

EFFECTO DE MAÍZ GENÉTICAMENTE MODIFICADO SOBRE ARTRÓPODOS NO BLANCO, EN SINALOA, MÉXICO

Agustín Hernández-Juárez, Luis A. Aguirre-Urbe, Gustavo A. Frías-Treviño, Mariano Flores-Dávila, Jerónimo Landeros-Flores, Ernesto Cerna-Chávez. Departamento de Parasitología. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Calzada Antonio Narro # 1923. C.P. 25315. Buenavista, Saltillo; Coahuila, México. chinoahj14@hotmail.com; luisaguirreu@yahoo.com.mx; servesa_gfriast@hotmail.com; cise9@hotmail.com; jlanflo@hotmail.com; jabaly1@yahoo.com.

RESUMEN: Se evaluó el efecto del maíz genéticamente modificado (GM) Agrisure Viptera 3111, Agrisure 3000 GT y un híbrido convencional sobre artrópodos no blanco en Sinaloa. Se valoró la abundancia de artrópodos, riqueza y estructura trófica. Se calculó la diversidad con el índice de Shannon-Wiener (H) y dominancia con el índice de Simpson (S). Se identificaron 66,789 artrópodos, de los cuales el 39.2 % correspondió al Agrisure Viptera 3111; 31.9 % al Agrisure 3000 GT y 28.9 % al híbrido convencional y mayor índice de diversidad de $H=0.55$ y dominancia de $S=0.85$ en el híbrido convencional y se registró una riqueza de 121 familias, 96 en el Agrisure Viptera 3111, 91 en el Agrisure 3000 GT y 94 en el convencional. La densidad poblacional de artrópodos no difiere entre parcelas con mayor abundancia en el maíz GM, concluyendo que el maíz GM no tiene impacto negativo en los artrópodos del agroecosistema maíz.

Palabras clave: Abundancia, *Bacillus thuringiensis*, diversidad, transgénico.

Genetically modified corn effect over non-target arthropod, in Sinaloa, Mexico

ABSTRACT: The effect of genetically modified (GM) maize Agrisure Viptera 3111, Agrisure 3000 GT and a conventional hybrid was evaluated on non-target arthropods in Sinaloa. Arthropod abundance, richness and trophic structure were evaluated. Diversity was calculated with the Shannon-Wiener index (H) and dominance with Simpson index (S). 66,789 arthropods were identified, in which 39.2 % were in Agrisure Viptera 3111; 31.9 % in Agrisure 3000 GT and 28.9 % in the conventional hybrid. The highest diversity with $H=0.55$ and dominance of $S=0.85$ was found in the conventional hybrid and 121 different families were recorded; 96 in Agrisure Viptera 3111, 91 in Agrisure 3000 GT and 94 in the conventional hybrid. The population density of arthropods did not differ between treatments although greatest abundance was found in GM maize, concluding that GM corn has not a negative impact on the arthropods of maize agroecosystem.

Key words: Abundance, *Bacillus thuringiensis*, diversity, transgenic.

Introducción

En México solo dos cultivos genéticamente modificados se han introducido de manera comercial: soya y algodón tolerantes a herbicida y algodón Bt resistente a insectos (SAGARPA-SENASICA, 2014). Con respecto al maíz, diversas variedades de este cereal han sido modificadas con la inserción de genes específicos para expresar continuamente la δ -endotoxina Cry de *Bacillus thuringiensis* (Bt) (Bruck *et al.*, 2006), de tal modo que hojas, tallos, frutos y polen expresen esta proteína con actividad insecticida ante el ataque de insectos del orden Lepidoptera y Coleoptera principalmente (Silva, 2005).

Tras una moratoria que impedía realizar ensayos con maíz biotecnológico en México, se ejecutaron con éxito las primeras pruebas en campo que demostraron la eficacia de la biotecnología para el control de plagas, no obstante; persiste el debate sobre los posibles efectos que pudieran causar a la diversidad biológica, como es el impacto a los artrópodos no blanco de esta tecnología, pues en un agro-ecosistema además de los insectos blanco de la toxina Cry, se presenta toda una red trófica que incluye a artrópodos pertenecientes o no a los órdenes bajo control y que están en contacto con los

cultivos, como otros fitófagos no blanco, depredadores, parasitoides e insectos del suelo (saprófagos), que juegan un rol importante en la cadena trófica y se les considera de un gran valor, principalmente a aquellos útiles en la regulación de plagas. La mayoría de ellos entrarían en contacto con la toxina Cry al consumir partes de la planta directa o indirectamente en la cadena trófica pudiendo quedar expuestos a la acción tóxica, a pesar de que la proteína posee una alta especificidad respecto a los insectos blanco (Groot y Dicke 2002).

El objetivo de esta investigación es evaluar el efecto del maíz genéticamente modificado sobre artrópodos no blanco en Navolato, Sinaloa; México.

Materiales y Método

Para la presente investigación se utilizaron los híbridos de maíz GM Agrisure Viptera 3111 y Agrisure 3000 GT que expresan las toxinas Cry1Ab, Vip3Aa20 y mCry3A de *B. thuringiensis* que le confieren resistencia a insectos como *Diatraea saccharalis*, *Spodoptera frugiperda*, *Heliothis virescens*, *Helicoverpa zea* y *Diabrotica spp.*, y un híbrido convencional sin contener la proteína de Bt, materiales proporcionados por Syngenta Agro de México S.A. de C.V.

El estudio se realizó bajo un diseño completamente al azar de tres tratamientos: Agrisure Viptera 3111, Agrisure 3000 GT y un híbrido convencional de uso común en la región de Navolato, Sinaloa, con cuatro repeticiones, cada tratamiento con 10 surcos de 5 m lineales y un espacio entre surcos de 0.8 m, a una densidad de siembra de 34 plantas por surco.

Para el muestreo de insectos se realizaron recolectas semanales durante el ciclo del cultivo, mediante tres métodos directos para la captura de artrópodos: Trampas de caída o pitfall, trampas amarillas con pegamento y Red entomológica.

Los artrópodos obtenidos fueron trasladados al Laboratorio de Taxonomía de Insectos de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, donde se contabilizaron e identificaron a nivel de familia. Con los datos registrados se obtuvo la abundancia de artrópodos (el número de individuos distintos por familia presente), la riqueza (número de familias distintas presentes) y se agruparon por estructura trófica (fitófagos, depredadores, parasitoides y saprófagos). La abundancia de artrópodos y por cada estructura trófica y la riqueza fueron analizadas mediante estadística no paramétrica con la prueba de Kruskal-Wallis, prueba que no requiere distribuciones normales y que utiliza rangos de datos de tres o más muestras independientes para probar la hipótesis de que las muestras provienen de poblaciones con medianas iguales, con el objetivo de detectar diferencias entre las poblaciones de maíz genéticamente modificado y el convencional.

Se obtuvo la diversidad y dominancia de artrópodos, calculada la primera con el índice de Shannon-Wiener (Moreno, 2001), indicador del valor de la diversidad; mediante la fórmula $H = - \sum p_i \log_e p_i$; donde: **H** = Índice de Shannon-Wiener; **P_i** es la densidad o abundancia relativa de la especie en el total del sitio de muestreo, calculado como una media de la comunidad $Fri / \sum Fri$; **Fri**= Densidad relativa de la especie i; $\sum Fri$ =Sumatoria de todas las densidades de todas las especies observadas. Y se calculó la dominancia mediante el índice de Simpson (Moreno, 2001) utilizando la fórmula $S = \sum (p_i)^2$; donde el valor máximo 1, implica que hay dominancia completa de una sola especie y valores que se aproximan a cero se obtienen cuando hay numerosas especies.

Resultados y Discusión

Se identificaron 66,789 artrópodos entre las parcelas de maíz, de los cuales 26,197 (39.2%) correspondieron al maíz Agrisure Viptera 3111 con un índice de diversidad de la comunidad biótica de $H=0.52$ y dominancia de $S=0.84$; seguido por el Agrisure 3000 GT con 21,321 artrópodos (31.9%) con un índice de diversidad de $H=0.53$ y un índice de dominancia de $S=0.82$ y 19,271 artrópodos (28.9%) en el híbrido convencional, con índice de diversidad $H=0.55$ y dominancia $S=0.85$, no encontrándose diferencias estadísticas entre la abundancia de artrópodos entre las parcelas, observándose que las poblaciones entre los híbridos de maíz GM y el convencional provienen de una misma comunidad ($P=0.947$, $gl=2$).

Se registró una riqueza total de 121 familias en las parcelas de maíz evaluadas, de las cuales se contabilizaron 51 familias de fitófagos, y se encontraron 36 en el maíz Agrisure Viptera 3111; 38 en el Agrisure 3000 GT y 41 en el híbrido convencional. La riqueza de depredadores estuvo representada por 21 familias, de estas se encontraron 17 en el Agrisure Viptera 3111 y en el Agrisure 3000 GT y 15 en el híbrido convencional. Los parasitoides fueron representados por una riqueza de 25 familias, ubicando 23 en el Agrisure Viptera 3111 y 18 familias en el Agrisure 3000 GT e híbrido convencional. La riqueza para el grupo saprófago registró 24 familias, de las cuales se encontró una riqueza de 20 familias en el Agrisure Viptera 3111, 18 familias en el Agrisure 3000 GT y 20 en el híbrido convencional; encontrándose que la riqueza de familias entre el maíz Agrisure Viptera 3111, Agrisure 3000 GT y el convencional provienen de una misma comunidad ($P=0.859$, $gl=2$) y su abundancia es propia de su distribución espacial y dinámica poblacional y no está influenciada por efecto de la inserción de la toxina Cry en el maíz GM.

La abundancia, diversidad y dominio de la comunidad no difiere entre parcelas, con una mayor densidad poblacional en las parcelas de maíz genéticamente modificado, lo que sugiere que la tecnología Agrisure Viptera 3111 y Agrisure 3000 GT no tiene un efecto negativo sobre la comunidad de artrópodos no blanco del agroecosistema maíz, siendo congruentes con otros trabajos en diferentes cultivos Bt; tal como lo reportaron Fang-Fang *et al.* (2007), en un experimento en campo con arroz Bt al no observar diferencias significantes entre parcelas genéticamente modificadas y parcelas convencionales sobre la diversidad y dominancia de la comunidad, con una similaridad bastante alta, concluyendo que el arroz con la tecnología en general no ejerce efectos negativos sobre los artrópodos en este cultivo. Por otro lado Higgins *et al.* (2009), no encontraron un impacto significativo sobre la abundancia de la comunidad de artrópodos no blanco en campos de maíz Bt que expresa la toxina Cry1F por tres años de muestreo de la diversidad de artrópodos y es claro que la diversidad y abundancia es propia de la distribución espacial de cada organismo dentro del agroecosistema.

Cuadro 1. Densidad poblacional de artrópodos en maíz genéticamente modificado y convencional en Navolato, Sinaloa.

Artrópodos	Agrisure Viptera 3111	Agrisure 3000 GT	Híbrido convencional	gl	$P \geq 0.05$
Fitófagos	13,438	14,957	11,300	2	0.794
Depredadores	1,589	2,153	585	2	0.993
Parasitoides	1,520	1,497	1,777	2	0.541
Saprófagos	9,650	2,714	5,609	2	0.853

gl= grados de libertad, $P \geq 0.05$ =Prueba de Kruskal-Wallis.

El agroecosistema maíz presenta una gran variedad de organismos de distintas especies que coexisten en una comunidad, de los cuales el grupo constituido por fitófagos presentó la mayor abundancia en las tres parcelas evaluadas con el 59.4 % de la población, destacando Aleyrodidae, Agromyzidae, Cecidomyiidae, Thripidae, Ulidiidae y Cicadellidae con una mayor densidad poblacional en el Agrisure 3000 GT y Agrisure Viptera 3111, no encontrándose diferencias significativas entre las parcelas de maíz (Cuadro 1) y un mayor índice de diversidad en la parcela de maíz convencional con $H = 0.50$ y un índice de dominancia de $S = 0.77$, sobre el maíz Agrisure Viptera 3111 con un índice de diversidad de $H = 0.47$ y de dominancia de $S = 0.72$ y el Agrisure 3000 GT con un índice de diversidad de $H = 0.40$ y dominancia de $S = 0.65$ (Cuadro 2).

Dentro de la cadena trófica en el agroecosistema maíz, el grupo de los depredadores presentó una abundancia de 6.5 % de la población, en diversas familias como Formicidae, Coccinellidae y Anthocoridae, con una mayor densidad poblacional en el Agrisure 3000 GT y Agrisure Viptera 3111, no encontrándose diferencias significativas entre las parcelas (Cuadro 1) y un mayor índice de diversidad en la parcela de maíz convencional con $H = 0.65$ y un índice de dominancia con $S = 0.74$, sobre el maíz Agrisure Viptera 3111 con un índice de diversidad de $H = 0.43$ y de dominancia de $S = 0.52$ y el Agrisure 3000 GT con un índice de diversidad de $H = 0.43$ y dominancia de $S = 0.50$ (Cuadro 2).

En el agroecosistema maíz se encontró a los parasitoides con una abundancia de 7.2 % de la población, destacando las familias Encyrtidae, Pteromalidae, Scelionidae, Acroceridae y Tachinidae, con mayor densidad poblacional en la parcela de maíz convencional, sin diferencias significativas entre parcelas (cuadro 1). La diversidad y dominancia para este nivel trófico fue mayor en el maíz convencional con $H = 0.68$ y un índice de dominancia de $S = 0.82$, sobre la parcela de maíz Agrisure Viptera 3111 con un índice de diversidad de $H = 0.67$ y un índice de dominancia de $S = 0.83$ y la parcela de maíz Agrisure 3000 GT con un índice de diversidad de $H = 0.67$ y dominancia de $S = 0.81$ (Cuadro 2).

Los descomponedores de materia orgánica (Saprófagos) representa el segundo nivel trófico más ampliamente distribuido en el agroecosistema maíz, con una abundancia del 26.9 % de la población, destacando los Collembola: Entomobryidae e Isotomidae y los dípteros Phoridae, Psychodidae y Scatopsidae, con mayor densidad poblacional en la parcela de maíz Agrisure Viptera 3111, no encontrándose diferencias significativas entre parcelas de maíz (cuadro 1), y con mayor diversidad en la parcela de maíz Agrisure 3000 GT con $H = 0.48$ y dominancia de $S = 0.66$, mientras que el Agrisure Viptera 3111 presentó un índice de diversidad de $H = 0.25$ y de dominancia de $S = 0.40$ y el híbrido convencional una diversidad de $H = 0.21$ y dominancia de 0.23 (Cuadro2).

Cuadro 2. Índice de Diversidad y de Dominancia de artrópodos en maíz genéticamente modificado y convencional en Navolato, Sinaloa.

Artrópodos	Agrisure Viptera 3111		Agrisure 3000 GT		Híbrido convencional	
	H	S	H	S	H	S
Fitófagos	0.47 ± 0.10	0.72 ± 0.03	0.40 ± 0.08	0.65 ± 0.04	0.50 ± 0.09	0.77 ± 0.02
Depredadores	0.43 ± 0.09	0.52 ± 0.11	0.43 ± 0.08	0.50 ± 0.12	0.65 ± 0.11	0.74 ± 0.05
Parasitoides	0.67 ± 0.11	0.83 ± 0.02	0.67 ± 0.12	0.81 ± 0.02	0.68 ± 0.12	0.82 ± 0.02
Saprófagos	0.25 ± 0.08	0.40 ± 0.13	0.48 ± 0.11	0.66 ± 0.06	0.21 ± 0.04	0.23 ± 0.17

Índices \pm Desviación estándar por tratamiento evaluado. H=Índice de diversidad, S=Índice de dominancia.

Las plantas GM presentan un menor daño por sus plagas primarias; que lo hace atractivo hacia otros insectos fitófagos, como se observa en el presente estudio con la gran cantidad de fitófagos identificados, y que tienen la probabilidad de ingerir las proteínas Cry, sin embargo; no se conoce ningún mecanismo que afecte a fitófagos sin sitios específicos para la proteína de Bt incorporada en las plantas de maíz (Daly y Buntin 2005), con excepción de ciertos insectos que están estrechamente relacionados con las plagas objetivo (Betz *et al.* 2000). Esta diversidad de fitófagos a su vez ocasiona que sus enemigos naturales también sean atraídos, autorregulándose las poblaciones en un nuevo equilibrio de la población en las diferentes comunidades tróficas, encontrando que la diferencia poblacional de depredadores que habitan en el follaje y aumento en el número de individuos se produce en función de la disponibilidad de recursos alimenticios y de protección para su hábitat dentro de la cadena trófica.

El nivel trófico de los parasitoides es homogéneo entre sí y con una distribución aleatoria entre las parcelas, no observándose diferencias ante la ausencia de lepidópteros blanco de la tecnología Bt del maíz GM, indicando que estos representan una pequeña porción de la cantidad de hospederas disponibles para los parasitoides presentes, además de encontrarse una abundancia de hospederas alternos.

Para los descomponedores de materia orgánica presentes en la parcela de maíz GM, el maíz Agrisure Viptera 3111 y Agrisure 3000 GT no representan un riesgo hacia este grupo, dado que las proteínas Cry se ha demostrado que se degradan rápidamente en los residuos que se incorporan al suelo (Betz *et al.* 2000) e incluso este grupo ha sido beneficiado en su población al estar expuestos a un sustrato con las proteínas Cry en estudios de laboratorio como de campo, sin efectos negativos (Duan *et al.* 2010).

Estos resultados sugieren que el maíz GM no tiene un efecto negativo sobre la comunidad de artrópodos no blanco, como se ha documentado en estudios de campo y laboratorio que evalúan los efectos sobre la abundancia de los invertebrados no objetivo expuestos a diversas δ -endotoxinas Cry de Bt (Daly y Buntin 2005; Duan *et al.* 2010; Hilbeck *et al.* 1998; Kiss *et al.* 2003; Ludy y Lang 2006; Pons *et al.* 2005).

Conclusión

El maíz Agrisure Viptera 3111 y Agrisure 3000 GT no tienen un efecto negativo en la abundancia de artrópodos no blanco en la zona agrícola de Navolato, Sinaloa.

Agradecimientos

A la compañía Syngenta Agro S.A de C.V. por haber proporcionado el material genético para la presente investigación.

Literatura Citada

- Betz, F. S., B. G. Hammond and R. L. Fuchs. 2000. Safety and Advantages of *Bacillus thuringiensis*-Protected Plants to Control Insect Pests. *Reg. Tox. Pharmacol.* 32: 156–173.
- Bruck, J. D., Lopez, M. D., Lewis L. C., Prasifka J. R. and R. D. Gunnarson. 2006. Effects of Transgenic *Bacillus thuringiensis* Corn and Permethrin on Nontarget Arthropods. *J. Agric. Urban Entomol.* 23(3): 111-124.
- Daly, T. and Buntin G. D. 2005. Effect of *Bacillus thuringiensis* Transgenic Corn for Lepidopteran Control on Nontarget Arthropods. *Environ. Entomol.* 34(5): 1292-1301.

- Duan, J. J.; J. G. Lundgren; S. Naranjo and M. Marvier. 2010. Extrapolating non-target risk of Bt crops from laboratory to field. *Biol. Lett.* 6: 74–77.
- Fang-Fang L.; Y. Gong-Yin; W. Qiong; P. Yu-Fa; and C. Xue-Xin. 2007. Arthropod Abundance and Diversity in Bt and Non-Bt Rice Fields. *Environ. Entomol.* 36(3): 646-654.
- Groot, A. T. and M. Dicke. 2002. Insect-resistant transgenic plants in a multi-trophic context. *The Plant Journal.* 31(4): 387-406.
- Higgins, L. S., Babcock, J., Neese, P., Layton, R. J., Moellenbeck, D. J. and N. Storer. 2009. Three-Year Field Monitoring of Cry1F, Event DAS-Ø15Ø7-1, Maize Hybrids for Nontarget Arthropod Effects. *Environ. Entomol.* 38 (1): 281-292.
- Hilbeck, A.; M. Baumgartner; M. F. Padruot and F. Bigler. 1998. 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.
- Kiss, J., F. Szentkirályi, F. Tóth, Á. Szénási, F. Kádár, K. Árpás, D. Szekeres and C. R. Edwards. 2003. Bt corn impact on non-targets and adjusting to local IPM systems. 157-172. In: Lelley T., E. Balázs, and M. Tepfer (Eds.) 2003. *Ecological Impact of GMO Dissemination in Agro-Ecosystems.* Austria. 218 Pág.
- Ludy, C and A. Lang. 2006. A 3-year Weld-scale monitoring of foliage-dwelling spiders (Araneae) in transgenic Bt maize Welds and adjacent Weld margins. *Biological Control* 38: 314–324.
- Moreno, C. E. 2001. Métodos para medir la biodiversidad. M&T–Manuales y Tesis SEA, vol. 1. Zaragoza, 84 Pág.
- Pons, X., B. Lumbierres, C. López, and R. Albajes. 2005. Abundance of non-target pests in transgenic Bt-maize: A farm scale study. *Eur. J. Entomol.* 102:73–79.
- Secretaría de Agricultura, Ganadería, Pesca y Alimentación (SAGARPA)-Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (SENASICA). 2014. Estatus de Solicitudes de Permisos de liberación al ambiente de Organismos Genéticamente Modificados. En: <http://www.senasica.gob.mx/> Fecha de Consulta: 15/04/2014
- Silva, C. C. A. 2005. Maíz Genéticamente Modificado. AGRO-BIO. Bogotá, Colombia. Pág. 60.