la NOM 059.

- g) Análisis de beneficios. Identifique beneficios y los grupos o sectores que recibirían dichos beneficios (consecuencias positivas que ocurrirían) de ser aprobada la propuesta; señale su importancia relativa (alta, media, baja) y de ser posible, cuantifíquelo.**

La conservación de los parientes silvestres de las plantas útiles para la humanidad es indispensable, tanto para los habitantes actuales de México y del mundo, como para las generaciones futuras. La baja diversidad genética de los cultivos los hace poco resistentes a los

cambios bióticos y abióticos, sin embargo, las plantas silvestres pueden servir para recuperar nuevamente los cultivos, mejorarlos para su resistencia ante nuevas condiciones o realizar nuevos procesos de domesticación con diferentes características; por ejemplo, en las plantas domesticadas de algodón la principal característica de interés fueron las fibras blancas y largas, pero si a esta generación le interesara realizar nuevos procesos seleccionando plantas con fibras de color, podría obtener nuevas variedades ya que la variación existe en las plantas silvestres, de la misma manera que las siguientes generaciones podrían hacerlo con los intereses que le surjan.

Los beneficiarios de esta conservación son también los usuarios del algodón para aplicaciones tanto industriales como tradicionales. Los usos del algodón son muchos en la vida moderna, desde la industria textil, papelería, farmacéutica, ganadera, alimenticia, etcétera. Los usuarios de las plantas a nivel local también las aprovechan para múltiples fines, medicinales, textiles y de ornato. Los beneficiarios son entonces todos los consumidores de estas industrias.

Al hablar de los beneficiarios del cultivo y su consumo, es evidente que se trata también de una riqueza de la cual no se puede dudar de su valor, aunque éste sea difícil de evaluar, pero una aproximación es imaginar el precio que deberíamos pagar si el algodón dejara de existir, siendo la primera fuente de fibra natural, la segunda de aceite vegetal, una planta con un papel importante en su ecosistema y sobre todo si elimináramos el derecho de las siguientes generaciones de hacer uso de los recursos naturales de la misma forma que nosotros y que nuestros antepasados tuvieron.

h) Una propuesta general de medidas de seguimiento de la especie, aplicables para la inclusión, cambio o exclusión que se solicita.

Los indicadores de que la conservación de las poblaciones de algodón pueden sobrevivir a largo plazo es detener la tasa de deforestación o desaparición de su hábitat.

Observar en análisis demográficos que se revierta el decrecimiento de la especie en general y de las poblaciones en la misma situación.

Monitorear la diversidad genética y presencia de transgenes, realizar estrategias piloto para mitigar los daños ambientales y evaluar su eficacia.

Divulgar periódicamente el conocimiento sobre la especie y su importancia en los diferentes sectores tanto de consumidores como de productores y usuarios.

i) Referencias de los informes y/o estudios publicados que dan fundamento teórico y sustento relativo al planteamiento que se hace sobre la especie o población.

TESIS

Benítez, M. (2014). Consecuencias de la expresión de proteínas Cry en el algodón silvestre de Oaxaca sobre la comunidad de lepidópteros. Tesis. Facultad de Ciencias, UNAM. México, D.F. (Disponible en: <http://132.248.9.195/ptd2014/mayo/305502821/Index.html>)

López, A. Dinámica ecológica y evolutiva de las especies del genero *Dysdercus* presentes en las metapoblaciones de *Gossypium hirsutum*. Julio de 2014. UAM-Xochimilco, México.

Peña, D. (2015) Comparación de la biología reproductiva de plantas de algodón (*Gossypium hirsutum*) silvestres y domesticadas. Tesis. Facultad de Ciencias, UNAM. México, D.F. (Disponible en: <http://132.248.9.195/ptd2015/agosto/306282126/Index.html>)

Pérez, J. (2015) Comparación de las comunidades de artrópodos asociadas a algodón silvestre (*Gossypium hirsutum*) con y sin presencia de la proteína recombinante Cry1Ab/Ac en el Istmo de Tehuantepec, Oaxaca, México. Tesis. Facultad de Ciencias, UNAM. México, D.F. (Disponible en: <http://132.248.9.195/ptd2015/octubre/308169472/Index.html>)

Petrone, S. (2013) Variación funcional relacionada con la tolerancia al estrés salino de *Gossypium hirsutum* en México. Tesis. Facultad de ciencias, UNAM. México, D. F. (Disponible en: <http://132.248.9.195/ptd2013/mayo/305597902/Index.html>)

Uscanga, A. (2013) Variación foliar del algodón (*Gossypium hirsutum*) silvestre y cultivado en México. Tesis. Facultad de ciencias, UNAM. México, D. F. (Disponible en: <http://132.248.9.195/ptd2013/junio/304502237/Index.html>)

Vega, M. (2015) Plasticidad fenotípica en los caracteres epidérmicos foliares del algodón (*Gossypium hirsutum* L.) silvestre y cultivado en México. Tesis. Facultad de Ciencias, UNAM. México, D. F. (Disponible en: <http://132.248.9.195/ptd2015/marzo/308328745/Index.html>)

Wegier, A. (2005) Aislamiento por distancia de algodón (*Gossypium hirsutum*) en México: consecuencias para el manejo de plantas transgénicas. Tesis maestría. Posgrado

en Ciencias Biológicas (ambiental). Instituto de Ecología, UNAM. México, D.F. (Disponible en: <http://132.248.9.195/ptb2011/anteriores/0341288/Index.html>)

Wegier, A. (2013) Diversidad genética y conservación de *Gossypium hirsutum* silvestre y cultivado en México. Tesis Doctorado en Ciencias Biomédicas. Instituto de Ecología, UNAM. México, D. F. (Disponible en: <http://132.248.9.195/ptd2013/enero/097565150/Index.html>)

ARTÍCULOS, CAPÍTULOS DE LIBROS E INFORMES

Wegier, A., Piñeyro-Nelson, A., Alarcón, J., Gálvez-Mariscal, A., Álvarez-Buylla, E. y Piñero, D. (2011) Recent-long distance transgene flow into wild populations conforms to historical patterns of gene flow in cotton (*Gossypium hirsutum*) at its centre of origin. *Molecular Ecology* (Disponible en <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1365-294X.2011.05258.x/abstract>).

Wegier A.L., V. Alavez-Gómez, L.O. Jardón-Barbolla, L. Moyers, D. Ortega del Vecchyo y D. Piñero. (2009) Análisis para la determinación de los centros de origen y diversidad de las especies mexicanas del género *Gossypium* (informe final). Instituto de Ecología, UNAM. Dentro del Proyecto “Generación y recopilación de información de las especies de las que México es centro de origen y diversidad genética”, financiado por la Dirección General del Sector Primario y Recursos Naturales Renovables (DGSPRNR), perteneciente a la SEMARNAT y coordinado por la CONABIO. CONABIO. México D.F (Disponible en: http://www.biodiversidad.gob.mx/genes/centrosOrigen/Gossypium/Informe_Final/Informe%20final%20Gossypium.pdf)

Wegier A.L., Alavez, V., López, V. (2015) Análisis demográfico de *Gossypium hirsutum* silvestre en México (Informe final). Dentro del proyecto: “Programa para la conservación de poblaciones silvestres del género *Gossypium* en México”.

Wegier A, Alavez V. and Piñero D. (2014) COTTON: traditional and modern uses. In: *Ethnobotany of Mexico: Interactions of People and Plants in Mesoamerica*. Eds: Lira R. and Casas A. Springer. New York. 900 pp.

Wegier A. (En prensa) “Diversidad genética y conservación de algodón (*Gossypium hirsutum*) en México: Consecuencias para el manejo de plantas transgénicas en el marco del simposio “Mitos y realidades sobre organismos genéticamente modificados: impactos sobre la biodiversidad” Coordinado Andrés Keiman. Editado por la Universidad Autónoma de la Ciudad de México, UACM.

CONGRESOS

Pósters

Petrone, S.; Alavez, V. y Wegier, A.. Revaloración de la conservación de los centros de diversidad genética mediante la evaluación de la tolerancia al estrés salino del algodón en México. *Congreso Mexicano de Botánica*. Del 20 al 25 de octubre de 2013. Tuxtla Gutiérrez, México.

Uscanga, Adriana; Alavez, Valeria, Wegier, Ana y Ponce, Alejandro. Foliar variation in wild domesticated cotton (*Gossypium hirsutum*) in Mexico. *Evolution 2013*. Del 21 al 25 de junio de 2013. Snowbird, Estados Unidos.

Benítez, Marina; Alavez, Valeria, Wegier, Ana y Ponce, Alejandro. Lepidopteran diversity, abundance and richness in wild cotton populations with and without transgens. *Evolution 2013*. Del 21 al 25 de junio de 2013. Snowbird, Estados Unidos.

Velázquez, Rebeca; Alavez, Valeria, Wegier, Ana y Kunin, W. Biología de la polinización de algodón silvestre (*Gossypium hirsutum*) en México. *IV Congreso Mexicano de Ecología*. Del 18 al 22 de marzo de 2013. Villahermosa, México.

Petrone, Sandra; Alavez, Valeria y Wegier, Ana. Variación funcional relacionada con tolerancia a estrés salino en metapoblaciones silvestres de algodón. *IV Congreso Mexicano de Ecología*. Del 18 al 22 de marzo de 2013. Villahermosa, México.

Uscanga, Adriana; Alavez, Valeria y Wegier, Ana. Variación morfológica foliar del algodón (*Gossypium hirsutum*) silvestre en México. *IV Congreso Mexicano de Ecología*. Del 18 al 22 de marzo de 2013. Villahermosa, México.

Benítez, Marina; Alavez, Valeria; Wegier, Ana y Ponce; Alejandro. ¿Podría la diversidad de lepidópteros verse afectada por la presencia de proteínas recombinantes? *IV Congreso Mexicano de Ecología*. Del 18 al 22 de marzo de 2013. Villahermosa, México.

Peña, Diana; Alavez, Valeria y Wegier, Ana. Comparación de la biología reproductiva de la planta de algodón (*Gossypium hirsutum*) en poblaciones silvestres y cultivadas. *IV Congreso Mexicano de Ecología*. Del 18 al 22 de marzo de 2013. Villahermosa, México. Premio al mejor póster de alumnos de licenciatura.

Petrone, Sandra; Uscanga, Adriana; Alavez, Valeria y Wegier, Ana. Cotton evolution in its Center of Domestication: the wild - cultivated continuum. *1st Joint Congress on Evolutionary Biology*. Del 6-10 de julio de 2012. Ottawa, Canadá.

Benítez, Marina; Alavez, Valeria; Wegier, Ana y Ponce, Alejandro. Is environmental damage measurable? An ecological approach to study impacts caused by GM crops. *1st Joint Congress on Evolutionary Biology*. Del 6-10 de julio de 2012. Ottawa, Canadá.

Pláticas

- Wegier, Ana; Piñero-Nelson, Alma; Alarcón, Jesús; Gálvez-Mariscal, Amanda; Álvarez-Buylla, Elena; Piñero, Daniel. Recent long-distance transgene flow into wild populations conforms to historical patterns of gene flow in cotton (*Gossypium hirsutum*). *1st Joint Congress on Evolutionary Biology*. 10 de julio de 2012. Ottawa, Canadá.

- Wegier, Ana; Benítez, Marina; Ponce, Alejandro; Alavez, Valeria. Definición y modelo para el análisis del daño ambiental ocasionado por OGM - No. de Registro: 1061. *IV Congreso Mexicano de Ecología*. Del 18 al 22 de marzo de 2013. Villahermosa, México.
- Wegier, Ana; Ponce-Mendoza, Alejandro; Benítez, Marina; Velázquez, Rebeca; López, Atsiry; Alavez, Valeria. Evaluación de efectos adversos ocasionados por OGM en organismos no blanco de países megadiversos. *41 Congreso SOCOLEN*. Del 15 al 18 de julio. Cali, Colombia.

j) Ficha resumen de la información anterior.

En el caso de especies que se propongan para la categoría probablemente extinta en el medio silvestre (E), únicamente se deberá presentar la información del inciso a, b y h; así como documentar el esfuerzo de búsqueda de la especie.

5.7.5. Además de la justificación técnica-científica que incluya la información del punto 5.7.4, se deberá presentar la información utilizada para determinar la categoría de riesgo, de conformidad con lo contenido en el Anexo Normativo I, Método de Evaluación del Riesgo de Extinción de las Especies Silvestres en México para el caso de Anfibios, Aves, Hongos, Invertebrados, Mamíferos, Peces y Reptiles; y en el caso de Plantas lo contemplado en el Anexo Normativo II, Método de Evaluación de Riesgo de Extinción de Plantas.

Las especies que se propongan para la categoría probablemente extinta en el medio silvestre (E), no deberán presentar la información solicitada en los anexos normativos I o II según el caso del grupo taxonómico del que se trate.

CITAS

- Andersson, M. y de Vicente, C. (2010) *Gene Flow Between Crops and Their Wild Relatives*, 564 pp. Johns Hopkins University, Baltimore.
- Arnaud, J., Fénart, S., Godé, C., Deledicque, S., Touzet, P. y Cuguen, J. (2009) Fine-scale geographical structure of genetic diversity in inland wild beet populations. *Molecular Ecology*, 18: 3201–3215.
- Bartsch, D., Lehnen, M., Clegg, J., Pohl-Orf, M., Schuphan, I. y Ellstrand, N (1999) Impact of gene flow from cultivated beet on genetic diversity of wild sea beet populations. *Molecular Ecology*, 8: 1733–1741.
- Baltazar, B., Sanchez-Gonzalez, J., Cruz-Larios, L. y Schoper, J. (2005) Pollination between maize and teosinte: an important determinant of gene flow in Mexico. *Theoretical and Applied Genetics*, 110: 519–526.
- Benítez, M. (2014). Consecuencias de la expresión de proteínas Cry en el algodón silvestre de Oaxaca sobre la comunidad de lepidópteros. Tesis. Facultad de Ciencias,

UNAM. México, D.F. (Disponible en : <http://132.248.9.195/ptd2014/mayo/305502821/Index.html>)

- Brubaker, C. y Wendel, J. (1994) Reevaluating the origin of domesticated cotton (*Gossypium hirsutum*; Malvaceae) using nuclear restriction fragment length polymorphisms (RFLPs). *American Journal of Botany*, 81, 1309–1326.
- Crone, E., Menges, E., Ellis, M., Bell, T., Bierzychudek, P., Ehrlen, J. et al. (2011) How do plant ecologists use matrix population models? *Ecology Letters* 14: 1–8.
- Dyer, R. y Nason, J. (2004) Population graphs: the graph theoretic shape of genetic structure. *Molecular Ecology* 13:1713–1727.
- Dyer, G., Serratos-Hernández, A., Perales, H. et al. (2009) Dispersal of transgenes through maize seed systems in Mexico. *PLoS ONE* 4(5), e5734
- Ellstrand NC (2003) *Dangerous liaisons? When Cultivated Plants Mate With Their Wild Relatives*, 244 pp. Johns Hopkins University, Baltimore.
- Ehrlich, R, Raven, PH (1969) Differentiation of populations. *Science*, 165, 1228–1232.
- FAOSTAT (2009) Statistical Databases. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy. <http://bfaostat.fao.org> (accessed on February 1, 2011).
- Fénart, S, Austerlitz, F, Cuguen, J. y Arnaud, J-F (2007) Long distance pollen-mediated gene flow at a landscape level: the weed beet as a case study. *Molecular Ecology*, 16, 3801–3813.
- Freckleton, R., Watkinson, AR (2003) Are all plant populations metapopulations? *Journal of Ecology*, 91, 321–324.
- Fryxell, P. (1979) *The Natural History of the Cotton Tribe*, 245pp. Texas A & M University Press, College Station/London.
- Godínez-Álvarez, A y Valiente-Banuet, A. (2004) Demography of the columnar cactus *Neobuxbaumia macrocephala*: a comparative approach using population projection matrices. *Plant Ecology* 174: 109–118.
- Grime, J. 1982. Estrategias de adaptación de las plantas y procesos que controlan la vegetación. Limusa.- México D. F. 291 pp.
- Grime, J. 2001. Plant strategies, vegetation processes and ecosystem properties. 2nd. Ed. Wiley, Chichester, UK.
- Hanski, I. (1998) Metapopulation dynamics. *Nature*, 396, 41–49.
- Hanski I, Gaggiotti O (2004) *Ecology, Genetics and Evolution of Metapopulations*. Elsevier Academic Press, London, UK.

- Honnay, O., Jacquemyn, H., Van Looy, K., Vandepitte, K. y Breyne P. (2009) Temporal and spatial genetic variation in metapopulation of the annual *Erysimum cheiranthoides* on stony river banks. *Journal of Ecology*, 97, 131–141.
- Jørgensen, RB., Andersen, B. (1994) Spontaneous hybridization between oilseed rape (*Brassica napus*) and weedy *B. campestris* (Brassicaceae). *American Journal of Botany*, 81, 1620–1626.
- Lemos, J., Rojas, R., Zúniga, J. (2005). Técnicas para el estudio de poblaciones de fauna silvestre. Primera edición. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad y Universidad Nacional Autónoma de México, México.
- Leverich, W. y Levin, D. (1979). Age-specific survivorship and reproduction in *Phlox drummondii*. *The American Naturalist* 113(6): 881-903.
- Levins R (1969) Some demographic and genetic consequences of environmental heterogeneity for biological control. *Bulletin of the Entomological Society of America*, 15, 237–240.
- Londo, JP., Chiang, YC., Hung, KH., Chiang, T. y Schaal, B. (2006) Phylogeography of Asian wild rice, *Oryza rufipogon*, reveals multiple independent domestications of cultivated rice, *Oryza sativa*. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 103(25), 9578–9583.
- Manel, S., Schwartz, K., Luikart, G., Taberlet, P. (2003) Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology and Evolution*, 18, 189–197.
- McGregor, S. (1976) Insect Pollination of Cultivated Crop Plants. *US Department of Agriculture, Agriculture Handbook*, 496, 411.
- Paetkau D, Slade R, Burdens M, Estoup A (2004) Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Molecular Ecology*, 13, 55–65.
- Palstra, F., O'Connell, M. y Ruzzante, D. (2007) Population structure and gene flow reversals in Atlantic salmon (*Salmo salar*) over contemporary and long-term temporal scales: effects of population size and life history. *Molecular Ecology* 16: 4504–4522.
- Peña, D. (2015) Comparación de la biología reproductiva de plantas de algodón (*Gossypium hirsutum*) silvestres y domesticadas. Tesis. Facultad de Ciencias, UNAM. México, D.F. (Disponible en: <http://132.248.9.195/ptd2015/agosto/306282126/Index.html>)
- Pérez, J. (2015) Comparación de las comunidades de artrópodos asociadas a algodón silvestre (*Gossypium hirsutum*) con y sin presencia de la proteína recombinante

Cry1Ab/Ac en el Istmo de Tehuantepec, Oaxaca, México. Tesis. Facultad de Ciencias, UNAM. México, D.F. (Disponible en: <http://132.248.9.195/ptd2015/octubre/308169472/Index.html>)

- Piñeyro-Nelson A, Van Heerwaarden J, Perales HR et al. (2009) Transgenes in Mexican maize: molecular evidence and methodological considerations for GMO detection in landrace populations. *Molecular Ecology*, 18, 750–761.
- Rogers DJ, Reid RE, Rogers JJ, Addison SJ (2007) Prediction of the naturalization potential and weediness risk of transgenic cotton in Australia. *Agriculture Ecosystems and Environment* 119: 177–189.
- SAGARPA (2010) <http://www.sagarpa.gob.mx> (Accessed on February 1, 2011).
- Slatkin, M. (1987) Gene flow and the geographic structure of natural populations. *Science*, 236, 787–792.
- Smith, T. y Smith, R. (2007) *Ecología*. 6ª ed. Pearson. 682p.
- Smith, C. y Stephens, S. (1971) Critical identification of Mexican archaeological cotton remains. *Economic Botany*, 25, 160–168.
- Snow, A., Andersen, B. y Jorgensen, R. (1999) Costs of transgenic herbicide resistance introgressed from *Brassica napus* into weedy *B. rapa*. *Molecular Ecology* 8: 605–615.
- Stephens, S. y Finkner, M. (1953) Natural crossing in cotton. *Economic Botany*, 7, 257–269.
- Stephens SG (1958) Factors affecting seed dispersal in *Gossypium* and their possible evolutionary significance. North Carolina Agricultural Experiment Station Technical Bulletin, No. 131. 32 pp.
- Theodorou, K., Souan, H. y Couvet, D. (2009) Metapopulation persistence in fragmented landscapes: significant interactions between genetic and demographic processes. *Journal of Evolutionary Biology* 22: 152-162.
- Traxler, G. y Godoy-Avila, S. (2004) Transgenic cotton in Mexico. *AgBioForum*, 7, 57–62.
- Viard F, Arnaud J-F, Delescluse M, Cuguen J (2004) Tracing back seed and pollen flow within the crop-wild *Beta vulgaris* complex: genetic distinctiveness Vs. hot spots of hybridization over a regional scale. *Molecular Ecology*, 13, 1357–1364.
- Wegier, A., Piñeyro-Nelson, A., Alarcón, J., Gálvez-Mariscal, A., Álvarez-Buylla, E. y Piñero, D. (2011) Recent-long distance transgene flow into wild populations conforms to historical patterns of gene flow in cotton (*Gossypium hirsutum*) at its centre of origin. *Molecular Ecology* (Disponible en <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1365-294X.2011.05258.x/abstract>).

- Wegier A.L., Alavez, V., López, V. (2015) Análisis demográfico de *Gossypium hirsutum* silvestre en México (Informe final). Dentro del proyecto: “Programa para la conservación de poblaciones silvestres del género *Gossypium* en México”.
- Wendel, J. (1989) New World tetraploid cottons contain Old World cytoplasm. *Proceedings of the National Academy of Science of USA*, 86, 4132–4136
- Wendel, J. y Albert, V. (1992) Phylogenetics of the cotton genus (*Gossypium* L.): character-state weighted parsimony analysis of chloroplast DNA restriction site data and its systematic and biogeographic implications. *Systematic Botany*, 17, 115–143.
- Wendel, J., Brubaker, C. y Seelanan, T. (2010) The origin and evolution of *Gossypium*, Chapter 1. In: *Physiology of Cotton* (eds. Stewart JM, Oosterhuis D, Heitholt JJ, Mauney JR), pp. 3–22. Springer, Netherlands.