

# Sociedades Rurales

Producción y Medio Ambiente



Revista semestral del Departamento de Producción Agrícola y Animal  
de la UAM-X ISSN 2007-7556



Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA  
UNIDAD XOCHIMILCO

34

diciembre 2011



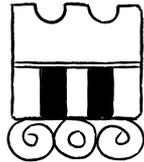
# **Sociedades Rurales**

**Producción y Medio Ambiente**



# Sociedades Rurales

Producción y Medio Ambiente



Casa abierta al tiempo  
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA  
UNIDAD XOCHIMILCO

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA

Rector General

**Dr. Eduardo Abel Peñalosa Castro**

Secretario General

**Dr. José Antonio de los Reyes Heredia**

UNIDAD XOCHIMILCO

Rector

**Dr. Fernando de León Gozález**

Secretaria

**Dr. Claudia Mónica Salazar Villava**

DIVISIÓN DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE LA SALUD

Director

**Mtro. Rafael Díaz García**

Jefa del Depto. de Producción Agrícola y Animal

**Dr. Rey Gutiérrez Tolentino**

Director de la revista

**Adolfo Álvarez Macías**

COMITE EDITORIAL

**Ciencias Agrícolas**

**Dr. Carlos H. Ávila Bello**

Facultad de Ingeniería en Sistemas de Producción Agropecuaria  
Universidad Veracruzana

**Dr. Rodolfo Figueroa Brito**

Centro de Desarrollo de Productos Bióticos  
Instituto Politécnico Nacional

**Dr. Daniel Ruiz Juárez**

Departamento de Producción Agrícola y Animal  
Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco

**Ciencias Pecuarias**

**Dr. Carlos Arriaga Jordán**

Instituto de Ciencias Agropecuarias y Desarrollo Rural  
Universidad Autónoma del Estado de México

**Dr. Luis Corona Gochi**

Jefe del Departamento de Nutrición Animal y Bioquímica  
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia  
Universidad Nacional Autónoma de México

**Dr. Antonio Martínez García**

Departamento de Producción Agrícola y Animal  
Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco

**Calidad e Inocuidad de Productos Agroalimentarios**

**Dr. Arturo Camilo Escobar Medina**

Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria (Cuba)

**Dr. Eduardo Morales Barrera, UAM-X**

Departamento de Producción Agrícola y Animal  
Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco

**Dra. Silvia D. Peña Betancourt**

Departamento de Producción Agrícola y Animal  
Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco

**Economía y Desarrollo Rural**

**Dr. Tamara Perelmutter**

Instituto de Investigaciones Gino Germani (IIGG)  
Universidad de Buenos Aires

**Acuicultura y Pesca**

**Dr. Iván Gallego Alarcón**

Diseño y formación

**D. C. G. Mary Carmen Martínez Santana**

Corrección

**D. C. G. Amada Pérez**

SOCIEDADES RURALES, PRODUCCIÓN Y MEDIO AMBIENTE.

Año 2017, número 34 julio-diciembre de 2017, es una publicación semestral de la Universidad Autónoma Metropolitana, a través de la Unidad Xochimilco, División de Ciencias Biológicas y de la Salud, Departamento de Producción Agrícola y Animal. Prolongación Canal de Miramontes 3855, Col. Ex-Hacienda San Juan de Dios, Delegación Tlalpan, C.P. 14387, México, D.F., y Calzada del Hueso 1100, Col. Villa Quietud, Delegación Coyoacán, C.P. 04960, México, D.F., Tel. 54837231 y 54837230. Página electrónica de la revista: <http://srpma.xoc.uam.mx> y dirección electrónica: [aalvarez@correo.xoc.uam.mx](mailto:aalvarez@correo.xoc.uam.mx) Editor Responsable Adolfo Álvarez Macías.

Certificado de Reserva de Derechos al Uso Exclusivo del Título No. 04-2011-081214583100-203, ISSN 2007-7556, ambos otorgados por el Instituto Nacional del Derecho de Autor.

Índices de revistas a los que pertenece SRPMA: LATINDEX y PERIODICA. Responsable de la última actualización de este número:

Mary Carmen Martínez Santana, asesor externo  
correo: [macma\\_577@hotmail.com](mailto:macma_577@hotmail.com).

Tamaño del archivo 2800 KB.

Las opiniones expresadas por los autores no necesariamente reflejan la postura del editor de la publicación.

Queda estrictamente prohibida la reproducción total o parcial de los contenidos e imágenes de la publicación sin previa autorización de la Universidad Autónoma Metropolitana.

Suscripción anual (2 números)

México: \$220.00

Estados Unidos: \$50.00 USD

Centro América y Sudamérica: \$40.00 USD

Europa: \$60.00 USD

© 2000, Universidad Autónoma Metropolitana, D.R.

# Índice

<b>Editorial</b>	9
<b>Política de la revista</b>	13
<b>ARTÍCULOS CIENTÍFICOS</b>	
<b>Comunidades Forestales del Centro para la Conservación e Investigación de la Vida Silvestre (CIVS) San Cayetano, Estado de México</b> <i>Iván Ernesto Roldán Aragón, Héctor Reyes Rojas, Aurora Chimal Hernández, Claudia Hernández Díaz y Jesús Sánchez Robles</i>	17
<b>Los derechos colectivos sobre los recursos genéticos, asociados al conocimiento tradicional en México. ¿Es posible la defensa de estos derechos desde la implementación del Protocolo de Nagoya?</b> <i>Arcelia González Merino</i>	49
<b>Evaluación del crecimiento en <i>Trichogaster trichopterus</i> (Pallas 1770) (Teleostei: Osphronemidae) con diferentes alimentos</b> <i>Araceli Cortés García, Alicia Montiel Borbolla, Martha Rodríguez Gutiérrez y Jesús Dámaso Bustamante González</i>	77

<b>Hongos patógenos y micotoxinas en genotipos de maíz (<i>Zea mays</i> L.) comercializados en algunos estados del Centro de México</b> <i>Silvia Denise Peña Betancourt</i>	95
---	----

## **ARTÍCULOS DE REVISIÓN**

<b>Fundamentos y Prospecciones del Paradigma de las Ciencias Ómicas en la Salud Humana (Primera Parte)</b> <i>Guadalupe Prado Flores y Arturo César García Casillas</i>	111
--	-----

<b>Plaguicidas organofosforados: un desafío entre la productividad y la salud</b> <i>Guadalupe Prado Flores, Octavio Castelán Ortega y Arturo César García Casillas</i>	137
--	-----

<b>Comportamiento de la porcicultura mexicana de los años 1970 a 2017. Una revisión documental sobre su desempeño</b> <i>Adrian Emmanuel Iglesias Reyes, Alda Roció Ortiz Muñiz, María de Lourdes Juárez Mosqueda, Jesús Alberto Guevara González y Alejandro Córdova Izquierdo</i>	153
--	-----

<b>Guía de autores</b>	173
------------------------	-----

# Editorial

La revista *Sociedades Rurales, Producción y Medio Ambiente* es una publicación del Departamento de Producción Agrícola y Animal de la Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco, desde el año 1990. Su publicación se inició en forma impresa, no obstante, con el fin de ahorrar recursos y ampliar el número de lectores se ha venido consolidando como revista electrónica.

En esa línea, la revista está en un proceso de mejora continua de sus procesos editoriales, apegándose a los criterios de calidad que emiten los organismos especializados. Por ello, en los últimos números se han mantenido contenidos con un mayor número de colaboraciones, aun cuando esto ha propiciado ciertos retrasos en la aparición de la revista, pero manteniendo su continuidad. En cualquier circunstancia, se valoran los avances alcanzados, que esencialmente pueden atribuirse a los autores, árbitros, comentaristas y editoras, así como al respaldo de la Jefatura del Departamento de Producción Agrícola y Animal. Desde la dirección de la revista se ha actuado para elevar la calidad de las contribuciones, agilizar los periodos de interacción entre autores y árbitros, aumentar la cartera de éstos y ampliar la difusión de la revista para captar mayor número de contribuciones. En este contexto, sigue abierta la convocatoria para que investigadores y estudiosos de diversas instituciones nacionales y del extranjero, y desde las diferentes disciplinas relacionadas al desarrollo de las sociedades rurales, producción y medio ambiente propongan aportaciones derivadas de sus investigaciones. La participación puede

ser directa o por medio de la invitación de pares académicos, estudiantes de posgrado y cualquier otro actor con potencial para proponer trabajos susceptibles de ser publicados.

En este número también se presentan trabajos con temáticas variadas, revelando las crecientes preocupaciones y áreas de estudio seleccionadas por los autores. Así, en el primer artículo de este número se analiza la estructura, composición florística y distribución de las comunidades forestales en el Centro para la Conservación e Investigación de la Vida Silvestre (CIVS) San Cayetano, Estado de México, así como su relación con factores ambientales, para lo cual se muestrearon, durante 2011 y 2012, en 23 sitios, los árboles con diámetro a la altura del pecho igual o mayor a 7.5 cm y altura mínima de 1.3 m. Se registraron 24 especies de árboles, de 17 géneros y 15 familias, incluidas en cinco comunidades forestales y cartografiadas en cuatro. La altitud mostró la relación más consistente con la distribución de las comunidades. El CIVS San Cayetano está cubierto por bosque templado en un grado de conservación aceptable, por lo que se puede considerar como un área representativa de los bosques de la región.

En el segundo artículo se examina si es posible defender los derechos colectivos sobre los recursos genéticos asociados al conocimiento tradicional en México, desde la implementación del Protocolo de Nagoya. Con ese fin el artículo se divide en cuatro apartados: en el primero se explica la perspectiva teórica del trabajo, en torno al concepto de gobernanza; en el segundo, se analiza la problemática del acceso a los recursos genéticos y el compartimiento de los beneficios; en un tercero, se revisa el Protocolo de Nagoya, y en el cuarto, el caso de México, incluyendo el análisis de la iniciativa de Ley General de Biodiversidad.

En el siguiente artículo se detectaron hongos micotoxigénicos, la contaminación simultánea de micotoxinas y el contenido de proteína y lípidos, en un total de 26 genotipos de maíz. La detección de hongos se llevó a cabo bajo el procedimiento estándar microbiológico en placa, la técnica de Espectroscopia de Reflectancia Cercana al Infrarrojo (NIRS) para nutrientes y la detección de micotoxinas mediante la técnica de

inmunoensayo enzimático (ELISA) y la Cromatografía Líquida acoplada a masas (UHPLC/MS/MS). Los resultados mostraron variaciones en el contenido de nutrientes entre genotipos y lugar de procedencia, sin relación directa con la contaminación de micotoxinas, por ende, se concluye que la calidad nutricional, sanitaria y toxicológica del maíz presenta una variación conforme al genotipo y que la contaminación por hongos fitopatógenos y micotoxinas es un problema emergente que puede ocasionar un problema de salud poblacional, lo que se podría paliar con híbridos de maíz mejorados, adaptados a las condiciones del sitio de producción y sujetos a un monitoreo periódico de micotoxinas en la semilla para siembra y en el grano almacenado.

En el cuarto artículo se evaluó el efecto de cuatro alimentos en el crecimiento de *Trichogaster trichopterus* y se determinó, con base al análisis costo-beneficio, la mejor alternativa para mantener a los organismos durante el periodo previo a su venta. El experimento consistió en mantener 30 individuos para cada tratamiento en peceras de 80 L, alimentados con 3% de la biomasa, dividida en tres raciones con una duración de 90 días con: T1) alimento comercial para trucha Silver Cup El Pedregal®; T2) larva de tenebrio (*Tenebrio molitor*); T3) nixtamal, y T4) alimento mixto (alimento comercial + larva de tenebrio + nixtamal, en proporciones iguales). Para determinar el crecimiento se registró la longitud total y altura (mm) con vernier digital marca SURTEK® ( $\pm 0.001$  mm) y el peso (g) con una balanza digital marca: Sartorius talent® ( $\pm 0.1$  g). Los resultados muestran que los organismos alimentados con T1 tuvieron mayor incremento en longitud y peso. En altura de los organismos, el grupo T4 evidencia mayor incremento. Para optimizar y reducir costos de operación en el cultivo de *T. trichopterus* y otras especies de ornato, el empleo del nixtamal es una opción adecuada para los productores.

A partir de la quinta contribución se incluyeron tres artículos de revisión: en el primer caso, se examina cómo los plaguicidas organofosforados son un grupo de sustancias orgánicas derivadas de la estructura química de los ácidos fosfóricos, que han sido utilizados como aditivos

del petróleo, disolventes, barnices, aislantes eléctricos, impermeabilizantes, herbicidas, fungicidas e insecticidas, entre otros. Debido a su amplia distribución y uso en diferentes industrias suelen producir intoxicaciones accidentales. Por ello, en este artículo se resumen aspectos históricos, propiedades fisicoquímicas, las principales aplicaciones en la actividad agrícola y el daño sanitario y ecológico en diversos ecosistemas contaminados con plaguicidas. El siguiente artículo de revisión nos presenta la segunda parte del presentado en el número anterior de esta revista en torno al paradigma de las ciencias ómicas en la salud humana, revelando que en el campo actual de las ciencias biológicas progresa una corriente de las ciencias del genoma con la vinculación y aplicación de la bioinformática de vanguardia, que se integra con atributos multidisciplinario, instrumental y fenomenológico. Con este conjunto se viene edificando un constructo teórico-metodológico-bioinformático relevante en el presente y con gran significado en la prospección del conocimiento de la vida planetaria. La biología de sistemas integra el conocimiento especializado de la genómica, epigenómica, transcriptómica, proteómica, metabolómica e interactómica como plataforma a otras disciplinas ómicas. Finalmente, se concluye con una revisión en torno a aspectos socioeconómicos de la porcicultura en los escenarios mundial y nacional. Se destaca que en México, la porcicultura ha sido una fuente de ingresos y generadora de empleos, sin embargo, a partir de 1984, con el retiro en subsidios hacia los porcicultores, el alza de precios en sorgo y oleaginosas y la apertura al mercado internacional, este sector ha conocido constantes obstáculos en su desarrollo que han mermado su crecimiento.

Cabe reiterar que el proceso de mejora general en que se mantiene la revista se reforzará para que se logre el reconocimiento necesario que atraiga a nuevos autores y lectores, por tanto, son bienvenidas todas las sugerencias y observaciones que se consideren pertinentes y coadyuven en este proceso.

**Adolfo Álvarez Macías**  
Director

## Política de la revista

Desde el Departamento de Producción Agrícola y Animal, de la Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco, se continúa con la misión de publicar regularmente y avanzar en la consolidación de la revista *Sociedades Rurales, Producción y Medio Ambiente* para que, a su vez, ésta sirva de instrumento de promoción y difusión del trabajo científico del personal académico del propio Departamento, así como de sus pares académicos.

Desde su origen, la revista se planteó con el objetivo central de comunicar y promover los avances en el desarrollo de las ciencias y campos de conocimiento asociados al estudio multidisciplinario de la producción y las transformaciones sociales, económicas, tecnológicas y ambientales en los territorios rurales, en el marco de un sistema alimentario mundial en permanente evolución.

Las temáticas que se privilegian en esta publicación comprenden los procesos que inciden en la confección de los distintos modelos de producción agropecuaria, silvícola, acuícola y pesquera, así como las actividades conexas al desarrollo rural bajo los métodos de análisis y la aplicación del conocimiento biológico, ambiental y socioeconómico, sin olvidar los análisis interdisciplinarios que se vienen construyendo. Así, la publicación comprende los cuerpos de conocimientos y métodos de las ciencias biológicas, sociales y ecológicas que tratan de explicar

los problemas –científicos, tecnológicos y culturales– que enfrentan las sociedades a través de sus territorios rurales, la agricultura, los recursos naturales, la alimentación y el desarrollo regional. En esa lógica, se trata de que se discutan y formulen alternativas de solución para los diversos problemas y retos locales, regionales, nacionales y globales.

De esta forma, *Sociedades Rurales, Producción y Medio Ambiente* se orienta hacia la evaluación de la investigación de frontera y el nivel actual de la discusión entre disciplinas relacionadas con el objeto de estudio. Desde esa perspectiva, se pretende que las distintas contribuciones en la revista aborden la temática con rigor científico y con una visión humanista que brinde proyección y sentido a los resultados presentados. En ese marco, se reitera que la política de la revista promueve la publicación de trabajos que aporten información inédita y original bajo las siguientes cuatro modalidades: i) Artículos de investigación, ii) Artículos de revisión y Notas de investigación, iii) Ensayos y revisiones bibliográficas y iv) Reseñas de libros y de eventos especializados.

De esta forma, la publicación se mantiene como un campo abierto, crítico y constructivo que busca enriquecer las explicaciones científicas e interpretaciones que coadyuven al desarrollo rural, agropecuario, alimentario y regional, teniendo como principios rectores: la equidad, la sostenibilidad y la competitividad.

Aparte de las contribuciones individuales, también se viene fomentando la edición de números temáticos, desarrollados por grupos formales e informales de investigación, para el abordaje de objetos de estudio comunes bajo distintas ópticas analíticas, métodos de trabajo, e incluso disciplinas. Para los interesados en esta segunda opción se les invita a contactar a la dirección de la revista para coordinar de la mejor manera posible alternativas de este tipo.

En síntesis, esta revista se mantiene como una casa abierta para contribuciones del medio científico, tecnológico y del desarrollo que permitan fomentar y dar sustento al trabajo académico. Finalmente, nos

gustaría subrayar que esta revista está inscrita en LATINDEX, así como en PERIODICA, esperando en el futuro cercano avanzar en ese sentido.

Para mayor información sobre la publicación, favor de dirigirse a:

Adolfo Álvarez Macías, Director de la revista: edificio 34, tercer piso, jefatura del Departamento de Producción Agrícola y Animal.

Calzada del Hueso 1100, Col. Villa Quietud, Coyoacán, 04960, Ciudad de México. Tels. 5483-7230 y 7231,

e-mail: [aalvarez@correo.xoc.uam.mx](mailto:aalvarez@correo.xoc.uam.mx).

La guía para autores puede consultarse en: <http://srpma.xoc.uam.mx>.



# Comunidades Forestales del Centro para la Conservación e Investigación de la Vida Silvestre (CIVS) San Cayetano, Estado de México

Iván Ernesto Roldán Aragón<sup>1</sup>, Héctor Reyes Rojas<sup>1</sup>, Aurora Chimal Hernández<sup>2</sup>,  
Claudia Hernández Díaz<sup>2</sup> y Jesús Sánchez Robles<sup>3</sup>.

**Resumen.** Se realizó el análisis de la estructura, composición florística, distribución y relación con factores ambientales de las comunidades forestales en el Centro para la Conservación e Investigación de la Vida Silvestre (CIVS) San Cayetano, Estado de México. En 2011 y 2012 se muestreó en 23 sitios los árboles con DAP igual o mayor a 7.5 cm y altura mínima de 1.3 m. La clasificación de comunidades se realizó con Twinspan y se ordenaron con un Análisis de Correspondencia Canónica para establecer la relación con los factores ambientales. El mapa de vegetación y usos del suelo se elaboró con una clasificación supervisada, utilizando imágenes satelitales Rapid Eye de 2011, 2012 y 2013. Se registraron 24 especies de árboles, de 17 géneros y 15 familias, incluidas en cinco comunidades forestales y cartografiadas en cuatro. La altitud mostró la relación más consistente con la distribución de las comunidades. El CIVS San Cayetano está

<sup>1</sup> Laboratorio de Sistemas de Información Geográfica Aplicados a la Planeación Ambiental, Departamento El Hombre y su Ambiente, División de Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana–Unidad Xochimilco, e-mail: ieroldan@correo.xoc.uam.mx

<sup>2</sup> Laboratorio de Ecología, Sistemática y Fisiología Vegetal, Departamento El Hombre y su Ambiente, División de Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana–Unidad Xochimilco.

<sup>3</sup> Laboratorio de Estadística, Departamento El Hombre y su Ambiente, División de Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana–Unidad Xochimilco.

*cubierto por bosque templado en un estado aceptable de conservación, por lo que es un área representativa de los bosques de la región.*

**Palabras clave:** *Comunidades forestales, vegetación y usos de suelo, CIVS San Cayetano, riqueza de especies, factores ambientales.*

**Abstract.** *The analysis of the structure, floristic composition, distribution and relation with environmental factors of the forest communities in Center for the Conservation and Investigation of the Wild Life (CIVS) San Cayetano, State of Mexico was conducted. During 2011 and 2012, 23 sites were sampled, in which trees with DBH equal to or greater than 7.5 cm and a minimum height of 1.3 m were measured. The classification of communities was done with twinspan and they were ordered with a Canonical Correspondence Analysis to establish the relationship with environmental factors. The map of vegetation and land uses was prepared through a supervised classification with Rapid Eye satellite images of 2011, 2012 and 2013. There were 24 species of trees, 17 genera and 15 families, included in five forest communities and mapped in four.*

*It was found that the altitude showed the most consistent relationship with the distribution of tree communities. CIVS San Cayetano is covered by temperate forest in an acceptable state of conservation, making it an area representative of the region's forests.*

**Keywords:** *Forest communities, vegetation and land use, CIVS San Cayetano, species richness, environmental factor.*

## INTRODUCCIÓN

Los bosques han sido fuente de productos maderables y no maderables para la humanidad a lo largo de su historia, lo que ha generado vínculos importantes e indefectibles con este tipo de ecosistemas. Así, durante la segunda mitad del siglo xx y hasta nuestros días, además de poner

atención en los bienes tangibles de los ecosistemas, las miradas han sido enfocadas en las funciones ecológicas que generan servicios ecosistémicos que son parte fundamental del mantenimiento y sustento de las sociedades humanas (Millennium Ecosystem Assessment, 2003; Caro-Caro y Tórres-Mora, 2015). Pagiola *et al.* (2006) mencionan algunos de los beneficios que brindan los servicios ecosistémicos generados por los bosques, como la protección del suelo, la captura de carbono y el soporte de funciones para la biodiversidad, entre otros. Particularmente, en los ecosistemas forestales las especies de árboles juegan un papel relevante en la producción de las funciones ecosistémicas, puesto que proporcionan la estructura del hábitat de especies tanto de flora como de fauna, así como en el control de ciclos biogeoquímicos, entre ellos el ciclo del Carbono (Casanoves *et al.*, 2011), dada su condición de especies dominantes. En este sentido, es necesario establecer su relación en la conformación de la estructura de las comunidades vegetales, de tal forma que dicha información sea útil para la conservación y valoración de los servicios ecosistémicos que proporcionan.

Los Centros para la Conservación e Investigación de la Vida Silvestre (CIVS) son sitios que pueden ser útiles como áreas para investigar y valorar los recursos naturales y servicios ecosistémicos. A partir de 1997 formaron parte del Sistema de Unidades de Manejo para la conservación de la fauna silvestre bajo la tutela de la Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales. Los CIVS se crearon con el fin de reforzar la conservación de la biodiversidad, principalmente la vida silvestre y para promover formas alternativas de producción rural con el concepto de desarrollo sustentable (Semarnat, 2009).

El CIVS más antiguo del país, fundado en 1944, es San Cayetano (CIVS-C), ubicado en el municipio de Villa de Allende, cerca de Toluca, Estado de México. Desde entonces ha participado en la recuperación de poblaciones de distintas especies, entre ellas el lobo gris mexicano (*Canis lupus baileyi*), además se ha utilizado como campo experimental forestal (Melo y Contreras, 1974), y ha sido área de enseñanza e investigación para diversas universidades públicas.

Es en el contexto de la formación de estudiantes de grado que se inserta el presente trabajo, con el interés de establecer una línea base a partir de la cual se desarrolle investigación en el ámbito de su preparación profesional, asimismo, se busca que la información generada permita desarrollar estudios de servicios ecosistémicos en el área. Los objetivos fueron: a) describir la estructura y composición florística de las comunidades de árboles, b) elaborar la cartografía de la vegetación y usos del suelo y, c) establecer la relación entre las comunidades de árboles y factores del medio.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Área de estudio

El Centro para la Conservación e Investigación de Vida Silvestre (CIVS) San Cayetano se encuentra en el municipio de Villa de Allende, en la zona poniente del Estado de México, aproximadamente a 65 km de la ciudad de Toluca y a 130 km de la Ciudad de México, entre las coordenadas geográficas 19° 20' 55.5" y 19° 22' 44.4" de latitud norte y 100° 04' 39.1" y 100° 05' 40.7" de longitud oeste (Figura 1). La Semarnat (2012) reporta una superficie de 536 ha, en cambio Melo y Contreras (1974) según el polígono de la publicación correspondiente, mencionan que el área asciende a 388.59 ha. El clima del CIVS San Cayetano es templado subhúmedo con lluvias en verano, una temperatura promedio anual de 17 °C y precipitación anual promedio de 940.4 mm (Segundo y García, 2002. Citado por Oñate-Ocaña y Herróz-Zamorano, 2009). Las rocas presentes en la cartografía de la zona, según INEGI (2005), son del tipo ígnea extrusiva ácida y básica pertenecientes a la era del Cenozoico, predominando en la zona sur y centro del CIVS las del tipo básico. Orográficamente se ubica en la sierra de Zitácuaro en altitudes que van de 2460 msnm a 2785 msnm en el cerro El Molcajete, con relieve ondulado en la zona norte y que llega a ser abrupto en algunos sitios al sur del CIVS (Melo y Contreras, 1974).

Los suelos reportados para el área según la Base Referencial Mundial del Recurso Suelo (WRB, por sus siglas en inglés) son Andosol como unidad dominante, seguido por suelo Luvisol y Leptosol (INEGI, 2014). La vegetación del área corresponde a bosque templado de pino y pino-encino (Oñate-Ocaña y Herróz-Zamorano, 2009).

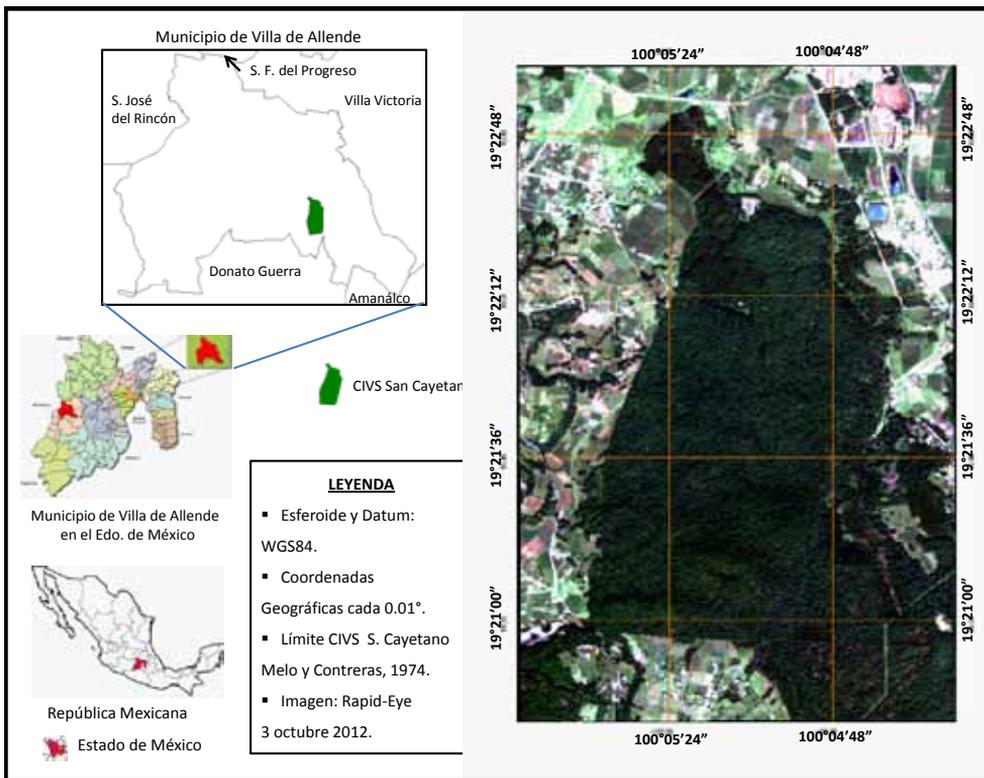
Se encuentra en la cuenca hidrográfica Valle de Bravo-Amanalco que forma parte de la cuenca hidrológica del Río Cutzamala, zona de captación de agua importante para el país, ya que abastece al área metropolitana de la Ciudad de México y parte del Estado de México (Elías, 1993). En el CIVS se localiza un manantial, parcialmente entubado que abastece a varios poblados colindantes y es fuente de agua para la presa Almoloyita (7500 m<sup>2</sup>) e inicio del arroyo que corre de la parte centro del área hacia su límite norte.

## MÉTODOS

Fueron realizados cuatro muestreos de campo: diciembre de 2009, abril, junio y agosto de 2010. Se registraron datos en 23 unidades de muestreo circulares de 11.28 m de radio (400m<sup>2</sup>) distribuidas de manera preferencial (Matteucci y Colma, 1982; Kent y Coker, 1998), con base al conocimiento previo y observación de cambios en la estructura de las comunidades, así como por la accesibilidad. En cada sitio se consideraron únicamente árboles con diámetro a la altura del pecho (DAP), igual o mayor a 7.5 cm y altura superior a 1.3 m; la caracterización de los sitios consistió en el registro de la altitud, inclinación y orientación de ladera, así como de la estimación visual (%) de la pedregosidad, de suelo descubierto, hojarasca y cobertura de cada estrato de la vegetación. Se recolectaron ejemplares botánicos que fueron determinados con claves taxonómicas para la flora de la región, considerando como antecedente la lista de la composición florística de la *Estación Experimental de Flora y Fauna Silvestre San Cayetano*, de Melo y Contreras (1974); posteriormente, los ejemplares se cotejaron en el Herbario Nacional del Ins-

tituto de Biología de la Universidad Nacional Autónoma de México (MEXU), siendo depositados en este herbario y en el de la Universidad Autónoma de Chapingo (CHAP). La forma de vida del árbol fue confirmada con base a la descripción de las especies elaborada por Rzedowski y Rzedowski (2005). Los nombres científicos y autores se corroboraron en la página TROPICOS del jardín Botánico de Missouri (Missouri Botanical Garden, 2017).

**Figura 1. Ubicación geográfica del CIVS San Cayetano.**



Se estimó el valor de importancia (VI) de las especies considerando las medidas relativas de densidad, área basal y frecuencia (Mostacedo y Fredericksen, 2000). La clasificación de las comunidades forestales se realizó con base en el método divisivo de clasificación denominado “Análisis de Especies Indicadoras de Dos Vías” (Two Way Indicator Species Analysis –TWINSPAN, Hill, 1979), utilizando al área basal (cm<sup>2</sup>) de las especies como medida de dominancia, con ocho niveles de corte (0, 100, 200, 500, 1000, 2500, 5000, 10000) para la definición de pseudoespecies. Los nombres de las comunidades se asignaron considerando las dos o tres especies dominantes derivadas del análisis de clasificación. El procesamiento se realizó en el Software PCORD for Windows v. 4 (McCune y Mefford, 1999). Asimismo, se desarrolló un Análisis Canónico de Correspondencia (CCA, por sus siglas en inglés) (Ter-Braak, 1986) para determinar, de manera descriptiva, la relación entre la abundancia y las variables ambientales, entre ellas la exposición e inclinación de ladera, altitud e iluminación. El análisis se realizó considerando valores del número de individuos y área basal para visualizar cuál información podría representar mejor esta relación. Para este análisis se utilizó el programa MultiVariate Statistical Package (Kovach Computing Service, 2013). El plano de iluminación del terreno fue obtenido utilizando el modelo digital (15 m de resolución, INEGI, 2012) del CIVS, considerando un ángulo de elevación del sol cada 15° y el azimut para cada estación del año, produciendo así un plano con valores relativos de iluminación anual (Eastman, 2012).

El área considerada en el presente trabajo fue de 388 ha, superficie obtenida de la digitalización del polígono de la *Estación Experimental de Fauna Silvestre de San Cayetano, Estado de México*, publicado por Melo y Contreras (1974).

Para elaborar la cartografía de las comunidades arbóreas se utilizaron imágenes del satélite Rapid Eye proporcionadas por la Conabio. El proceso de clasificación fue de tipo supervisado, iniciando con la segmentación (Eastman, 2012) de la imagen para la obtención de campos de entrenamiento y firmas espectrales, y con el algoritmo de máxima

verosimilitud, asignando una probabilidad *a priori* a cada clase de vegetación y uso del suelo (Chuvienco, 2006). Las bandas utilizadas fueron 1, 3, 4 y 5 del año 2013 (abril), y los tres primeros componentes principales obtenidos de imágenes de 2011 y 2012, de septiembre y octubre, respectivamente. La fiabilidad de la clasificación se obtuvo con base en 179 puntos obtenidos en el terreno durante los años 2012 al 2015.

## RESULTADOS

### Riqueza, composición y valor de importancia de especies en el CIVS San Cayetano

Se registró un total de 452 individuos de 19 especies, en 14 géneros y 12 familias (Cuadro 1). Las familias mejor representadas son Fagaceae con cuatro especies del género *Quercus* (*Q. crassifolia*, *Q. crassipes*, *Q. rugosa* y *Q. laurina*), Pinaceae con tres del género *Pinus* (*P. leiophylla*, *P. montezumae* y *P. patula*) y Rhamnaceae y Rosaceae con dos especies cada una. El resto de las familias estuvieron representadas por una especie.

**Cuadro 1. Especies de árboles registrados en el presente trabajo y por Melo y Contreras (1974) para el CIVS San Cayetano**

<b>E Is Especie</b> Familia	<b>Número de ejemplar</b>	<b>Presente trabajo</b>	<b>Melo y Contreras (1974)</b>
<b><i>Ageratina mairेतiana</i></b> (DC.) R.M. King & H. Rob Asteraceae	SC 20	X	
<b><i>Alnus acuminata</i></b> subsp. <b><i>arguta</i></b> (Schltdl.) Furlow Betulaceae	SC 30	X	X
<b><i>Arbutus xalapensis</i></b> Kunth Ericaceae	SC 43	X	X

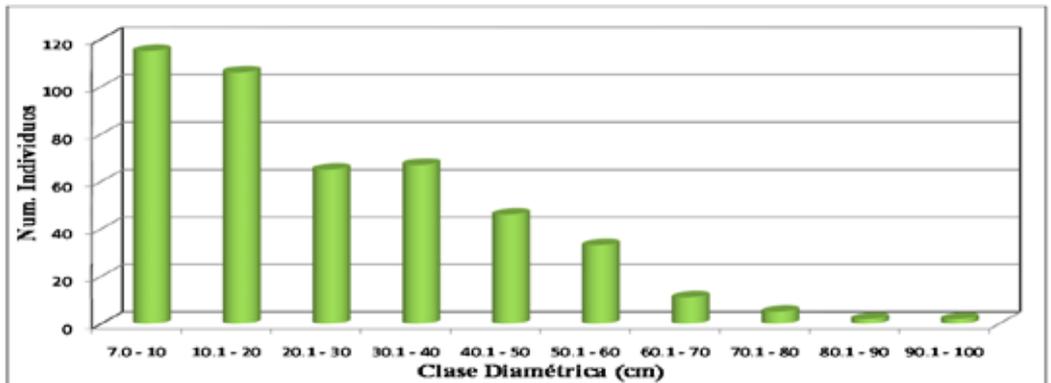
<b><i>Berberis moranensis</i></b> Schult. & Schult. f. Berberidaceae	SC46	X	X
<b><i>Buddleja cordata</i></b> Kunth Scrophulariaceae			X
<b><i>Ceanothus caeruleus</i></b> Lag. Rhamnaceae	SC 38	X	
<b><i>Clethra mexicana</i></b> DC. Clethraceae	SC 50	X	
<b><i>Cornus excelsa</i></b> Kunth Cornaceae			X
<b><i>Crataegus mexicana</i></b> DC. Rosaceae	SC 25	X	X
<b><i>Cupressus lusitanica</i></b> Mill. Cupressaceae	SC 54	X	X
<b><i>Garrya laurifolia</i></b> Hartw. ex Benth. Garryaceae	SC 40	X	X
<b><i>Quercus crassifolia</i></b> Bonpl.	SC 14	X	X
<b><i>Quercus crassipes</i></b> Benth.	SC 10	X	
<b><i>Quercus laurina</i></b> Bonpl.	SC27	X	
<b><i>Quercus mexicana</i></b> Bonpl.			X
<b><i>Quercus rugosa</i></b> Née Fagaceae	SC 18	X	
<b><i>Pinus ayacahuite</i></b> C. Ehrenb. ex Schltldl.	SC 52	X	
<b><i>Pinus leiophylla</i></b> Schiede ex Schltldl. & Cham.	SC 07	X	X
<b><i>Pinus montezumae</i></b> Lamb.	SC 05	X	X

<b><i>Pinus patula</i></b> Schiede Schltdl. & Cham. Pinaceae	SC 01	X	X
<b><i>Frangula mucronata</i></b> (Schltdl.) Grubov Rhamnaceae	SC 16	X	
<b><i>Prunus serotina</i></b> subsp. <b><i>capuli</i></b> (Cav.) McVaugh Rosaceae	SC 09	X	X
<b>*<i>Salix paradoxa</i></b> Kunth Salicaceae	SC 28	X	
<b><i>Sambucus nigra</i></b> C. Presl ex DC. Adoxaceae			X

El DAP promedio de los árboles registrados fue de 26 cm con una desviación estándar de 17.84 cm (Cuadro 2). La distribución del número de individuos por clase diamétrica (Figura 2) muestra un sesgo importante, agrupando el mayor número de individuos en las clases de menor diámetro y disminuyendo hacia las clases mayores, es decir, en las dos primeras clases: de 7.0 a 10 cm y de 10.1 a 20.0 cm se agrupa 48.8 % de los individuos, 25.4% y 23.4% de ellos, respectivamente; en las cuatro clases siguientes, de 20 cm a 60 cm, se encuentra 44.4% de los individuos y, finalmente, en las cuatro últimas (superiores a 60 cm) se ubican únicamente 4.4% de los árboles. El número de individuos por hectárea y área basal fue de 492.3 ind./ha y 38.3 m<sup>2</sup>/ha, respectivamente, con variaciones importantes para cada estadístico (Cuadro 2).

**Cuadro 2. Valores dasométricos obtenidos en el CIVS San Cayetano**

Estadístico	DAP (cm)	Altura (m)	Área basal (m <sup>2</sup> /ha)	Densidad (ind./ha)
Promedio	26.0	15.2	38.3	492.3
Desviación estándar	17.8	8.6	71.8	219.4
Mínimo	7.2	1.3	1.7	200.0
Máximo	96.0	35.0	320.2	975.0

**Figura 2. Distribución diamétrica de los árboles registrados en el CIVS San Cayetano**

Los valores relativos de densidad, área basal y frecuencia señalan de tres a cinco especies como las de mayor importancia (Cuadro 3), permutando su jerarquía según se trate de la medida considerada. Respecto al valor de densidad relativa, destaca *Quercus crassipes* (27.21%), seguida por *Pinus montezumae*, *Pinus leiophylla*, *Pinus patula* y *Crataegus mexicana* con valores entre 12.83% y 10.18%. En conjunto estas cinco especies suman 72 % del total, otras nueve se agregan en 26 % con valores entre 1.33 y 4.65%, y cinco más (2%) poseen valores menores a 1%.

**Cuadro 3. Medidas absolutas y relativas de abundancia y Valor de Importancia de las especies de árboles registrados en el CIVS San Cayetano**

Especie	AP	D	AB	F	DR	ABR	FR	VI
	(m)	(ind/ha)	(m <sup>2</sup> /ha)	(%)				
<i>Alnus acuminata</i> subsp. <i>arguta</i>	7.5	18.48	0.20	17.39	3.76	0.51	3.74	8.01
<i>Arbutus xalapensis</i>	19.8	10.87	0.89	8.70	2.21	2.32	1.87	6.41
<i>Berberis moranensis</i>	8.0	6.52	0.10	8.70	1.33	0.26	1.87	3.45
<i>Ceanothus caeruleus</i>	5.8	2.17	0.01	8.70	0.44	0.03	1.87	2.34
<i>Clethra mexicana</i>	15.0	1.09	0.04	4.35	0.22	0.11	0.94	1.27
<i>Crataegus mexicana</i>	8.3	50.00	1.08	39.13	10.18	2.81	8.41	21.39
<i>Cupressus lusitanica</i>	5	1.09	0.01	4.35	0.22	0.03	0.94	1.18

<i>Ageratina mairiana</i>	6.5	9.78	0.07	13.04	1.99	0.17	2.80	4.96
<i>Garrya laurifolia</i>	8.3	14.13	0.41	13.04	2.88	1.08	2.80	6.76
<i>Pinus leiophylla</i>	21.5	56.52	9.00	65.22	11.50	23.47	14.02	48.99
<i>Pinus montezumae</i>	22.4	63.04	10.10	56.52	12.83	26.33	12.15	51.31
<i>Pinus patula</i>	24.0	51.09	3.70	26.09	10.40	9.64	5.61	25.64
<i>Prunus serotina</i> <i>subsp. capuli</i>	8.5	11.96	0.11	30.43	2.43	0.28	6.54	9.26
<i>Frangula mucronata</i>	7.3	4.35	0.03	17.39	0.88	0.09	3.74	4.71
<i>Quercus crassifolia</i>	13.9	17.39	1.40	21.74	3.54	3.66	4.67	11.87
<i>Quercus crassipes</i>	13.2	133.70	9.20	82.61	27.21	23.98	17.76	68.95
<i>Quercus laurina</i>	10.9	15.22	0.38	17.39	3.10	0.99	3.74	7.83
<i>Quercus rugosa</i>	12.7	22.83	1.62	26.09	4.65	4.22	5.61	14.48
<i>Salix paradoxa</i>	7.5	1.09	0.01	4.35	0.22	0.03	0.94	1.18
TOTAL		491.30	38.35	465.22	100.00	100.00	100.00	300.00

AP, altura promedio; D, densidad; AB, área basal; F, frecuencia; DR, densidad relativa; ABR, área basal relativa; FR, frecuencia relativa; VI, valor de importancia.

En cuanto al valor relativo del área basal, en tres especies se reúne 74.0% del total, presentándose en el primer sitio *P. montezumae* (26.3%), seguida cercanamente por *Q. crassipes* (23.9%) y *P. leiophylla* (23.4%). Mención importante requiere *P. patula* que ocupa el cuarto lugar con un valor de área

basal relativo de 9.6%. Además de lo anterior, cinco especies suman 14.0% con valores relativos entre 4.2 y 1.0% (entre ellas *Crataegus mexicana*) y, otras 10 especies con valores menores a 1.0% se agrupan en 2.0% del total. La frecuencia relativa sigue un patrón semejante al de las medidas relativas antes mencionadas, puesto que destacan entre las especies de mayor frecuencia *Q. crassipes* (17.7%), *P. leiophylla* (14.0%) y *P. montezumae* (12.1%), que engloban 43.9% (Cuadro 3). Cuatro especies, *Crataegus mexicana*, *Prunus. serótina* subs. *capuli*, *P. patula* y *Quercus. rugosa*, se agregan a las especies relevantes dado que acumulan 26.1% de la frecuencia relativa, con valores entre 5.61 y 8.41%. El siguiente grupo está representado por nueve especie con una frecuencia relativa entre 1 y 5%, que hacen un total de 27.1%. Finalmente, el grupo que reúne 2.8% del total constituido por tres especies con valores menores a 1%. Cuando se obtiene el valor de importancia (VI), *Quercus crassipes* (22.9%) es la especie que ocupa el primer sitio, seguida por *P. montezumae* y *P. leiophylla* con 17.1 y 16.3%, respectivamente. Otras dos especies, *P. patula* (8.5%) y *Crataegus mexicana* (7.1%), también obtienen VI relevantes, que junto con las tres anteriores suman 72.1% del VI en el CIVS San Cayetano. La suma de los VI (41.9%) de las especies del género *Pinus* hacen de éste el más importante en la zona, seguido por las especies del género *Quercus*, que reúnen 34.3% del VI. Después de *Quercus crassipes*, en orden de importancia, se encuentra *Q. rugosa* (4.8%), *Q. crassifolia* (3.9%) y *Quercus laurina* (2.61%). Una especie más que requiere ser mencionada a pesar de su VI bajo (3.0%) es *P. serotina* subsp. *arguta*, puesto que en la frecuencia relativa se ubica en la quinta posición.

## Clasificación de comunidades forestales

Como resultado del análisis de clasificación se determinaron cinco comunidades (Cuadro 4) denominadas de la siguiente forma: A) *Pinus patula*, B) *Pinus leiophylla* - *Quercus crassipes*, C) *Pinus montezumae* - *Pinus*

*leiophylla* - *Quercus crassipes*, D) *Quercus crassifolia* - *Quercus crassipes* - *Pinus leiophylla*, y E) *Quercus crassipes* - *Crataegus mexicana*. La división del grupo constituido por el total (23) de los sitios de muestreo se presentó de la siguiente forma: la pseudoespecie que definió al primer grupo (comunidad A), constituido por tres sitios fue *P. patula* 6, que corresponde a puntos de muestreo en los que este pino presentó valores de área basal superiores a 2500 cm<sup>2</sup> (Cuadro 4 y Figura 3). Los 20 sitios restantes se dividieron al nivel 2 en un grupo de cuatro sitios que representaron a la comunidad E, con *Q. crassipes* 7 (valores de área basal superiores a 5000 cm<sup>2</sup>) como pseudoespecie característica; por otra parte, al mismo nivel 2, se agruparon los 16 sitios restantes en los que *P. leiophylla* 3 (valores de área basal superiores a 200 cm<sup>2</sup>) fue el elemento característico que definió posteriormente (al nivel 3) las comunidades B, C y D. Al nivel tres de la clasificación con tres sitios, se definió la comunidad D, con *Q. crassifolia* 1 (área basal menor a 100 cm<sup>2</sup>) como pseudoespecie característica. Los 13 sitios restantes pasaron a dividirse en el nivel cuatro, en el que la comunidad C fue definida por ocho sitios con la pseudoespecie *P. montezumae* 6. Al interior de la comunidad C se definieron otras pseudoespecies como *P. serótina* 2 y *Alnus acuminata* 1 que la dividen a niveles inferiores, sin embargo, dado el número reducido de sitios de muestreo esta comunidad no fue dividida. Finalmente, la comunidad B constituida por cinco sitios no muestra una pseudoespecie característica, sin embargo, a niveles inferiores considera a *Q. laurina* 1 como característica (Figura 3).

Cuadro 4. Comunidades forestales obtenidas en el CIVS San Cayetano.

COMUNIDAD	E				D			C								B				A			
	12	13	22	23	6	8	21	C1		C2						B1		B2		16	19	20	
SITIOS	12	13	22	23	6	8	21	3	9	2	4	14	15	17	18	5	7	1	10	11	16	19	20
ESPECIES																							
<i>Arbutus xalapensis</i>		7														1							
<i>Berberis moranensis</i>			4	3																			
<i>Clethra mexicana</i>	3																						
<i>Cupressus lusitanica</i>	1																						
<i>Garrya laurifolia</i>	5		5				1																
<i>Crataegus mexicana</i>	6	1	6	4			4			2		1		2				1					
<i>Quercus crassipes</i>	8	8	7	8	7		7	2	1	6	7	3	5	2	5	6	6	6	7	5			
<i>Quercus laurina</i>	4						1									5	4						
<i>Alnus acuminata</i> subsp. <i>arguta</i>						2		3	4								4						
<i>Ceanothus caeruleus</i>							1									1							
<i>Pinus leiophylla</i>	2				5	5	5	8	6	7	6	5	7			7	7	8	6	8			
<i>Quercus crassifolia</i>				1	7	7	4																
<i>Ageratina mairiana</i>										2	2							3					
<i>Frangula mucronatum</i>								1		2					1	1							
<i>Quercus rugosa</i>								3								6	3	6	5	6			
<i>Salix paradoxa</i>								1															
<i>Pinus montezumae</i>	5						3	7	8	6	7	8	7	8	8	1				5		6	
<i>Prunus serotina</i> subsp. <i>capuli</i>												2	1	3		1				1	3		
<i>Pinus patula</i>							3									5			3		8	7	7

Los números del cuadro indican el nivel de corte establecido según los intervalos de área basal.

Comunidad: A) *Pinus patula*, B) *Pinus leiophylla* - *Quercus crassipes*, C) *Pinus montezumae* - *Pinus leiophylla* - *Quercus crassipes* D) *Quercus crassifolia* - *Quercus crassipes* - *Pinus leiophylla*, y E) *Quercus crassipes* - *Crataegus mexicana*.

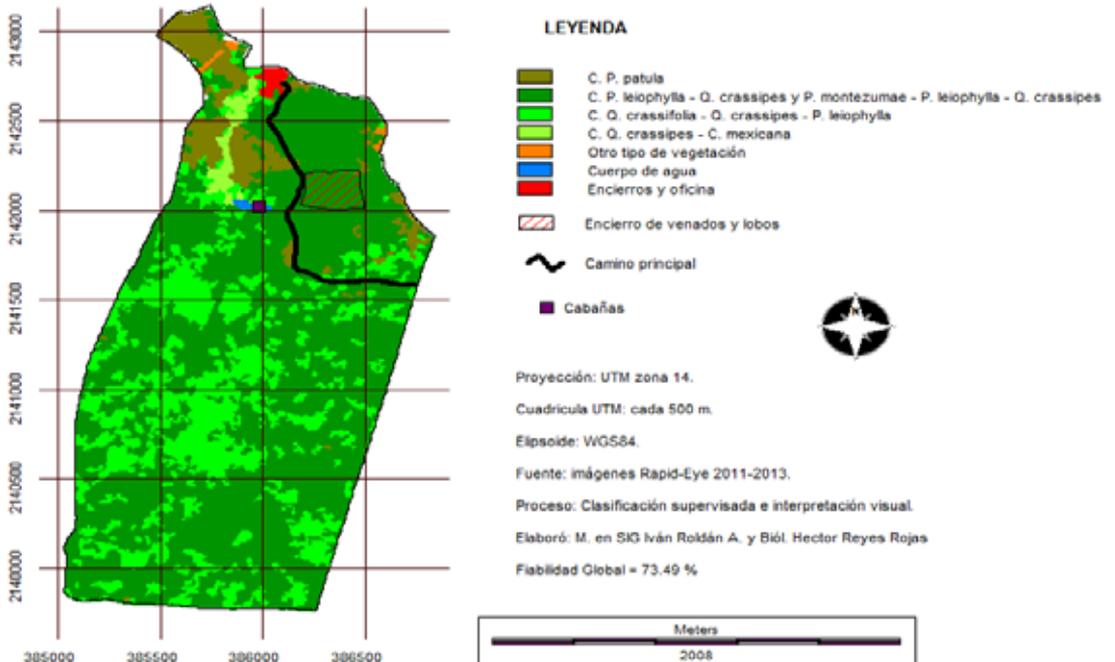
**Figura 3. Dendrograma de la clasificación de comunidades de árboles para el CIVS San Cayetano.**



Pseudoespecie característica = nombre científico (#). A) *Pinus patula*, B) *Pinus leiophylla* - *Quercus crassipes*, C) *Pinus montezumae* - *Pinus leiophylla* - *Quercus crassipes* D) *Quercus crassifolia* - *Quercus crassipes* - *Pinus leiophylla* y, E) *Quercus crassipes* - *Crataegus mexicana*.

En la figura 4 se muestra el mapa de comunidades vegetales y usos del suelo y en el cuadro 5 las características estructurales de las comunidades arbóreas.

**Figura 4. Vegetación y uso del suelo en el CIVS San Cayetano.**



**Cuadro 5. Características estructurales de las comunidades de árboles del CIVS-SC.**

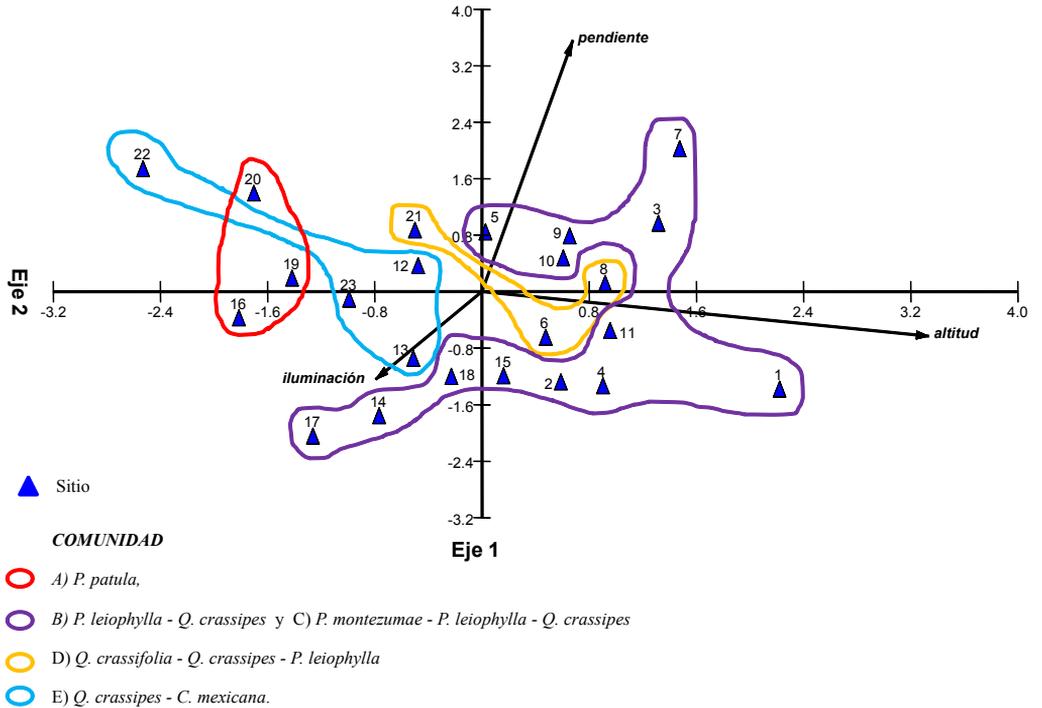
Com	Su (ha)	Alt (msnm)	Pen (°)	NE	AEA (m)	CEA (%)	S	ED
A	23.9	2525 - 2554	5 - 12.	2	(2) 7-13 (3) 24-35	51	3	<i>P. patula</i> , <i>P. montezumae</i> ,
B	257.7	2522 - 2720	2-5	3	(1) 5-7.5 (2) 8-20 (3) 22-27	50	13	<i>P. leiophylla</i> , <i>Q. crassipes</i> , <i>Q. rugosa</i> .
C				3	(1) 2.5-7.5 (2) 8-20 (3) 21-30			
D	97.8	2594 - 2653	5	3	(1) 3.5-7.5 (2) 8-20 (3) 24-34	60 - 80	10	<i>Q. crassifolia</i> <i>Q. crassipes</i> , <i>P. leiophylla</i> .
E	5	2541 - 2680	8	3	(1) 8 (2) 8 a 20 (3) 22-27	47	12	<i>Q. crassipes</i> , <i>Crataegus mexicana</i> <i>Garrya laurifolia</i>

Su, superficie; Alt, altitud; Pen, pendiente; AEA, altura estratos arbóreos, (1) estrato bajo, (2) estrato medio, (3) estrato alto; NE, número de estratos arbóreos; CEA, cobertura estrato arbóreo; S, riqueza de especies de árboles; ED, especies dominantes.

## Comunidades forestales y factores ambientales

El CCA mostró que la relación entre la vegetación y las variables ambientales se describe mejor usando como abundancia el área basal. También se encontró que la exposición y la iluminación tuvieron una relación muy intensa, pero inversa entre ellas, por lo que se decidió utilizar solamente la segunda. En la figura 5, se puede apreciar que la distribución de la vegetación en el CIVS San Cayetano es resultado principalmente del efecto combinado de las tres variables ambientales consideradas en el presente trabajo. Sin embargo, la altitud es el factor que muestra mayor relación con las distintas comunidades, y entre éstas, las comunidades B y C son las que se distribuyen en el rango más amplio de altitud, puesto que se encuentran desde los 2522 msnm a 2720 msnm con sitios relacionados con niveles medios de altitud, además de esto, también son las que muestran la mayor variación en cuanto a inclinación de ladera e iluminación se refiere, dado que los sitios con mayor pendiente ( $15^\circ$ ) presentan la menor iluminación relativa (18.58) y, de forma contraria, los de pendiente suave ( $\approx 0^\circ$ ) registran la mayor iluminación relativa (19.78). Las comunidades A y E resultaron estar más fuertemente asociadas a niveles bajos de altitud. El efecto de la iluminación está relacionado con la exposición de ladera, que corresponde para los sitios menos iluminados con una orientación predominantemente norte, y para los de mayor iluminación relativa con una orientación sur. Las comunidades A, D y E muestran menor variación en cuanto a los factores ambientales.

**Figura 5. Ordenación de sitios y variables ambientales en el CIVS San Cayetano.**



## DISCUSIÓN

Si se contrasta la riqueza de especies obtenida en el presente trabajo con los 16 registros de árboles obtenidos por Melo y Contreras (1974), se tienen 12 especies compartidas (Cuadro 2), cuatro (*Sambucus nigra*, *Cornus excelsa*, *Q. mexicana* y *Buddleia cordata*) registradas únicamente en 1974 y seis registros nuevos que son *Clethra mexicana*, *Ceanothus caeruleus*, *Q. laurina*, *Q. rugosa*, *S. paradoxa* y *F. mucronata*. Entre los nuevos registros habría que agregar a *Pinus ayacahuite* que fue observado en el arroyo, con lo que la riqueza de árboles para el CIVS San Cayetano asciende a 24 especies en 17 géneros y 15 familias (Cuadro 1). Las familias mejor representadas son Fagaceae y Pinaceae, con cinco y cuatro especies, respectivamente.

El número de especies registrado en el CIVS San Cayetano es inferior a las 43 especies de árboles reportadas por Zúñiga y Tejero (1998) para la Sierra de Sultepec, Estado de México, en bosques de pino-encino a 2400 msnm y también lo es respecto a lo reportado por López *et al.* (2012) para el área de Tenancingo–Malinalco–Zumpahuacán, en el mismo estado, en bosque de pino-encino, quienes registran una riqueza de 32 especies. Ambas zonas, aunque se presentan en condiciones de altitud semejantes a las del CIVS San Cayetano, tienen la particularidad de ubicarse al sur del CIVS y de colindar con bosque tropical seco, condición a la cual se atribuye la diferencia en la riqueza de especies. Caso contrario son los reportes para bosques templados que incluyen pinares, encinares y bosques mixtos, citados por Zacarías-Eslava *et al.* (2011), quienes mencionan que los valores inferiores de la riqueza de especies se encuentran entre 4 y 11, con un valor promedio de 22 especies considerando distintas zonas del país.

La altura promedio obtenida para los árboles del CIVS San Cayetano fue de 15.2 m, valor semejante (15.9 m) al reportado por Zacarías-Eslava *et al.* (2011) para bosques templados en México, sin embargo, habría que considerar que los valores máximos de altura registrados en el CIVS fueron de 30 y 35 m, que resultó ser superior a los máximos de 25

a 29 m, citados por los autores antes mencionados. El área basal obtenida por hectárea en el CIVS (38.3 m<sup>2</sup>/ha) se coloca en la parte media del rango de valores reportados por Zacarías-Eslava *et al.* (2011) para bosques templados, puesto que en el norte del país se reportan áreas de 23 a 28 m<sup>2</sup>/ha, y al sur, en Chiapas, superficies entre 56 y 67 m<sup>2</sup>/ha. En cambio, en lo que respecta a la densidad, el valor estimado (492.3 ind/ha) se ubica por abajo del valor medio de 700 ind/ha para bosques templados en México, mencionado por Návar-Cháidez (2010) y de los reportados por Villers *et al.* (1998), quienes mencionan una densidad de 660 ind/ha para un bosque del Nevado de Toluca, de 797 ind/ha para bosques de encino-pino en el Cerro El Águila, Michoacán (Zacarías-Eslava *et al.*, 2011), y de 1240 ind/ha en Villa del Carbón, Estado de México (Rubio-Licono *et al.*, 2011).

Las formas de manejo de los bosques, sean éstas planeadas o no, tienen impactos sobre la abundancia de las especies, sobre la estructura de la comunidad y en la riqueza y composición de especies (Endara *et al.*, 2012; Corral *et al.*, 2005). Particularmente, para el CIVS San Cayetano que por largo tiempo se ha “mantenido” en una categoría de protección, se supondría que no se ha llevado a cabo aprovechamiento alguno, sin embargo, los valores medio de área basal (m<sup>2</sup>/ha) y los de individuos por hectárea denotan que se ha hecho uso del bosque, argumento sostenido por la presencia de tocones y la observación de personas que extraen o utilizan individuos jóvenes para leña.

Los resultados de la composición de especies obtenidos en el CIVS concuerdan con los reportados por otros autores (Nieto de Pascual, 2009; Romero y Rojas, 2009; Rubio-Licono *et al.*, 2011; López *et al.*, 2012), quienes mencionan a *Q. crassipes*, *P. leiophylla* y *P. montezumae* entre las especies importantes debido a su abundancia en las comunidades de pino-encino y encino-pino en el Estado de México. Mención particular requiere *P. patula* que fue introducida en el CIVS San Cayetano con fines de experimentación forestal, puesto que su distribución natural se encuentra en la Sierra Madre Oriental, Sierra Madre de Oaxaca y parcialmente en el eje Neovolcánico (Rzedowski y Rzedowski, 2005), que ha mostrado buena

adecuación a las condiciones ambientales y le han permitido la dispersión a áreas en las que no se establecieron plantaciones. Las comunidades que fueron sustituidas por las plantaciones de *P. patula* corresponderían, en primer término, a las comunidades de *Pinus leiophylla* - *Quercus crassipes* (B) y *Pinus montezumae* - *Pinus leiophylla* - *Quercus crassipes* (C) y, en segundo término, a la comunidad de *Quercus crassifolia* - *Quercus crassipes* - *Pinus leiophylla* (D). Los valores de importancia obtenidos de las especies de árboles denotan que las comunidades vegetales definidas en el CIVS San Cayetano están dominadas por especies del género *Pinus*, en primer lugar, y por especies de *Quercus*, en segundo, particularidad que las hace fundamentales en la generación de servicios ecosistémicos como el secuestro de carbono dada la biomasa que almacenan, y en la estructuración del hábitat para otras especies de flora y fauna (Casanoves *et al.*, 2011). La relevancia de otras especies por su VI y por su papel en la generación de servicios ecosistémicos de abastecimiento son: *Crataegus mexicana* y *P. serotina* subsp. *capuli*; en el área Mazahua, región en la que se encuentra el CIVS, se reportan como especies de las cuales se recolecta cantidad importante de frutos (Farfan *et al.*, 2007). Por su parte, *Alnus acuminata* subsp. *arguta* ha sido considerada una especie con potencial para la restauración tanto en Centro y Sur de América (Murcia y Guariguata, 2014), como en México (Yanes *et al.*, 2001; Gaspar-Santos *et al.*, 2015), por sus características de rápido crecimiento, aportación y descomposición de hojarasca.

Las comunidades obtenidas de la clasificación corresponden a lo que Miranda y Hernández (1963) y Rzedowsky (2006) nombran como pinares y encinares y bosque de coníferas y bosque de *Quercus*, respectivamente, autores que incluyen en estas clases los bosques mixtos de pino-encino. González-Medrano (2003) incorpora en su propuesta de clasificación otros atributos de la vegetación como la altura y textura de las hojas, por lo que las comunidades del CIVS San Cayetano corresponderían a las clases de vegetación zonal y bosques templados, como son: bosque templado mediano aciculifolio para la comunidad de *P.*

*patula* (A); bosque templado aciculidurifolio para las comunidades B y C; bosque templado mediano duriaciculifolio para la comunidad D, y bosque templado mediano durifolio para la comunidad D. El atributo “mediano” hace referencia a la altura de los árboles que puede ser entre 15 y 30 metros, intervalo en el que se encuentran estas comunidades en el CIVS San Cayetano. Finalmente, INEGI (2015) hace la diferencia explícita entre bosques dominados por una o varias especies (bosque mixto), lo que corresponde a bosque de pino, bosque de pino-encino y bosque de encino. Respecto la estratificación de los bosques de coníferas, Rzedowski (2006) menciona la presencia común de dos estratos arbóreos: uno arbustivo, otro herbáceo, y ocasionalmente uno rasante, estratificación que se cumple en las comunidades de San Cayetano, con excepción de la comunidad de *P. patula* en la que está ausente o es muy escaso el estrato arbóreo bajo, y los estratos arbustivos y herbáceos presentan muy baja cobertura. El estrato rasante en todas las comunidades es escaso, observándose sólo en aquellos sitios de mayor cobertura de los estratos superiores. Esta tipología es relevante puesto que su presencia da cuenta de un conveniente estado de conservación de las comunidades de San Cayetano, ya que distintas perturbaciones (apertura de caminos o paso de personas, pastoreo, tala, incendio) alteran en un primer momento la estructura de los bosques.

Los factores fisiográficos (altitud, inclinación y exposición) se encuentran entre los de mayor influencia en la distribución de la vegetación, aunque es sabido que no son los factores causantes directos que producen los patrones espaciales, sino son los que modifican las variables climáticas como temperatura, insolación y precipitación (Serrada, 2008). Distintos trabajos desarrollados en áreas de montaña en México han documentado la altitud como uno de los principales factores que presenta una asociación robusta con la distribución de la vegetación. Este es el caso de los trabajos elaborados por Sánchez-González y López-Mata (2003) en la Sierra Nevada en el Estado de México; por González-Tagle *et al.* (2008) en un bosque de pino-encino en la Sierra Madre Oriental, o

bien, el publicado por Valenzuela y Granados (2009), en el que describen la relación de bosques mixtos de pino-encino en Durango, entre otros (Estrada-Arellano, 2011; García-Aguirre *et al.*, 2007; Velázquez, 1994).

El nivel de importancia de la relación de estos factores con la distribución de la vegetación cambia, como reportan Hernández-Cruz *et al.* (2016) y García-Aguirre *et al.* (2007) para el Ajusco, y por Sánchez-González y López-Mata (2003) para la Sierra Nevada, en los cuales la orientación resultó ser la más relevante, inclusive por encima de la altitud. Asimismo se mencionan otra serie de factores que, junto con los factores fisiográficos, influyen en la distribución de la vegetación como las características del suelo o bien el tipo, intensidad y frecuencia de las perturbaciones y el tiempo de abandono después del uso agrícola (Cervantes-Gutiérrez *et al.*, 2017).

## CONCLUSIONES

Los espacios para la formación de recursos humanos e investigación científica sobre los servicios ecosistémicos y manejo de los recursos naturales son necesarios, puesto que es ahí donde se encuentran las condiciones naturales que permiten la continuidad de los procesos que los mantienen y les han dado origen. Este es el caso del CIVS San Cayetano, Estado de México, que posee una diversidad y estructura representativa aún de los bosques templados de la región, al albergar al menos 24 especies de árboles y mantener un buen estado de conservación, a pesar de que las distintas medidas de abundancia utilizadas para su caracterización mostraron valores bajos, pero cercanos a los promedios reportados para distintos bosques de la región y el país. Las especies dominantes en el CIVS son *P. montezumae*, *Q. crassipes* y *P. leiophylla*, seguidas por *P. patula* y *Crataegus mexicana*. Esta última especie, junto con *P. serotina* subsp. *capuli* proporcionan un servicio ecosistémico de provisionamiento importante en la zona. Se clasificaron cinco comunidades de árboles de pino, pino-

encino, encino-pino y encino, entre ellas las nombradas como *P. leiophylla* - *Q. crassipes* y *P. montezumae* - *P. leiophylla* - *Q. crassipes*, que ocuparon 66% de la superficie del CIVS, además, fueron las comunidades que presentaron la mayor riqueza de árboles con 13 y 10 especies, respectivamente. El CCA mostró la altitud como el factor ambiental de mayor influencia en la distribución de las comunidades de árboles, seguido por la pendiente y la iluminación relativa. En un futuro es necesario considerar otros factores ambientales, como los edáficos, para explicar de mejor forma la distribución de las comunidades, además, es imprescindible documentar el uso del bosque que hacen las comunidades vecinas al CIVS San Cayetano, puesto que la estructura de las comunidades ha sido seguramente modificada por distintas prácticas de manejo, a pesar de que no están permitidas en el área.

## BIBLIOGRAFÍA

- Caro, C. y M. Torres, 2015, "Marco A. Servicios ecosistémicos como soporte para la gestión de sistemas socioecológicos: aplicación en agroecosistemas" en *Orinoquia* 19(2): 237-252.
- Casanoves, F. *et al.*, 2011, "Valoración y análisis de la diversidad funcional y su relación con los servicios ecosistémicos", Serie técnica, Informe técnico, 384.
- Cervantes, V. *et al.*, 2017, "Vegetation of a tropical dry forest in a landscape with chronic disturbance: the case of the indigenous community of San Nicolas Zoyatlan (Guerrero, Mexico)", en *Botanical Science* 95(3): 433-459.
- Corral, J. *et al.*, 2005, "Un análisis del efecto del aprovechamiento forestal sobre la diversidad estructural en el Bosque Mesófilo de Montaña El Cielo, Tamaulipas, México", en *Investigaciones Agrarias Sistema de Recursos Forestales* 14(2): 217-228.

- Chuvieco, E., 2006, *Fundamentos de Teledetección Espacial. La observación de la tierra desde el espacio*, 2da. ed., Ed. Ariel, Barcelona, España.
- Eastman, J., 2012, *IDRISI Selva v (17.0)*, Clark University, EUA.
- Elías, H., 1993, *Estratificación y Mineralogía del Estado de México*, Instituto de Geología, Universidad Nacional Autónoma de México, México.
- Endara, A. *et al.*, 2012, "Extracción de madera en el parque nacional nevado de Toluca", en *Revista Mexicana de Ciencias Forestales*, en <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=63438972007>, consultado 13/03/2018.
- Estrada, J., 2011, *Cambios en composición, estructura y diversidad vegetal en diferentes gradientes de exposición y altitud en el Cerro el Potosí, Galeana, Nuevo León, México*, Tesis de maestría en Ciencias Forestales, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad Autónoma de Nuevo León, México.
- Farfán, B. *et al.*, 2007, "Mazahua ethnobotany and subsistence in the monarch butterfly biosphere reserve, Mexico", en *Economic Botany* 61(2): 173-191.
- García, M. *et al.*, 2007, "Vegetation and landform relationships at Ajusco volcano Mexico, using a geographic information system (GIS)", en *Forest Ecology and management* 239(1): 1-12.
- Gaspar, E. *et al.*, 2015, "Acumulación y descomposición de hojarasca en bosques secundarios del sur de la Sierra Madre de Chiapas, México", en *Bosque (Valdivia)* 36(3): 467-480.
- González, F., 2003, *Las comunidades vegetales de México*, INE-Semarnat, México.
- González, M. *et al.*, 2008, "Forest structure and woody plant species composition along a fire chronosequence in mixed pine-oak forest in the Sierra Madre Oriental, Northeast Mexico", en *Forest Ecology and Management* 256(1): 161-167.
- Hernández, M. *et al.*, 2016, "Estudio florístico del cerro Metecatl, del complejo montañoso Tetzcutzingo, Texcoco, Estado de México, México", en *Botanical Sciences* 94(2): 377-392.

- Hill, M., 1979, *TWINSPAN: a FORTRAN program for arranging multivariate data in an ordered two way table by classification of the individuals and attributes*, Section of Ecology and Systematics, Cornell University, Ithaca, NY.
- INEGI, 2005, *Carta Geológica, datos vectoriales escala 1:1000000*, Instituto Nacional de Estadística y Geografía, México.
- INEGI, 2012, *Modelo Digital de Elevación. Villa de Allende (E14A36)*, Instituto Nacional de Estadística y Geografía, México.
- INEGI, 2014, *Conjunto de datos vectoriales edafológico, escala 1:250000 Serie II. (Continuo Nacional)*, Edición: 2, Instituto Nacional de Estadística y Geografía, México.
- INEGI, 2015, *Guía para la interpretación de cartografía uso del suelo y de vegetación: escala 1: 250 000: serie V*, Instituto Nacional de Estadística y Geografía, México.
- Kent, M. y P. Coker, 1998, "Vegetation description and analysis. A practical approach", en Jhon Wiley & Sons, Nueva York.
- Kovach Computing Service, 2013, "MVSP - MultiVariate Statistical Package ver. 3.22", Kovach Computing Services, Pentraeth, Wales, U.K.
- López, E. *et al.*, 2012, "Composición de la flora arbórea en el área natural protegida Tenancingo-Malinalco-Zumpahuacán, Estado de México, México", en *Polibotánica* 34: 51-98.
- Matteucci, S. y A. Colma, 1982, *Metodologías para el estudio de la vegetación (No. 581.5 MAT)*, Secretaría General de la Organización de los Estados Americanos, Programa Regional de Desarrollo Científico y Tecnológico, Washington, D.C.
- McCune, B. y M. Mefford, 1999, *PCORD. Multivariate Analysis of Ecological Data*", Version 4. MjM Software Desing, Gleneden Beach, Oregon, USA.
- Melo, C. y W. Contreras, 1974, *Importancia Biológica y Social de las Reservas Naturales. Estación Experimental de Fauna Silvestre de San Cayetano, Estado de México*, Instituto Mexicano de Recursos Naturales Renovables, México.

- Millennium Ecosystem Assessment, 2003, *Ecosystems and human well being: a framework for assessment*, Island Press, Washington, D.C.
- Miranda, F. y X. Hernández, 1963, "Los tipos de vegetación de México y su clasificación", en *Bol. Soc. Bot. Méx* 28: 29-179.
- Missouri Botanical Garden, 2017, "Tropicos, botanical information system at the Missouri Botanical Garden", en <http://www.tropicos.org>, consultado 17/10/2017.
- Mostacedo, B. y T. Fredericksen, 2000, *Manual de Métodos Básicos de Muestreo y Análisis en Ecología Vegetal. Proyecto de Manejo Forestal Sostenible (BOLFOR)*, Santa Cruz, Bolivia.
- Murcia, C. y M. Guariguata, 2014, *La restauración ecológica en Colombia: tendencias, necesidades y oportunidades*, Center for International Forestry Research (CIFOR), vol. 107, Bogor, Indonesia.
- Návar, D., 2010, "Los bosques templados del Estado de Nuevo León: el manejo sustentable para bienes y servicios ambientales", en *Madera y bosques* 16(1): 51-69.
- Nieto de Pascual M., 2009, "Coníferas", en Ceballos, G. et al. (comps.), *La Diversidad Biológica del Estado de México. Estudio de Estado*, Colección Mayor Biblioteca Mexiquense del Bicentenario, Toluca de Lerdo, Estado de México.
- Oñate, L. y A. Herróz, 2009, "Estudio Faunístico del Centro de Investigación y Recuperación de Vida Silvestre San Cayetano, Estado de México", en *Investigación Universitaria Multidisciplinaria* 8(8): 98-104.
- Pagiola, S. et al., 2006, *La venta de Servicios Ambientales Forestales. Mecanismos Basados en el Mercado para la Conservación y el Desarrollo*, Segunda Edición, INE-Semarnat, México.
- Romero, S. y E. Rojas, 2009, *La diversidad biológica del Estado de México*, Biblioteca Mexiquense del Bicentenario, Estado de México.
- Rubio, E. et al., 2011, "Estructura y composición florística de dos comunidades con presencia de *Quercus* (Fagaceae) en el Estado de México", en *Revista Chapingo. Serie ciencias forestales y del ambiente* 17(1): 77- 90.

- Rzedowski, C. y J. Rzedowski, 2005, *Flora fanerogámica del Valle de México*, Instituto de Ecología, A. C. y Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, Pátzcuaro, Michoacán.
- Rzedowski, J., 2006, "Vegetación de México", 1ra. Edición digital, Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, México, en <http://www.conabio.gob.mx/institucion/centrodoc/doctos/librosdigitales/VegetaciondeMexico/Portadaypaglegales.pdf>, consultado 25/08/2017.
- Sánchez, A. y L. López, 2003, "Clasificación y Ordenación de la Vegetación del Norte de la Sierra Nevada, a lo Largo de un Gradiente Altitudinal", en *Anales del Instituto de Biología. Serie Botánica* 74(1): 47-71.
- Semarnat, 2009, *Centros para la Conservación e Investigación de la Vida Silvestre (CIVS)*, Dirección General de Vida Silvestre, Semarnat, México.
- Semarnat, 2012, "Centros para la Conservación e Investigación", en <http://www.semarnat.gob.mx/temas/gestionambiental/vidasilvestre/Paginas/centrosparalaconservacioneinvestigacion.aspx>, consultado 11/07/2013.
- Serrada, R., 2008, *Apuntes de Selvicultura*, EUIT Forestal, UPM, Madrid.
- Ter, J., 1986, "Canonical correspondence analysis: a new eigenvector technique for multivariate direct gradient analysis", en *Ecology* 67(5): 1167-79.
- Valenzuela L. y D. Granados, 2009, "Caracterización fisonómica y ordenación de la vegetación en el área de influencia de El Salto, Durango, México", en *Revista Chapingo, Serie Ciencias Forestales y del Ambiente* 15(1): 29-41.
- Velázquez, A., 1994, "Multivariate analysis of the vegetation of the volcanoes Tlálóc and Pelado, Mexico", en *Journal of Vegetation Science* 5(2): 263-270.
- Villers, L. et al., 1998, "Evaluación de los Bosques Templados en México: Una Aplicación en el Parque Nacional Nevado de Toluca", en *Investigaciones Geográficas* (36): 7-19.

- Yanes, C. *et al.*, 2001, *Árboles y arbustos nativos potencialmente valiosos para la restauración ecológica y la reforestación*, Reporte técnico del proyecto J084, Conabio-Instituto de Ecología, UNAM, México.
- Zacarias, L. *et al.*, 2011, "Composición, estructura y diversidad del cerro El Águila, Michoacán México", en *Revista mexicana de biodiversidad* 82(3): 854-869.
- Zúñiga, M. y J. Tejero, 1998, "Flora y Vegetación de la Sierra de Sultepec, Estado de México", en *Anales del Instituto de Biología. Serie Botánica* 69(2): 135-174.

# Los derechos colectivos sobre los recursos genéticos, asociados al conocimiento tradicional en México. ¿Es posible la defensa de estos derechos desde la implementación del Protocolo de Nagoya?

Arcelia González Merino<sup>1</sup>

**Resumen.** *El presente trabajo tiene como objetivo analizar si es posible defender los derechos colectivos sobre los recursos genéticos, asociados al conocimiento tradicional en México, desde la implementación del Protocolo de Nagoya.*

*El trabajo está dividido en cuatro apartados: en el primero se explica la perspectiva teórica de este trabajo; desde una postura crítica, se analiza el concepto de gobernanza; en el segundo, se analizan la problemática del acceso a los recursos genéticos y cómo se comparten los beneficios; en un tercero, se analiza el Protocolo de Nagoya, y en el cuarto, el caso de México, incluyendo el análisis de la iniciativa de Ley General de Biodiversidad. Por último se incluyen las conclusiones.*

**Palabras Clave:** *derechos colectivos; recursos genéticos; Protocolo de Nagoya; Ley General de Biodiversidad; gobernanza.*

<sup>1</sup> Departamento de Sociología, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Azcapotzalco, e-mail: arcel.2013@gmail.com

**Abstract.** *The objective of this paper is to analyze if it is possible to defend collective rights on genetic resources, associated with traditional knowledge in Mexico since the implementation of the Nagoya Protocol. The work is divided into four sections: the first explains the theoretical perspective of this work. From a critical standpoint, the concept of governance is analyzed. In the second, the problems of access to genetic resources and benefit sharing is analyzed; in a third, the Nagoya Protocol is analyzed, and in the fourth, the case of Mexico, including the analysis of the initiative of the General Biodiversity Law. Finally, the conclusions are included.*

**Keywords:** *collective rights, genetic resources, Nagoya Protocol, General Biodiversity Law, governance.*

## INTRODUCCIÓN

Con la ratificación del Protocolo de Nagoya, que realizó el gobierno mexicano el 6 de marzo de 2011, pareciera que se actualiza una tarea pendiente que existe en México, la de regular el acceso a los recursos genéticos, desde una perspectiva de reparto justo y equitativo de los beneficios para aquellos proveedores del conocimiento tradicional. Por recurso genético se entiende el material genético de valor real o potencial, es decir, se refiere a cualquier material de origen animal o vegetal, microorganismos, etc., que contengan unidades funcionales de herencia (Naciones Unidas, 1992). En este trabajo nos interesan los recursos genéticos vegetales.

Su importancia se centra en que son la base para el desarrollo de nuevas variedades vegetales o cultivos, el material esencial para el desarrollo de la biotecnología agrícola moderna, así como el desarrollo de nuevos fármacos que combaten o alivian enfermedades, nuevos cosméticos, etc.

Antes de 1992 –es decir, antes de la entrada en vigor del Convenio de Diversidad Biológica (CDB)– el acceso a los recursos genéticos era li-

bre, sin embargo, una vez aprobado, los Estados miembros pasaron a ser soberanos sobre el acceso a estos recursos, y por tanto el acceso de las empresas, institutos de investigación, o individuos, debe ser regulado por cada país.

Sin embargo, el objetivo del Protocolo de Nagoya es “la participación justa y equitativa en los beneficios que se deriven de la utilización de los recursos genéticos [...] contribuyendo por ende a la conservación de la diversidad biológica y la utilización sostenible de sus componentes” (Secretaría del Convenio de Diversidad Biológica, 2011:4). Es decir, el objetivo específico del Protocolo de Nagoya es el de regular “la participación justa y equitativa” de los beneficios que resulten del uso de estos recursos.

Resulta controversial que hayamos adquirido el compromiso de desarrollar una política sobre esta repartición justa, sin contar con una legislación que regule dicho acceso. Desde la ratificación de la Convención de Diversidad Biológica, en 1993, todos los países firmantes se habían comprometido a desarrollar una legislación de acceso a los recursos genéticos, incluido México. Algunos países lo hicieron, como es el caso de Costa Rica, los países del Pacto Andino (Colombia, Venezuela, Perú, Ecuador), Filipinas, entre otros.

En México, se han presentado varios proyectos de ley de acceso a los recursos genéticos, sin embargo, todavía no tenemos una legislación que nos permita regularlo. El 24 de octubre de 2016 se presentó, ante la Cámara de Senadores, un proyecto de Ley General de Biodiversidad por parte de la senadora Ninfa Salinas Sada, integrante del grupo parlamentario del Partido Verde Ecologista, en él se reforman varias disposiciones de la Ley General del Equilibrio Ecológico y la Protección al Ambiente y se abroga la Ley General de Vida Silvestre.

Este hecho conlleva, en principio, una serie de problemas sociales y de posible afectación a nuestra diversidad biológica. En primer lugar, cabe enfatizar que esta iniciativa no ha sido discutida con los diversos sectores involucrados de la sociedad mexicana, como es el caso de la

comunidad científica, pueblos y comunidades indígenas y productores agrícolas. La presentación de esta iniciativa pareciera atender más al compromiso que México tenía como país sede para que se llevara a cabo la décimo tercera reunión de la Conferencia de las Partes del Convenio de Diversidad Biológica (COP 13 del Convenio de Diversidad Biológica), del 2 al 17 de diciembre de 2016 en Cancún, Quintana Roo.

El contar con esta ley indudablemente es una necesidad urgente para México, que nos permitiría evitar la “biopiratería” y, en términos generales, regular el acceso y llevar a cabo la mencionada repartición justa y equitativa derivada del uso de los recursos genéticos, sin embargo, como apuntamos, aún no ha sido discutida; a continuación señalaremos algunos puntos a considerar.

Implementar el Protocolo de Nagoya –que es propiamente aplicar el tercer objetivo del Convenio de Diversidad Biológica<sup>2</sup>- implica una serie de cuestionamientos como: a) ¿De quién o quiénes son los recursos genéticos?; b) ¿Cómo deben ser compensados los poseedores del conocimiento tradicional por aquellos que usa los recursos genéticos?; c) ¿Cómo se realizará la mencionada compensación?, y d) ¿A quién o quiénes se compensará cuando se trate de una comunidad indígena, dado que la propiedad en ésta comúnmente es colectiva?

<sup>2</sup> En el artículo primero del Convenio de Diversidad Biológica se establece que: “Los objetivos con sus disposiciones pertinentes, son la conservación de la diversidad biológica, la utilización sostenible de sus componentes y la participación justa y equitativa en los beneficios que se deriven de la utilización de los recursos genéticos, mediante, entre otras cosas, un acceso adecuado a esos recursos y una transferencia apropiada de las tecnologías pertinentes, teniendo en cuenta todos los derechos sobre esos recursos y a esas tecnologías, así como mediante una financiación apropiada” (Naciones Unidas, 1992). La participación justa y equitativa en los beneficios que se deriven de la utilización de los recursos genéticos es el objetivo principal del Protocolo de Nagoya.

Para tratar de comprender esta problemática, el presente trabajo está dividido en cuatro apartados: en el primero se explica la perspectiva teórica de esta investigación; en el segundo, se analiza la problemática del acceso a los recursos genéticos y cómo se comparten los beneficios asociados al acceso; en un tercer apartado, se analiza el Protocolo de Nagoya; en el cuarto se analiza el caso de México, incluyendo el análisis de la iniciativa de Ley General de Biodiversidad. Por último se incluyen las conclusiones.

## **I. ¿Gobernanza de la biodiversidad?**

El problema del cuidado del medio ambiente y de la conservación de la diversidad biológica y su interés por mejorarla, así como la forma en que participa la sociedad civil en el desarrollo de tecnologías para el cuidado del medio ambiente, ha sido abordado desde diferentes perspectivas teóricas.

Asimismo, el concepto de gobernanza actualmente, en términos generales, ha sido utilizado para expresar un nuevo modo de gobernar. Para autoras como Renate Mayntz, esta alternativa y nueva forma de gobernar tiene que ver con la propia limitación histórica del Estado para seguir dirigiendo la política pública. Desde la perspectiva de Mayntz, es en la década de los setenta cuando por primera vez se observa un cambio de control político a nivel internacional, principalmente en la Europa Occidental, un cambio donde predominaba un control vertical –centrado en el Estado- dando paso a una situación donde aparecen nuevos actores en este proceso de gobernanza. De manera que no sólo son las organizaciones no gubernamentales los nuevos actores en este proceso de gobernanza, sino el mercado, la sociedad civil y la nueva organización de los europeos –como es el caso de la Unión Europea. No obstante, el concepto de gobernanza moderna para Mayntz es la coope-

ración entre el Estado y la sociedad civil para la formulación de políticas públicas que pueden gestionarse de diferentes formas (Mayntz, 2001:2).

La gobernanza es utilizada también en diferentes disciplinas como en la ciencia política, la economía, la administración, etc., y con muy variados significados. Desde la perspectiva de Guy Peters, por ejemplo, la gobernanza alude a una nueva forma de “gobernar sin gobierno”, en donde la sociedad civil organizada representa una forma alternativa a la forma de gobierno vertical y tradicional, y en donde la autoorganización tiene un despliegue democrático, humano y efectivo (Peters, 2012). Peters también ha señalado que en esta nueva forma de “gobernar sin gobierno”, los actores sociales demuestran su capacidad de implementar políticas atendiendo a sus intereses colectivos de manera eficaz. Sin embargo, no en todas las sociedades se puede desarrollar este tipo alternativo de ejercer las políticas públicas atendiendo metas colectivas (Peters, 2012).

Clausse Offe, por su parte, ha señalado que el concepto de gobernanza ha sido, efectivamente, utilizado desde diferentes perspectivas y en diferentes disciplinas y en un sinnúmero de libros y revistas académicas desde hace más de 20 años. Cabe señalar que, desde la perspectiva de Offe, el origen del concepto gobernanza tiene cabida desde 1989, utilizado por el Banco Mundial, por lo que no es en el ámbito de la sociedad civil donde surge (Offe, 2009: 553). Offe enfatiza que el término gobernanza –la mayoría de las veces– ha sido utilizado en contraposición a la competencia jerárquica de gobernar del Estado. Sin embargo, también ha sido utilizado para referirse a situaciones donde la forma jerarquizada del gobierno tiene sus limitaciones y esta gobernanza viene a completar la insuficiencia estatal.

La complejidad y amplitud de lo que comprende el concepto de gobernanza, nos dice Offe, ha llevado a entenderla desde la forma autoorganizada de la sociedad civil hasta diferentes formas de cooperación entre el sector público y el sector privado, de manera que el concepto de gobernanza, para autores como Mayntz, incluye a todas las formas co-

existentes de regulación colectiva (Offe, 2009: 551). La heterogénea gama de usos en el concepto de gobernanza, en la cual se incluye la cooperación entre la sociedad civil y el Estado, no considera el conflicto de intereses implícito que existe en la relación entre estas dos entidades, es decir, en esta relación habría que considerar que el Estado es una institución que históricamente ha desplegado relaciones con otros sectores, pero desde una postura de poder.

El concepto de gobernanza no puede –desde la perspectiva de Clauss Offe– conceptualizarse como sinónimo de acción colectiva neutral, en donde todos los actores involucrados buscan el bien o que en la propia relación se persiga este objetivo de bienestar común. En la realidad capitalista lo que sucede es que el Estado “se aprovecha” de la capacidad organizativa y creativa de la sociedad civil para lograr sus propios intereses. Offe, finalmente, considera que la multiplicidad de actores y las diferentes formas de concebir a la gobernanza han llevado a diferentes autores desde una perspectiva retórica “harmonizante”, a la idea de que la gobernanza incluye los conceptos de horizontalidad, consenso, responsabilidad, eficiencia, convergencia en los diferentes puntos de vista, no corrupción, etc., sin considerar la capacidad del Estado “para activar los poderes cognitivos y morales de los ciudadanos a fin de usarlos como recursos de la política pública” (Offe, 2009: 560).

Existe también la reflexión de Marc Hufty sobre gobernanza en la que señala que: “gobernanza se refiere a una categoría de hechos sociales, de procesos de interacción y de acción-decisión entre los actores involucrados en un problema colectivo que dirige la creación, o reproducción de las normas sociales y las instituciones” (Hufty, 2011: 405). Señala también que en el término de gobernanza se incluyen procesos formales e informales, verticales y horizontales, sin ninguna preferencia prioritaria (Hufty, 2011: 405). En la postura de Hufty, bajo el concepto de gobernanza, cada sociedad desarrolla sus propios mecanismos para resolver sus conflictos. Vemos, así, que Hufty no ve la contradicción que existe entre la posición de poder del Estado y la sociedad civil. El conflicto de

intereses que representa la relación Estado-sociedad civil en la sociedad capitalista no está considerado en la postura de este autor. Sin embargo, cuando analiza los procesos de gobernanza desde la perspectiva de su Governance Analytical Framework (GAF), me parece importante retomar su propuesta de que los propios investigadores tienen que considerarse como actores en el propio proyecto de análisis, desde la elección, planteamiento e interpretación de los resultados de la investigación. La no neutralidad del papel del propio investigador y considerarlo como actor mismo es el criterio reflexivo que aquí me interesa retomar de Hufty, aunque es verdad que no analiza el conflicto de intereses que se da en la relación Estado-sociedad civil, como lo hace Clause Offe.

Para el análisis que aquí me interesa realizar, me parece oportuno retomar a estos dos últimos autores de la siguiente manera: para la propuesta y llamado que hace el Protocolo de Nagoya sobre la repartición del uso de los recursos genéticos, me parece oportuno considerar que en la gestión de ello debe considerarse la contradicción histórica que existe entre los intereses del Estado y la sociedad civil, por lo que si bien cabe presionar al Estado para que permita, apoye y gestione este reparto equitativo para los proveedores de los recursos genéticos y conocimiento tradicional, no hay que olvidar que el Estado no está actuando desde una perspectiva de ejercer justicia, sino que detrás lleva intereses de poder.

Respecto a la propuesta teórica de Hufty, la postura del autor de este trabajo tiene interés particular en defender los derechos colectivos de los proveedores del conocimiento tradicional, lo cual incluye su propia autodeterminación.

### ***Derechos colectivos sobre la biodiversidad***

La riqueza biológica que prevalece a nivel mundial, pero en la que destacan países como México, el cual ocupa hoy el cuarto lugar ([www.conabio.gob.mx](http://www.conabio.gob.mx)), es objeto de grandes debates en torno a cómo reconocer a los

que han contribuido, por cientos de años, al mejoramiento y conservación de esta biodiversidad. Además, desde principios de la década de los noventa, se discute en foros, nacionales e internacionales, cómo regular el acceso a esta riqueza biológica, en el que, por un lado, se permita la investigación y uso comercial de la información genética contenida en la diversidad biológica y, por otro, se compense a los proveedores de conocimiento tradicional, y conservadores y mejoradores de la propia diversidad biológica.

El reto es cómo reconocer los derechos colectivos de comunidades rurales y pueblos indígenas sobre esta diversidad biológica. La complejidad del reconocimiento de estos derechos colectivos es que ésta incluye territorios a los cuales las comunidades rurales y pueblos indígenas tienen un fuerte apego cultural (Leff, 2001). De manera que, cuando en este trabajo se alude a derechos colectivos, se refiere a los derechos de las comunidades locales y pueblos indígenas que tienen sobre los recursos genéticos presentes en la diversidad biológica, que se encuentra en los territorios de estas mismas comunidades, incluido el propio territorio. Los derechos colectivos se entienden aquí como derechos culturales “que establecen las reglas de relación y apropiación de la naturaleza, y que por tanto definen derechos territoriales”. La noción de derechos colectivos comprendería a la contribución histórica que estas comunidades y pueblos han hecho a la conservación y mejoramiento de la biodiversidad, incluye el derecho colectivo a su autodeterminación (Leff, 2001).

## **II. La problemática del acceso a los recursos genéticos y el compartimiento de beneficios asociado al acceso**

La conservación de la diversidad biológica es uno de los mejores ejemplos de las problemáticas que expresan un sinnúmero de procesos de “gobernanza” en diferentes países, en donde se han desarrollado programas estatales, supranacionales, de convenios entre el Estado y la sociedad ci-

vil, el Estado y la participación de comunidades campesinas e indígenas, etc. En estos procesos de “gobernanza”, sin embargo, la participación de la sociedad civil, campesinos y comunidades locales e indígenas no ha sido considerada en el diseño de los programas de conservación de esta diversidad biológica, sino que es el Estado y organismos supranacionales los que los desarrollan, así como las legislaciones y planes de acción, y es entonces, después del diseño de estos programas, que se pretende vincular a la sociedad civil en general. El tipo de gobernanza así desarrollado es como el descrito por Clause Offe, en donde la relación Estado-sociedad civil contempla sólo los intereses de poder que tiene el Estado, atendiendo, en todo caso, a los de las grandes empresas transnacionales y no a los de las comunidades locales e indígenas, quienes son efectivamente las conservadoras y mejoradoras históricas de esta riqueza biológica.

Pasemos a explicar este fenómeno:

La riqueza en diversidad biológica que tienen algunos países como México no sólo constituye un gran valor cultural, ambiental y social, sino que actualmente constituye un gran valor económico potencial por el desarrollo de la biotecnología moderna. Hasta antes de 1992, el acceso a la diversidad biológica y a los recursos genéticos, existentes a nivel mundial, y que incluye a las plantas medicinales e incluso el acceso físico mismo, era de libre acceso. La CDB viene a constituir un parteaguas para delimitar y regular este acceso, pues promueve no sólo la conservación de la diversidad biológica sino su uso sustentable.

La preocupación por la biodiversidad surgió en la Conferencia de las Naciones Unidas sobre el Ambiente Humano, la cual se llevó a cabo en Estocolmo en 1972. En 1987, la Comisión Mundial sobre Ambiente y Desarrollo llegó a la conclusión de que el desarrollo económico debería ser menos destructivo en términos ecológicos.

La Convención de Diversidad Biológica, que entrara en vigor en diciembre de 1993, va más allá de la preocupación por la conservación

de la diversidad biológica, al establecer tres objetivos fundamentales: 1) la conservación de la diversidad biológica; 2) el uso sustentable de los componentes de dicha diversidad biológica y 3) el uso y compartimiento equitativo de los beneficios resultado de la utilización de los recursos genéticos. Algunos de los temas más importantes de la CDB son: a) incentivos para la conservación y uso sustentable de la diversidad biológica; b) el acceso a los recursos genéticos; c) transferencia de tecnología, incluida la biotecnología; d) conciencia pública; e) recursos financieros, y f) reportes nacionales sobre la implementación de este acuerdo, entre otros (Walia, 2013).

La CDB es sumamente controversial porque marca un antes. La regulación del acceso promovida en este acuerdo pretende, por un lado, evitar dicho acceso sin compensación alguna a los proveedores dueños de estos recursos y del conocimiento asociado a ellos, y por otro, implica la gestión de contratos que establezcan algún tipo de compensación, lo que también podría ser injusta y desigual para los proveedores, como ya se ha dado en algunos países en desarrollo.

Directamente vinculado con el objetivo de conservación, en la CDB se destaca el intento por reconocer a las comunidades locales e indígenas como mejoradoras y hace un llamado a implementar medidas concretas que compensen esta labor y por el conocimiento asociado. La propuesta de compartir los beneficios derivados del uso de estos es loable, sin embargo, la falta de claridad en cómo hacer esta compensación, y dado que se trata de comunidades que en muchas ocasiones viven en colectivo, ha dado lugar a que los gobiernos de los diferentes países miembros del Convenio de Diversidad Biológica justifiquen que es difícil y complejo, justo por tratarse de bienes colectivos.

Controversial o no, la CDB es un acuerdo vinculante, lo que implica que los países miembros, como México, deben implementar una legislación que regule el acceso a los recursos genéticos y compense equitativamente a los proveedores de ellos, lo cual aún no ha sucedido en nuestro país.

### III. El Protocolo de Nagoya. Compartimiento justo y equitativo de los beneficios. ¿Acuerdo multilateral o bilateralismo contractual?

El Protocolo de Nagoya se adopta el 29 de octubre de 2010 (y que llevara seis años de negociación y desarrollo) y como ya se mencionó pretende cumplir con el tercer objetivo del CDB, el cual es la repartición justa y equitativa de los beneficios que se deriven de la utilización de los recursos genéticos. Desde entonces, ya estaba planteado el propósito de compensar a aquellos países, comunidades o individuos, proveedores de los recursos genéticos. Al mismo tiempo que convocaba a este reparto, promovía la creación de incentivos para la conservación y uso sustentable de la diversidad biológica (Glowka y Normand, 2012).

Este Protocolo marca un paso importante, según algunos autores, en términos de la gobernanza internacional del acceso y compartimiento de beneficios y el conocimiento tradicional asociado, pues no sólo regula las relaciones entre los Estados, sino también las relaciones entre los Estados e individuos, usuarios y proveedores (comunidades indígenas, por ejemplo). Este acuerdo tiene un marco de acción multinivel que se expresa a nivel internacional, haciéndolo compatible con otros acuerdos internacionales que tratan esta problemática (como el Tratado Internacional de Recursos Fitogenéticos, el Convenio 169 de la OIT, etc.), o incluso a nivel regional, nacional y local. Este último contiene disposiciones que pueden derivar en relaciones contractuales, y que conllevan otros problemas de definición sobre cómo establecer este reparto justo (Morgera *et al.*, 2012).

Con este protocolo se pretenden aplicar efectivamente los artículos 15 (referido específicamente al acceso a los recursos genéticos) y el 8j (referido al conocimiento tradicional) del Convenio de Diversidad Biológica (Secretaría del Convenio de Diversidad Biológica, 2011). El artículo referido señala que:

En reconocimiento a los derechos soberanos de los Estados sobre sus recursos naturales, la facultad de regular el acceso a los recursos genéticos incumbe a los gobiernos nacionales y está sometida a la legislación nacional [...]

Cada parte contratante procurará crear condiciones para facilitar a otras Partes Contratantes el acceso a los recursos genéticos para utilizaciones ambientalmente adecuadas, y no imponer restricciones contrarias a los objetivos del presente Convenio (Naciones Unidas, 1992: 10)

El artículo 8(j) se expresa de la siguiente manera:

Con arreglo a su legislación nacional respetará, preservará y mantendrá los conocimientos, las innovaciones y las prácticas de las comunidades indígenas y locales que entrañen estilos tradicionales de vida pertinentes para la conservación y la utilización sostenible de la diversidad biológica y promoverá su aplicación más amplia, con la aprobación y la participación de quienes posean esos conocimientos, innovaciones y prácticas, y fomentará que los beneficios derivados de la utilización de esos conocimientos, innovaciones y prácticas, se compartan equitativamente (Naciones Unidas, 1992: 7).

Al respecto de este objetivo, en particular la conservación de los conocimientos, innovaciones y prácticas de las comunidades indígenas y locales asociados, a su vez, a la conservación de la diversidad biológica, pareciera depender de establecer programas nacionales dirigidos a este propósito.

En términos generales, se podría argumentar que si no se ha dado tal conservación de estos conocimientos y prácticas es debido a la ausencia de estos programas. Sin embargo, cuando se trata del compartimiento justo y equitativo de los beneficios derivados de la utilización de estos conocimientos e innovaciones, en principio se complica la posibilidad de desarrollar tal propósito, es decir, ¿cómo se establecerá este compartimiento “justo y equitativo” si su criterio de propiedad es en colectivo y, en muchas ocasiones, estas mismas comunidades se identifican como

“pueblos indígenas”, más que comunidades? Se complejiza, entonces, establecer disposiciones de compartimiento justo sin saber, en principio, con quiénes de todos los representantes de las comunidades indígenas se va a gestionar la repartición. Otro de los cuestionamientos que se han planteado, desde que por primera vez se estableciera este artículo en el Convenio, es la forma o formas de cómo se podrían compensar a las comunidades indígenas.

El Protocolo de Nagoya pudiera dar respuesta al establecer:

El objetivo del presente Protocolo es la participación justa y equitativa en los beneficios que se deriven de la utilización de los recursos genéticos, incluso por medio del acceso apropiado a los recursos genéticos y por medio de la transferencia apropiada de tecnologías pertinentes, teniendo en cuenta todos los derechos sobre dichos recursos y tecnologías, por medio de la financiación apropiada, contribuyendo por ende a la conservación de la diversidad biológica y la utilización sostenible de sus componentes (Secretaría del Convenio de Diversidad Biológica, 2011).

Además de esta disposición, el Protocolo de Nagoya señala, en su artículo 6, inciso g (ii), que la participación en los beneficios incluye a los derechos de propiedad intelectual.

Analizar los posibles impactos sociales del Protocolo de Nagoya nos lleva, en primer lugar, a reconocer sus aciertos: en primer lugar, representar la aplicación concreta, a nivel nacional, de las disposiciones acordadas en el Convenio de Diversidad Biológica en 1992; en segundo lugar, establece disposiciones que lleven a concretar la tarea histórica pendiente del reparto de beneficios a los proveedores de los recursos genéticos, a lo largo de las reuniones dentro de las Conferencias de las Partes (COP); en tercer lugar, propone disposiciones monetarias y no monetarias para compensar a los proveedores de los recursos genéticos; en cuarto, y ligado al anterior, establece disposiciones directas entre el

compartimiento de beneficios y la importancia de la conservación y uso sustentable de la diversidad biológica; en quinto, establece disposiciones de vigilancia de la utilización de los recursos genéticos y el establecimiento de puntos de verificación relacionados con el consentimiento fundamentado previo, con la fuente del recurso genético, con el establecimiento de condiciones mutuamente acordadas y con la utilización de recursos genéticos (Glowka y Normand, 2012; Secretaría del Convenio de la Diversidad Biológica, 2011)

En su artículo 5, titulado “Participación Justa y Equitativa en los Beneficios”, señala que:

Cada parte adoptará medidas legislativas, administrativas o de política, según proceda, con miras a asegurar que los beneficios que se deriven de la utilización de recursos genéticos que están en posesión de comunidades indígenas y locales, de conformidad con las leyes nacionales respecto a los derechos establecidos de dichas comunidades indígenas y locales sobre estos recursos genéticos, se compartan de manera justa y equitativa con las comunidades en cuestión, sobre la base de condiciones mutuamente acordadas... y que... Los beneficios pueden incluir beneficios monetarios y no monetarios, incluidos pero sin limitarse a aquéllos indicados en el Anexo (Secretaría del Convenio de la Diversidad Biológica, 2011: 6).

Tal como lo señala este artículo, el Protocolo presupone que la repartición de los beneficios se realice de acuerdo a las leyes nacionales de cada país, sin embargo, la mayoría de los países miembros no la han desarrollado. México, por su parte no la tiene.

Un segundo artículo digno de comentarse es el Art. 12, referido a los “Conocimientos asociados a recursos genéticos”, en el que se expresa:

En el cumplimiento de sus obligaciones, en virtud del presente Protocolo, las Partes, conforme a las leyes nacionales, tomarán en consideración las leyes consuetudinarias, protocolos y procedimientos comunitarios, según proceda, con respecto a los conocimientos tradicionales asociados a recursos genéticos (Secretaría del Convenio de la Diversidad Biológica, 2011).

Indudablemente, y en términos del reconocimiento a las comunidades locales e indígenas por la conservación y el conocimiento asociado a los recursos genéticos, el Protocolo de Nagoya constituye, en primer lugar, un acuerdo internacional de gran relevancia, no obstante, contiene algunas limitantes que cabe señalar: por ejemplo, en el apartado 5 del artículo 5 que acabamos de señalar cuando hace mención sobre las medidas legislativas.

La limitante parece ser que no está claro cuáles son los conocimientos tradicionales asociados a los recursos genéticos (Buck y Hamilton, 2011). Por otro lado, y respecto a los derechos de propiedad intelectual, se diría que esta propuesta podría incluir también el compartimiento de estos derechos, aunque sería complejo dado los intereses colectivos en el caso de las comunidades rurales y pueblos indígenas, quienes comparten estos derechos y apego cultural a su territorio con el interés privado de empresas transnacionales, que sólo buscan la ganancia que puedan obtener con la venta de sus productos y las regalías que cobren por el uso de sus “innovaciones”.

#### **IV. Legislación sobre acceso a los recursos genéticos y la implementación del Protocolo de Nagoya en México**

En México se han propuesto cinco iniciativas de Ley de Acceso a los Recursos Genéticos (Soberón, 2005), y la actual iniciativa de Ley General de Biodiversidad, presentada en octubre de 2016. En el año 2005, se presentó en la Cámara de Diputados un proyecto de Ley Federal de Acceso

y Aprovechamiento de los Recursos Genéticos que tenía planteado como objeto: “regular el acceso, uso, aprovechamiento, conservación ex situ e in situ de los recursos genéticos, así como la distribución justa y equitativa de los beneficios derivados del aprovechamiento y comercialización de los mismos” (Cámara de Diputados, 2015: 1).

Cabe señalar que un aspecto importante, y que han puesto como prioridad las propias comunidades indígenas, es su derecho sobre su territorio. Algunas comunidades indígenas como Compich han manifestado que antes que establecer su derecho sobre los recursos genéticos, debe quedar establecido su derecho sobre su territorio.

Son diversos y complejos los factores que explican la ausencia de una legislación nacional, entre ellos podemos mencionar: la representatividad (cuando se trata de derechos colectivos), la falta de definición de los criterios cualitativos y cuantitativos para compensar a los que proveen el recurso genético; falta de criterios de compensación que consideren a tan diversos recursos genéticos como los vegetales, animales, microorganismos y los que se refieren a propiedad intelectual y el tema del derecho sobre el territorio que demandan algunas comunidades indígenas.

Desde la perspectiva de algunos expertos en la materia, como es el caso de Jorge Soberón, el tema del acceso a los recursos genéticos tiene dos grandes retos para México. Como país megadiverso, México debe, por un lado, combatir el saqueo o acceso ilegal a sus recursos genéticos, así como el uso de el conocimiento tradicional de comunidades locales e indígenas sin compensación alguna, es decir, la “biopiratería”; en segundo lugar, la nación no puede obstruir las investigaciones en esta misma materia, ya que la investigación –en términos de saber con cuántos y qué tipo de recursos genéticos tiene México, así como fuente de progreso genético y tecnológico– tiene importancia para el propio desarrollo del país (Soberón, 2005).

Han existido algunas iniciativas de proyectos de Ley de Acceso a los Recursos Genéticos, sin éxito hasta el momento. Diversos son los

problemas que han llevado a que estas iniciativas no se hayan aprobado, entre ellas: 1) el que no se reconozca en toda la legislación la importancia del repartimiento justo y equitativo a los proveedores del conocimiento tradicional; 2) que no se distinga entre la propiedad colectiva de los pueblos indígenas y la propiedad ejidal de comunidades agrarias; 3) el que se reconozca como proveedores de recursos genéticos a los pueblos indígenas y no como usuarios de los mismos, etcétera.

En México ya se han presentado iniciativas donde se pretendía realizar actividades de bioprospección. Uno de ellos fue el llamado “International Cooperative Biodiversity Group (ICBG)”, programado para seis años, de 1998 a 2004. Involucrados en este proyecto se encontraban la Universidad de Georgia, el Colegio de la Frontera Sur (Ecosur) y una compañía farmacéutica británica llamada Molecular Nature Limited. El objetivo del ICBG era estimular el campo de la bioprospección para promover modelos para el desarrollo del uso sustentable de la biodiversidad, identificando a la bioprospección útil para el mejoramiento de la salud humana a través del descubrimiento de recursos naturales con propiedades medicinales; la conservación de la diversidad biológica y promover la actividad económica sustentable de las comunidades (Nigh, 2002).

Debido a que una de las principales disposiciones de la CDB es el “acuerdo informado previo”, en este caso de las comunidades, dado que en su territorio se realizaría la bioprospección, uno de los principales problemas fue el de la representación. Es decir, el acuerdo informado previo requiere de una figura que represente a la comunidad para que autorice el ejercicio de bioprospección. Dada la forma en la cual están organizadas las comunidades indígenas, no puede existir un solo individuo o un grupo de individuos presentándose como el o los propietarios de la diversidad biológica de determinado espacio. Otro de los problemas era que no existía en el país una estructura jurídica que posibilitara el desarrollo de este proyecto, lo cual significaba que no existía –como actualmente tampoco existe– una ley de acceso a los recursos genéticos.

Un obstáculo más para el desarrollo de este proyecto tenía que ver con la propiedad intelectual. Desde la perspectiva de la iniciativa privada, representada en el interés de la empresa farmacéutica, y de las propias universidades involucradas, el programa de bioprospección incluía disposiciones de propiedad intelectual, lo cual implicaría otorgar derechos de exclusividad a los innovadores sobre los recursos fitogenéticos, sin embargo, para las comunidades indígenas mayas, especialmente para Compich:

Nuestras plantas medicinales no son nuestras, ellas pertenecen a todos. Nosotros compartimos todo el conocimiento desde el tiempo de nuestros primeros padres y madres. Ellos mismos se curaron con plantas medicinales, minerales y animales. Nosotros queremos que las comunidades tengan el conocimiento que los cure a ellos mismos. No deseamos que alguien se apropie de nuestro conocimiento sólo para su beneficio personal (Nigh, 2002).

Finalmente, en el mes de octubre del año 2000, Ecosur retiró su solicitud para la autorización de bioprospección y se suspendieron las actividades del proyecto ICBG.

### ***Iniciativa de Ley General de Biodiversidad de México***

#### *Derecho sobre los recursos genéticos y derecho sobre el territorio*

El Partido Verde Ecologista de México presentó, en octubre de 2016, una iniciativa de Ley General de Biodiversidad. La relación que existe entre esta propuesta de ley y la reunión de la COP 13, que se estaría llevando a cabo del 2 al 17 de diciembre de este mismo año en la Ciudad de Cancún, Quintana Roo, es inevitable, es decir, la premura con la que se planteó esta iniciativa pareciera atender más a este compromiso internacional por ser sede para la COP 13, que atender realmente a la necesidad de una ley que

atienda la importancia de conservar la biodiversidad y la compensación de la que hemos platicado.

La Senadora Ninfa Salinas –promotora de esta iniciativa- enfatiza que esta iniciativa de Ley General de Biodiversidad atiende a la necesidad de:

1) Incorporar el Protocolo de Nagoya a la legislación mexicana; 2) integrar las disposiciones de biodiversidad en un solo ordenamiento, que señale la concurrencia entre los tres niveles de gobierno; 3) fortalecer y actualizar las disposiciones de la LGVS y la importancia de conservar la biodiversidad de nuestro país.

Cabe señalar que integrar el Protocolo de Nagoya a la legislación mexicana implica un gran reto y una gran necesidad no sólo por la importancia de conservar la diversidad biológica, sino por el compartimiento justo y equitativo por el uso de estos recursos a los poseedores y mejoradores históricos de los mismos.

En el artículo 2 de esta iniciativa se señala:

**Artículo 2.** Las disposiciones de esta Ley son aplicables en todo el territorio nacional y tienen por objeto establecer las facultades de los distintos órdenes de gobiernos, así como los espacios y mecanismos de participación ciudadana para:

III. Lograr la participación justa y equitativa en los beneficios que se deriven del aprovechamiento de los recursos genéticos y del conocimiento tradicional asociado, considerando el acceso apropiado y por medio de la transferencia apropiada de tecnologías pertinentes, así como todos los derechos sobre dichos recursos y conocimientos.

IV. Lograr que los beneficios que se deriven de la utilización de recursos genéticos que están en posesión de comunidades indígenas se compartan de manera justa y equitativa sobre la base de condiciones mutuamente acordadas.

La repartición justa y equitativa en los beneficios que se deriven del aprovechamiento de los recursos genéticos y del conocimiento tradicional asociado indudablemente es una necesidad urgente, sin embargo, existen varios aspectos controversiales que a continuación explico. El primero de ellos está relacionado con que en la propia iniciativa no queda claro quiénes son los dueños de los recursos genéticos. Representantes de instituciones públicas como la Semarnat, han señalado que los propietarios, es decir, el dueño de los recursos genéticos, es el Estado mexicano. Partiendo de este principio, se repartirá entonces a las comunidades y pueblos indígenas sólo ahí donde exista conocimiento tradicional asociado. Esto último parecería justo, sin embargo, es difícil, desde mi perspectiva definir con precisión dónde existe este conocimiento tradicional asociado, ya que se ha conformado a través de los siglos y por tanto es casi inherente a los recursos genéticos. En otras palabras, si se parte de la idea de que el propietario de los recursos genéticos es el Estado, entonces no se les está reconociendo a las comunidades y pueblos indígenas como mejoradores y responsables, en gran parte, de la diversidad biológica que tenemos en México y que es histórica.

Por otro lado, la Iniciativa de Ley General de Biodiversidad, presentada por la senadora Salinas, señala que para su elaboración, se utilizó la metodología de “mapa de actores”, en el periodo comprendido entre los últimos meses del 2015 y los tres primeros meses de 2016, y se entrevistaron representantes del gobierno, del sector ambiental, expertos en la materia y de la sociedad civil, a fin de establecer la pertinencia de una ley específica de biodiversidad ([www.senado.gob.mx/sgsp/gaceta/63/2/2016-10.../Inic\\_PVEM\\_Ninfa\\_LGBio.pdf](http://www.senado.gob.mx/sgsp/gaceta/63/2/2016-10.../Inic_PVEM_Ninfa_LGBio.pdf), revisada el 25 de noviembre de 2016). Al respecto cabe comentar los siguientes aspectos: a) en primer lugar, no queda claro qué actores se entrevistaron y qué tan relevantes fueron; incluso en una reunión llevada a cabo en el Instituto de Investigaciones Jurídicas de la UNAM, unos meses antes de la COP 13, expertos en medio ambiente se sorprendieron de que se quisiera aprobar dicha iniciativa en “fast track”; b) en segundo lugar, cuando la senadora

Salinas menciona que se entrevistó a representantes de la sociedad civil, no queda claro si entrevistaron a comunidades locales e indígenas y al sector campesino. Es decir, no queda claro si entrevistaron a uno de los actores más relevantes, ya que ellos sería uno de los beneficiados ([www.senado.gob.mx/sgsp/gaceta/63/2/2016-10.../Inic\\_PVEM\\_Ninfa\\_LG-Bio.pdf](http://www.senado.gob.mx/sgsp/gaceta/63/2/2016-10.../Inic_PVEM_Ninfa_LG-Bio.pdf), revisada el 25 de noviembre de 2016); c) en tercer lugar, el tema de la repartición justa y equitativa para los proveedores de conocimiento tradicional asociado a los recursos genéticos ya se ha tratado en México desde principios del *sglo* *xxi*. En el año 2001, por ejemplo, se llevó a cabo el Foro: Acceso a recursos genéticos y derechos de los pueblos indígenas, promovido por el Instituto Nacional de Ecología (INE), la Secretaría del Medio Ambiente y Recursos Naturales (Semanat), la Red de Abogadas y Abogados por los derechos de los Pueblos Indígenas (RADPI) y la Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco (UAM-X) (llevado a cabo los días 13 y 14 de noviembre de 2001) (Romero, 2001). En dicho foro también participaron comunidades indígenas como Compich, organizaciones civiles, instancias gubernamentales, académicos y estudiantes, entre otros sectores. El tema, sin duda, generó grandes debates entre los sectores invitados. Uno de los temas de mayor controversia fue justamente cómo repartir, justa y equitativamente, a las comunidades indígenas como proveedoras de estos recursos y de su conocimiento tradicional. Las propuestas giraron en torno a la compensación monetaria, que se les permitiera patentar, adicional a que se les incluyera en proyectos de conservación de la biodiversidad, hasta el derecho a la autodeterminación.

Estratégica o casualmente se les permitió participar hasta el final; lo que comentaron fue que los recursos genéticos no eran de ellos, sino que eran de Dios, y que ellos eran parte de esta naturaleza llamada recursos genéticos y no propietarios de ellos. Sin embargo, enfatizaron que lo que querían era que se restableciera su derecho sobre su territorio.

Este último aspecto, el del derecho sobre el territorio para las comunidades y pueblos indígenas, es justamente el que está ausente en la

Iniciativa de Ley General de Biodiversidad. Autores como Enrique Leff, señalan que el territorio es:

El lugar donde la sustentabilidad se enraiza en bases ecológicas e identidades culturales. Es el espacio social donde los actores sociales ejercen su poder para controlar la degradación ambiental y para movilizar potenciales ambientales en proyectos autogestionados generados para satisfacer necesidades, aspiraciones y deseos de los pueblos, que la globalización económica no puede cumplir. El territorio es el locus de las demandas y los reclamos de la gente para reconstruir sus mundos de vida. El nivel local es donde se forjan las identidades culturales (Leff, 2005: 12).

Si se trata de una Ley de Biodiversidad podría parecer no necesario incluir disposiciones respecto al derecho sobre el territorio, sin embargo, esta Ley incluye disposiciones sobre el acceso a los recursos genéticos y compartimiento de los beneficios, y éstos tienen una premisa indispensable, que ha sido expresada por las propias comunidades indígenas, y es justamente el derecho sobre el territorio.

Es el Título Segundo de la iniciativa de Ley General de Biodiversidad el que incluye las disposiciones sobre diversidad genética, acceso a los recursos genéticos y el compartimiento justo y equitativo derivado del uso de los mismos, sin embargo, como no está incluido el derecho de los pueblos y las comunidades indígenas a la autodeterminación, esto puede ocasionar que digan NO al acceso a los recursos genéticos, si se encuentran en su territorio.

La implementación de una política de reparto justo y equitativo por el uso de los recursos genéticos, en el que el conocimiento tradicional esté asociado, será difícil desde una perspectiva de gobernanza, si se refiere a la relación armónica entre el Estado y las comunidades indígenas, pues queda pendiente primero establecer un derecho pleno sobre el territorio y el derecho a la autodeterminación.

### *Otras limitaciones de la Ley General de Biodiversidad*

Otra de las limitaciones de la Ley General de Biodiversidad es que esta iniciativa pretende derogar la Ley General del Equilibrio Ecológico y Protección del Ambiente (LGEEPA) y la Ley Sanidad Vegetal (LSV) e integrarlas a ella.

Una limitación muy importante a considerar sobre lo anterior es que:

Uno de los cuestionamientos que se le hacen a esta Ley General de Biodiversidad es que, en su objetivo de contar con una ley específica sobre biodiversidad, a través de derogar la LGEEPA y la LSV, quedan en riesgo algunos aspectos en materia de biodiversidad: por ejemplo, como bien señala el CEMDA, mientras la LGEEPA señala en su Título II, Artículo 55, referido a los Tipos y Características de Áreas Naturales Protegidas, que:

Los santuarios son aquéllas áreas que se establecen en zonas caracterizadas y por una considerable riqueza de flora y fauna o por la presencia de especies, subespecies o hábitat de distribución restringida. Dichas áreas abarcarán cañadas, vegas, relictos, grutas, cavernas, cenotes, caletas u otras unidades topográficas o geográficas que requieran ser preservadas o protegidas [...] en estos santuarios sólo se permitirán actividades de investigación, recreación y educación ambiental, compatibles con la naturaleza y características del área (Cámara de Diputados, 2015: 40).

La Ley General de Biodiversidad, señala al respecto, en su artículo 176, que “en los santuarios se permitirán preferentemente actividades de investigación, recreación y educación ambiental, compatibles con la naturaleza y características del área (Cámara de Senadores, 2016: 75).

Esta especificación de “preferentemente”, implica la posibilidad de que se lleven a cabo otras actividades, además de las señaladas y, por tanto, se ponen en riesgo dichas áreas naturales protegidas.

## CONCLUSIONES

La implementación del Protocolo de Nagoya significa un conflicto de intereses.

La defensa de los derechos colectivos de los recursos genéticos, asociados al conocimiento tradicional, a partir de la implementación del Protocolo de Nagoya en México, tiene como tarea pendiente un derecho sobre el territorio que no está plenamente establecida. Es decir, desde mi perspectiva, una tarea pendiente, antes que el reparto justo y equitativo por el uso de estos recursos, es justamente este derecho sobre el territorio de las comunidades indígenas de nuestro país, lo que les permitiría no sólo un derecho sobre la autodeterminación, sino desarrollar una actividad de conservación y desarrollo de la biodiversidad, de la cual ellos forman parte.

La propuesta que se encuentra en la Iniciativa de Ley de Biodiversidad, y que plantea la inclusión de disposiciones de reparto monetario, pareciera inducir a una propuesta de mercado de nuestra diversidad biológica, más que de conservación y su desarrollo.

Si reconocemos a las comunidades locales e indígenas como conservadoras y mejoradoras históricas de la diversidad biológica, se debería entonces, consultar e incluir una política de conservación y desarrollo contemplando sus prácticas culturales y relación con la naturaleza.

Sería importante desarrollar estrategias in situ, lo que implica estrategias de las propias comunidades locales e indígenas para proteger sus insumos, sus recursos y su conocimiento asociado a ellos.

La defensa sobre el territorio para las comunidades y pueblos indígenas tendría que establecerse en una legislación específica que, a pesar de la situación actual de inseguridad en nuestro país, debiera desarrollarse, si es que en verdad queremos implementar una legislación que proteja y desarrolle nuestra biodiversidad.

El desarrollo de la biotecnología, agrícola en particular, impulsa el desarrollo de regulaciones y políticas de acceso a los recursos genéticos.

Son los países llamados del Tercer Mundo los que han presionado para que existan también regulaciones y políticas de distribución equitativa de los beneficios. Pareciera justo, entonces, desarrollar estrategias de reparto justo y equitativo a aquellas comunidades que proveen de su conocimiento sobre el uso de esos recursos, sin embargo, si la perspectiva es desde la propia conservación de la biodiversidad, entonces debiéramos reconocer los derechos colectivos de aquellos que la han conservado y mejorado por cientos de años.

## BIBLIOGRAFÍA

- Buck, M. y C. Hamilton, 2011, "The Nagoya Protocol on Access to Genetic Resources and the Fair and Equitable Sharing of Benefits Arising from their Utilization to the Convention on Biological Diversity", *Review of European Community & International Environmental Law (RECIEL)*, 20, 1, Blackwell Publishing, Oxford, UK and Malden, USA.
- Cámara de Diputados del H. Congreso de la Unión, 2015, *Ley General del Equilibrio Ecológico y Protección al Ambiente*, Secretaría General, Secretaría de Servicios Parlamentarios, Última Reforma, DOF 09-01-2015, México.
- Cámara de Senadores, 2016, *Iniciativa de Ley General de Biodiversidad*, presentada por la Senadora Ninfa Salinas, integrante del Grupo Parlamentario Verde Ecologista, en [www5.diputados.gob.mx](http://www5.diputados.gob.mx).
- Glowka, L. y V. Normand, 2012 "The Nagoya Protocol on Access and Benefit-sharing: Innovations in International Environmental Law", en Morgera E. *et al.* (Editors.), *The 2010 Nagoya Protocol on Access and Benefit Sharing in Perspective*, Martinus Nijhoff Publishers, NY, USA.
- Hufty, M., 2011, "Governance: Exploring four approaches and their relevance to research", en Wiesmann, U. y H. Hurni, (Edit. with an international group of co-editors), *Research for Sustainable Deve-*

- lopment: Foundations, Experiences, and Perspectives. Perspectives of the Swiss National Centre of Competence in Research (NCCR) North-South*, University of Bern, Vol. 6. Bern, Switzerland.
- Leff, E. (Coord), 2001, *Justicia Ambiental. Construcción y Defensa de los Nuevos Derechos Ambientales, Culturales y Colectivos en América Latina*, PNUMA/CEICH-UNAM, México, 2001.
- Leff, E., 2005, "La Geopolítica de la Biodiversidad y el Desarrollo Sustentable: economización del mundo, racionalidad ambiental y reapropiación social de la naturaleza", en <http://bibliotecavirtual.clasco.org.ar/ar/libros/reggen/pp12.pdf>
- Mayntz, R., 2001, "El Estado y la Sociedad Civil en la Gobernanza Moderna", en *CLAD, Reforma y Democracia* Núm. 21, Caracas.
- Morgera, E. et al., 2012, *The 2010 Nagoya Protocol on Access and Benefit Sharing in Perspective*, Martinus Nijhoff Publishers.
- Naciones Unidas, 1992, "Convención sobre Diversidad Biológica", en [www.cbd.int/doc/legal/cbd-es.pdf](http://www.cbd.int/doc/legal/cbd-es.pdf)
- Nigh, R., 2002, "Maya Medicine in the Biological Gaze. Bioprospecting Research as Herbal Fetichism", en *Current Anthropology*, Vol. 43, Num. 3, The Wenner Gren Foundation for Anthropological Research, University of California, USA.
- Offe, C., 2009, "Governance: An Empty Signifier?", en *Constellations* 16(4).
- Peters, G., 2012, *Is Governance for Everybody? The Use and Abuse of Governance*, en Bissessar, Ann Marie, *Governance: Is it for Everyone?*, Nova Science Publishers.
- Romero, P., 2001, "Memorias del Foro: Acceso a los recursos genéticos y derechos de los pueblos indígenas", Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco y RADPI, A.C., México.
- Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica, 2011, "Protocolo de Nagoya sobre Acceso a los Recursos Genéticos y Participación Justa y Equitativa en los Beneficios que Deriven de su Utilización al Convenio sobre la Diversidad Biológica", Programa de las Naciones Unidas para el Medio Ambiente, Montreal, Quebec, Canadá.

- Soberón, J., 2005, "Comentarios sobre la legislación de México en relación con el acceso a los recursos genéticos", en *Biota Neotrop* 5(1).
- Walia, G., 2013, "Biodiversity: Planning for Sustainable Development", en *International Journal of Sustainable Development* 06:09, Ontario International Development Agency, en <http://www.ssrn.com/link/OIDA-Intl-Journal-Sustainable-Dev.html>

#### Páginas electrónicas revisadas

[www.senado.gob.mx/sgsp/gaceta/63/2/2016-10.../Inic\\_PVEM\\_Ninfa\\_LGBio.pdf](http://www.senado.gob.mx/sgsp/gaceta/63/2/2016-10.../Inic_PVEM_Ninfa_LGBio.pdf)  
[www.conabio.gob.mx](http://www.conabio.gob.mx)

# Evaluación del crecimiento en *Trichogaster trichopterus* (Pallas 1770) (Teleostei: Osphronemidae) con diferentes alimentos

Araceli Cortés García<sup>1</sup>, Alicia Montiel Borbolla, Martha Rodríguez Gutiérrez y Jesús Dámaso Bustamante González

**Resumen.** Dentro de la familia Osphronemidae se encuentran los guramis de tres puntos (*Trichogaster trichopterus*, Pallas 1770), de origen asiático, ampliamente distribuido y comercializado en la parte centro de México con fines ornamentales, y de los cuales se carece de información sobre el efecto del alimento, que representa hasta 50% del costo de producción. De tal manera que el objetivo de la presente investigación fue evaluar el efecto de cuatro alimentos en el crecimiento de *T. trichopterus*, y determinar con base al análisis costo-beneficio la mejor alternativa para mantener a los organismos durante el periodo previo a su venta. El experimento consistió en mantener 30 individuos para cada tratamiento en peceras de 80 L, alimentados con 3% de la biomasa, dividida en tres raciones con una duración de 90 días con: T1) alimento comercial para trucha Silver Cup El Pedregal®; T2) larva de tenebrio (*Tenebrio molitor*); T3) nixtamal y T4) alimento mixto (alimento comercial + larva de tenebrio + nixtamal, en proporciones iguales). Para determinar el crecimiento se registró la longitud total y altura (mm) con vernier digital marca SURTEK® ( $\pm 0.001$  mm) y el peso (g) con una

<sup>1</sup> Laboratorio de Reproducción Genética y Sanidad Acuícola, Departamento El Hombre y su Ambiente, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco, e-mail: acortes@correo.xoc.uam.mx

balanza digital marca: Sartorius talent® ( $\pm 0.1$  g). Los resultados muestran que los organismos alimentados con T1 tuvieron mayor incremento en longitud y peso que fue de  $82.49 \pm 4.33$  mm y  $7.88 \pm 1.02$  g, respectivamente, con Incremento Diario (ID) de 0.168 mm y 0.034 g, Tasa de Crecimiento Absoluto (TCA) de 15.5 mm y 3.14 g, Tasa de Crecimiento Específico (TCE) de 0.10 mm y 0.25 g con un Factor de Condición (FC) de 1.43. En cuanto a la altura de los organismos, el T4 fue quien mostró mayor incremento con un promedio de  $26.40 \pm 2.56$  mm, TCA de 4.62 mm y TCE de 0.09 mm. El T1 y T4 mostró mayor ID, TCA, TCE y FC. Sin embargo, para optimizar y reducir costos de operación en el cultivo de *T. trichopterus* y otras especies de ornato, el empleo del nixtamal es una adecuada opción para los productores.

**Palabras clave:** Silver Cup El Pedregal®, tenebrio molitor, nixtamal, incremento diario, tasa de crecimiento absoluto, tasa de crecimiento específico, factor de condición.

**Abstract.** Within the Osphronemidae family there are three-spots gouramis (*Trichogaster trichopterus*, Pallas 1970), which has an Asian origin, is widely distributed and marketed in the central part of Mexico for ornamental purposes. The objective of the present investigation was to evaluate the effect of four diets on the growth of *T. trichopterus* and based on a cost-benefit analysis determine the best alternative for maintain the organisms during the period prior to their sale. The experiment consisted in keeping 30 individuals for each diet in 80 L fish tanks fed with 3% of the total biomass, divided into three servings for 90 days with: T1) commercial food for trout "Silver Cup The Pedregal®"; T2) tenebrio larva (*Tenebrio molitor*); T3) "nixtamal" T4) mixed food (commercial feed + tenebrio larva + "nixtamal", in equal proportions). To determine the growth, the total length and height (mm) were recorded with the digital vernier "SURTEK®" ( $\pm 0.001$  mm) and the weight (g) with a digital scale of the brand: "Sartorius talent®" ( $\pm 0.1$  g) The results show that the organisms fed with T1 had greater increase in length  $82.49 \pm 4.33$  mm and weight with  $7.88 \pm 1.02$  g, with DI (daily increase) of 0.168 mm and 0.034 g, AGR (absolute growth rate) of 15.5 mm and

3.14 g, SGR (specific growth rate) of 0.10 mm and 0.25 g with a CF (condition factor) of 1.43. Regarding the height of the organisms, the T4 showed the greatest increase with an average of  $26.40 \pm 2.56$  mm, AGR of 4.62 mm and SGR of 0.09 mm. The commercial food T1 and T4 were those who showed higher DI, AGR, SGR, CF. However, to optimize and reduce operating costs in the cultivation of *T. trichopterus* and other ornamental species, the use of "nixtamal" would be a good option for producers.

**Keywords:** Silver Cup El Pedregal®, *tenebrio molitor*, nixtamal, daily increase, absolute growth rate, specific growth rate, condition factor.

## INTRODUCCIÓN

La acuicultura es la actividad dedicada a la producción y comercialización de organismos acuáticos destinados al consumo humano y ornamental.

En México, la industria de peces ornamentales es una alternativa de producción rentable con perspectivas de crecimiento social y económico, en la cual se cultivan más de 160 especies con sus respectivas variedades, en 23 entidades federativas.

Por su producción y demanda destaca el guppy (*Poecilia reticulata*), carpa dorada (*Carassius auratus*), pez ángel (*Pterophyllum scalare*), platy (*Xiphophorus* sp.), cebra (*Danio rerio*), tetra (*Hemiframmus caudovittatus*), betta (*Betta splendens*) y gurami (*Trichogaster* sp.) (Ramírez *et al.*, 2010; Sagarpa, 2015).

Los guramis se encuentran entre los más codiciados y de alto valor comercial (Sagarpa, 2015), lo cual se atribuye a la diversidad que presenta esta especie, entre las que destaca el de tres puntos (*Trichogaster trichopterus*), de origen asiático perteneciente a la familia Osphronemidae (Bi y Lim, 2012).

La familia a la que pertenece esta especie, se caracteriza por la presencia de un órgano laberíntico situado en la cavidad oral por encima de las branquias, quien absorbe el oxígeno proveniente de la atmósfera, cuenta con una aleta dorsal corta que inicia en la parte media del cuerpo y presenta de 6 a 8 radios, aleta anal con XII-35 y aletas pélvicas en posición yugular transformadas en filamentos rígidos que funcionan como órganos sensoriales, el pez puede alcanzar una longitud total máxima de 15 cm. (Degani *et al.*, 2003; DOF, 2012; Bi y Lim, 2012).

Para la industria de peces de ornato, el alimento constituye hasta 50% de los costos de producción (Ramírez *et al.*, 2010), razón que hace necesario evaluar la implementación de alimentos disponibles de bajo costo para el crecimiento y sobrevivencia, lo cual permitirá a los productores elegir aquellos que muestren mejores resultados.

Por ello, el objetivo de la presente investigación fue evaluar el efecto de cuatro alimentos en el crecimiento de *T. trichopterus* y determinar, con base al análisis costo-beneficio, el que constituye la mejor alternativa para mantener a los organismos durante el periodo previo a su venta.

## MATERIALES Y METODOS

### Obtención de peces

Los peces de tres meses de edad, correspondientes a fase juvenil, con longitud total  $68.36 \pm 0.73$  mm y peso promedio  $4.51 \pm 0.17$  g, se obtuvieron de la comercializadora Fish factory situada en el estado de Veracruz.

Los organismos fueron acondicionados en el Laboratorio de Reproducción, Genética y Sanidad Acuícola, donde, previo al inicio del experimento, se mantuvieron en cuarentena en una pecera de 120 L, temperatura de  $27 \text{ }^\circ\text{C} \pm 1 \text{ }^\circ\text{C}$ , pH  $7.8 \pm 0.2$ ; oxígeno disuelto entre  $3-5 \text{ mg L}^{-1} \pm 0.5$  y fotoperiodo natural de 10 L/14O, alimentados con

3% de la biomasa con alimento comercial para trucha Silver Cup El Pedregal®.

## Diseño experimental

El experimento duró 90 días, los peces fueron colocados en acuarios de 80 L (n=30 por dieta), provistos con filtro biológico, temperatura de  $27^{\circ}\text{C} \pm 0.5^{\circ}\text{C}$ , pH  $7.5 \pm 0.2$ , oxígeno disuelto entre  $3\text{-}5\text{ mg L}^{-1} \pm 0.3$  y fotoperiodo natural de 10L/14O, alimentados con 3% de la biomasa dividida en tres raciones, con: T1) alimento comercial para trucha Silver Cup El Pedregal®; T2) larva de tenebrio *Tenebrio molitor* cultivados, previamente secados y molidos; T3) nixtamal y T4) alimento mixto (alimento comercial + larva de tenebrio + nixtamal). En el Cuadro 1 se presenta el análisis proximal de los alimentos.

**Cuadro 1. Análisis proximal de los alimentos**

Componente %	T1 *Silver Cup El Pedregal® para trucha	T2 ** <i>Tenebrio molitor</i>	T3 **Nixtamal	T4 **Mixto: Silver Cup El Pedregal® + <i>T. molitor</i> + nixtamal
Proteína	45	52	9.00	38.35
Grasas	16	28.5	4.24	15.58
Cenizas	12	4.33	0.71	ND
Fibra	12.5	7.02	ND	ND

\*Valores del proveedor, \*\*Análisis realizado por el Laboratorio de Bromatología, UAM-X.

ND=No detectado.

**Evaluación del crecimiento y peso.** Cada 15 días se determinó la longitud total y altura (mm) con vernier digital marca: SURTEK® ( $\pm 0.001$  mm), y el peso (g) con una balanza digital marca: Sartorius talent® ( $\pm 0.1$  g).

La talla y el incremento en peso diario g día<sup>-1</sup> (ID) se calculó de acuerdo a Luna-Figueroa *et al.* (2010):

$$ID = \frac{VBF - VBI}{T}$$

Donde:

**ID** = Incremento diario.

**VBF** = Variable biométrica final (longitud, altura, peso).

**VBI** = Variable biométrica inicial (longitud, altura, peso).

**T** = Días al final del periodo experimental

La ganancia de peso (GP) se calculó de acuerdo a Moreno *et al.* (2000):

$$GP = W_2 - W_1$$

Donde:

**GP** = Ganancia de peso en gramos.

**W<sub>2</sub>** = Peso en gramos al finalizar el periodo.

**W<sub>1</sub>** = Peso en gramos al iniciar el periodo.

La tasa de crecimiento absoluto (TCA) se determinó de acuerdo a Wootton (1991):

$$TCA = VBF - VBI$$

Donde:

**TCA** = Tasa de crecimiento absoluto.

**VBF** = Variable biométrica final (longitud, altura, peso).

**VBI** = Variable biométrica inicial (longitud, altura, peso).

La tasa de crecimiento específico (TCE) se calculó de acuerdo a Mohanta *et al.* (2011):

$$TCE = \frac{\text{Ln VBF} - \text{Ln VBI}}{T} \quad (100)$$

Donde:

**TCE** = Tasa de crecimiento específico.

**Ln** = Logaritmo natural.

**VBF** = Variable biométrica final (longitud, altura o peso).

**VBI** = Variable biométrica inicial (longitud, altura o peso).

**T** = Tiempo (días).

El Factor de Condición (FC) se determinó de acuerdo con Vazzoler (1982):

$$FC = \frac{P}{L^3} \quad (100)$$

Donde:

**FC** = Factor de condición.

**P** = Peso.

**L** = Longitud

El porcentaje de sobrevivencia se calculó de acuerdo a Luna-Figueroa *et al.* (2010):

$$\text{Sobrevivencia (\%)} = \frac{\text{Número final de peces}}{\text{Número inicial de peces}} \quad (100)$$

El costo de la alimentación se estimó por kilo de alimento.

**Análisis estadístico.** Los resultados fueron procesados mediante análisis descriptivos expresados como medias  $\pm$  desviación estándar. La normalidad de las variables fue comprobada mediante el test de Shapiro-Wilk. Para determinar diferencias significativas entre la longitud, altura y peso con respecto a las dietas se empleó un análisis de varianza de una vía (ANOVA). Al encontrar diferencias significativas ( $P < 0.05$ ) se realizó la prueba de Tukey.

## RESULTADOS

### Crecimiento

#### *Longitud total*

La T1 mostró mayor incremento con un promedio de  $82.49 \pm 4.33$  mm, ID de 0.168 mm, TCA de 15.5 mm y TCE de 0.10 mm, se detectaron diferencias ( $P < 0.05$ ) (Cuadro 2). Las curvas del crecimiento se ajustaron al modelo logarítmico para las cuatro dietas (Figura 1).

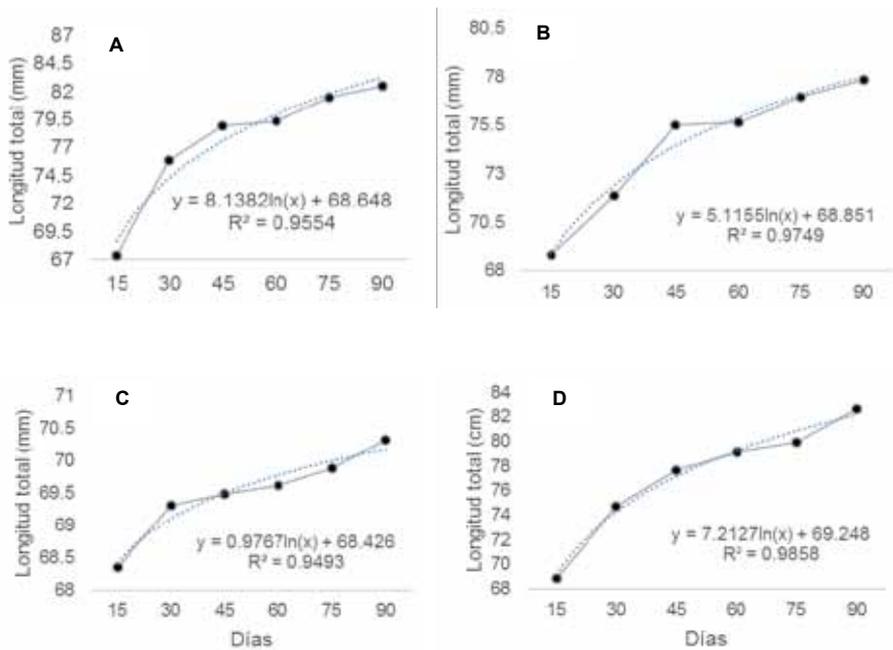
#### *Altura*

La T4 mostró mayor incremento con un promedio de  $26.40 \pm 2.56$  mm, TCA de 4.62 mm y TCE de 0.09 mm, se detectaron diferencias ( $P < 0.05$ ) (Cuadro 2).

#### *Peso*

La T1 mostró mayor incremento con un promedio de  $7.88 \pm 1.02$  g, ID de 0.314 g, TCA de 3.14 g y TCE de 0.25 g. Se detectaron diferencias significativas ( $P < 0.05$ ) (Cuadro 2). Las curvas del crecimiento para T1, T2 y T4 se ajustaron al modelo logarítmico y T3 a un modelo polinómico (Figura 2).

**Figura 1.** Curvas de crecimiento respecto a la longitud total en *T. trichopterus*.



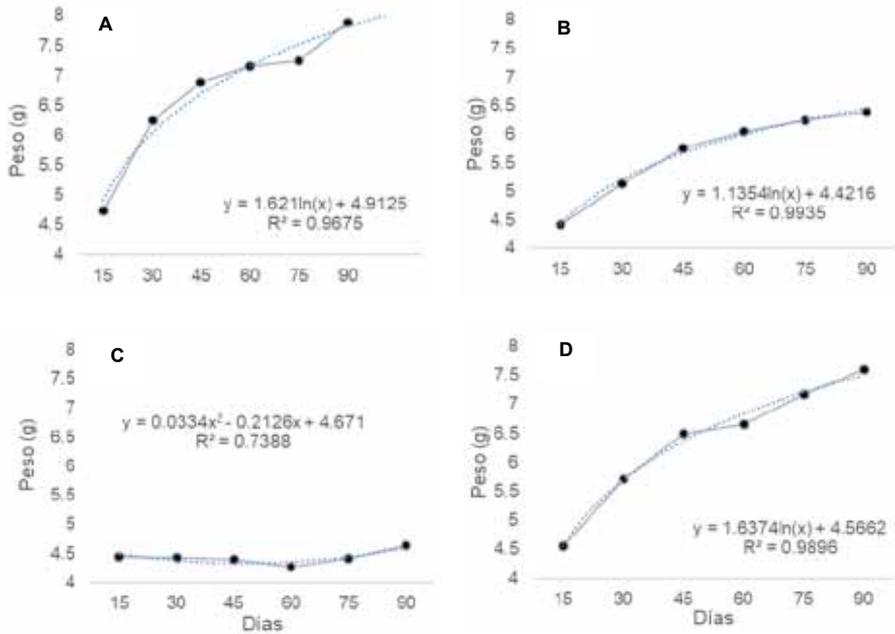
A) alimento comercial para trucha Silver Cup El Pedregal®; B) larva de tenebrio (*Tenebrio molitor*); C) nixtamal y D) alimento mixto (alimento comercial + larva de tenebrio + nixtamal).

**Cuadro 2. Indicadores del crecimiento en *T. trichogaster* por tratamiento**

Variable	Dieta	Valor inicial	Valor final	ID	TCA	TCE
<b>Longitud total (mm)</b>	T1	67.34±7.78 <sup>a</sup>	82.49±4.33 <sup>a</sup>	0.168	15.15 <sup>a</sup>	0.10 <sup>a</sup>
	T2	68.82±4.43 <sup>a</sup>	77.86±6.27 <sup>b</sup>	0.100	9.04 <sup>b</sup>	0.06 <sup>b</sup>
	T3	68.34±4.82 <sup>a</sup>	70.33±5.37 <sup>c</sup>	0.022	1.99 <sup>c</sup>	0.01 <sup>c</sup>
	T4	68.90±4.87 <sup>a</sup>	82.62±4.52 <sup>ad</sup>	0.152	13.72 <sup>ad</sup>	0.09 <sup>ad</sup>
<b>Altura (mm)</b>	T1	23.10±1.68 <sup>a</sup>	27.42±1.95 <sup>a</sup>	0.048	4.32 <sup>a</sup>	0.08 <sup>a</sup>
	T2	22.12±1.61 <sup>a</sup>	24.28±1.47 <sup>b</sup>	0.024	2.16 <sup>b</sup>	0.04 <sup>b</sup>
	T3	20.98±1.67 <sup>b</sup>	22.27±2.04 <sup>c</sup>	0.014	1.29 <sup>c</sup>	0.03 <sup>c</sup>
	T4	21.78±1.77 <sup>b</sup>	26.40±2.56 <sup>ad</sup>	0.001	4.62 <sup>ad</sup>	0.09 <sup>ad</sup>
<b>Peso (g)</b>	T1	4.74±0.92 <sup>a</sup>	7.88±1.02 <sup>a</sup>	0.034	3.14 <sup>a</sup>	0.25 <sup>a</sup>
	T2	4.42±0.86 <sup>a</sup>	6.39±1.25 <sup>b</sup>	0.021	1.97 <sup>b</sup>	0.18 <sup>b</sup>
	T3	4.34±0.94 <sup>a</sup>	4.63±1.05 <sup>c</sup>	0.003	0.29 <sup>c</sup>	0.03 <sup>c</sup>
	T4	4.56±0.94 <sup>a</sup>	7.59±1.27 <sup>ad</sup>	0.033	3.03 <sup>ad</sup>	0.25 <sup>ad</sup>

Superíndices que no comparten la misma letra indican diferencias significativas (P<0.05).

Figura 2. Curvas de crecimiento respecto al peso en *T. trichopterus*



A) alimento comercial para trucha Silver Cup El Pedregal®; B) larva de tenebrio (*Tenebrio molitor*); C) nixtamal y D) alimento mixto (alimento comercial + larva de tenebrio + nixtamal).

## Factor de Condición y sobrevivencia

La T1 presentó el mayor FC  $1.43 \pm 0.07$ , seguido de T4  $1.38 \pm 0.03$  (Cuadro 3); para todos los experimentos se obtuvo 100% de sobrevivencia.

## Beneficio económico

La cantidad de alimento total proporcionado cada quince días y la suministrada durante los 90 días del experimento se muestra en el cuadro 4.

El alimento más costoso fue El Pedregal®, con un valor de \$22.22 por kg, seguido por el de tenebrio \$15.00, nixtamal \$10.00 y mixto \$11.80.

**Cuadro 3. Factor de condición de *T. trichogaster* por tratamiento**

Días	T1	T2	T3	T4
<b>0-15</b>	1.56	1.36	1.36	1.39
<b>16-30</b>	1.43	1.39	1.33	1.37
<b>31-45</b>	1.41	1.34	1.3	1.39
<b>46-60</b>	1.43	1.4	1.24	1.34
<b>61-75</b>	1.34	1.37	1.28	1.41
<b>76-90</b>	1.41	1.36	1.33	1.35
<b>Promedio±DE</b>	<b>1.43±0.07</b>	<b>1.37±0.02</b>	<b>1.31±0.04</b>	<b>1.38±0.03</b>

**Cuadro 4. Cantidad de alimento suministrado**

Días	Total de alimento suministrado (g)			
	T1	T2	T3	T4
<b>1-15</b>	64.5	60.0	61.5	61.5
<b>16-30</b>	84.0	69.0	60.0	75.0
<b>31-45</b>	93.0	78.0	60.0	84.0
<b>46-60</b>	96.0	81.0	57.0	84.0
<b>61-75</b>	97.5	84.0	60.0	90.0
<b>76-90</b>	106.5	87.0	63.0	96.0
<b>Total de alimento (g)</b>	<b>541.5</b>	<b>459.0</b>	<b>361.5</b>	<b>490.5</b>
<b>Precio kg<sup>-1</sup></b>	<b>22.22</b>	<b>15.00</b>	<b>10.00</b>	<b>11.80</b>

## DISCUSIÓN

Los estudios en peces ornamentales se han enfocado a la comparación de dietas comerciales (Luna-Figueroa *et al.*, 2000, 2001 y 2010; Domínguez y Martínez, 2016) que son de alto costo. De tal manera que la búsqueda de alimentos de fácil acceso y bajo costo, para el crecimiento y mantenimiento de los organismos hasta la talla comercial, son fundamentales para impulsar la industria acuícola.

Domínguez y Martínez (2016) evaluaron el crecimiento de *Puntius conchonius* con El Pedregal® con 27.23% de proteína y de *T. molitor* con 12.79%, los resultados demostraron que la dieta comercial tuvo mejor efecto sobre el crecimiento. En la presente investigación también se obtuvo el mayor crecimiento con El Pedregal®, cuyo porcentaje de proteínas fue de 45%, mientras que con larvas de *T. molitor*, a pesar de tener mayor porcentaje de proteínas (52%), el crecimiento no fue mayor; en cambio con el mixto (38.35%) se alcanzó casi el mismo crecimiento que con el comercial.

Lo anterior se atribuye al hábito alimenticio de la especie, reportado como omnívoro, en que el alimento comercial es una dieta, mientras que las larvas de *T. molitor*, aunque contienen un alto porcentaje de proteína, no satisface los requerimientos nutricionales de la especie, razón por lo cual al combinar los alimentos favoreció el crecimiento y abatió el costo.

Como lo reportado por Piccolo *et al.* (2017) en *Sparus aurata* que obtuvo un incremento de 189.5 g al suministrar 75% de harina de pescado, más 25% de harina de *T. molitor* versus al grupo control con harina de pescado, con 134.5 g, similares a los obtenidos por Ng *et al.* (2001), quienes en *Clarias gariepinus* indican un incremento de 58.8 g al suministrar alimento comercial más larva de *T. molitor*, comportamiento similar al obtenido con el T4 que no presentó diferencias con el T1.

No obstante, Tacon y Cowey, (1987); Luna-Figueroa *et al.* (2000); Soriano y Hernández, (2002); Mohanta *et al.* (2011); Cerna-Meza *et al.* (2014) indican que el crecimiento se ve influenciado por la cantidad y

calidad del alimento, donde el contenido de proteínas juega un papel relevante debido a que son utilizadas para el crecimiento, y su aprovechamiento depende del hábito alimenticio de la especie.

En el presente estudio el T2 que contenía el mayor porcentaje de proteínas (52%) no refleja la mayor TCE, lo cual se atribuye a la asimilación particular de cada especie y fase de desarrollo (Luna-Figueroa y Hernández, 1997).

Aunado a lo anterior, Austreng y Refstie (1979), Jauncey (1982) y Tacon y Cowey (1987) indican que la tasa de crecimiento específico (TCE) es un indicador sensible de la calidad proteica de los alimentos, y en condiciones controladas la ganancia en peso de los organismos está en función de los aminoácidos esenciales suministrados, además de que la TCE depende de la calidad y contenido de proteína.

Phillips *et al.* (1998) mencionan que el efecto del alimento en los peces depende de la especie, fase del ciclo de vida, condiciones fisiológicas y condiciones fisicoquímicas del agua.

Por otra parte, el suministro de alimento vivo, tan en boga por los productores, no es tan accesible y con alto costo de compra o producción, y es específico para la fase de desarrollo como señala Luna-Figueroa *et al.* (2010), quienes evaluaron el efecto del alimento vivo *Moina wierzejski* con 50% de proteína, *Artemia franciscana* (57%) y *Panagrellus redivivus* (44%), considerando el porcentaje de proteína y tamaño en dos fases de desarrollo en *Pterophyllum scalare*, donde el crecimiento para las crías fue favorecido con nauplios de *A. franciscana* y, en juveniles, con el suministro de *M. wierzejski*.

De la Higuera (1987); Luna-Figueroa *et al.* (2001) y Bello-Pérez *et al.* (2002) reportan que las deficiencias en las proteínas o en algún otro constituyente en la dieta como lípidos, carbohidratos, vitaminas o minerales, pueden afectar el crecimiento tal como sucedió en la presente, al suministrar nixtamal, donde el crecimiento no se vio favorecido debido al bajo contenido proteico; no obstante, el T3 fue suficiente para mantener en buen estado a los organismos a pesar de que el crecimiento fue

mínimo sin alterar los procesos fisiológicos correspondientes a su etapa de desarrollo.

Meade (1989) y Ramirez *et al.* (2010) señalan que este tipo de estudios son importantes para optimizar el crecimiento y pronta comercialización de las especies, donde el costo de mantenimiento y alimentación comprenden hasta 50% del costo de producción en una granja ornamental.

En la presente investigación, el alimento que resultó más costoso fue El Pedregal® y se atribuye a que es un alimento procesado, el cual cuenta con un estándar de calidad nutricional de acuerdo a la especie.

## CONCLUSIONES

El alimento comercial El Pedregal® y mixto fueron quienes mostraron mayor ID, TCA, TCE, FC, sin embargo, para reducir costos de operación en el cultivo de *T. trichopterus* y otras especies de ornato, el empleo de alimentos alternativos como: nixtamal, mixto y *T. molitor* son viables para mantenerlos en buen estado y favorecer la economía de los productores.

## AGRADECIMIENTOS

A la Dra. Beatriz Schettino Bermúdez por el apoyo en el análisis proximal de las dietas, y a los revisores anónimos por las sugerencias realizadas para enriquecer el manuscrito.

## BIBLIOGRAFÍA

- Austreng, E. y T. Refstie, 1979, "Effect of varying dietary protein level in different families of rainbow trout", en *Aquaculture* 18: 145-156.
- Bello, L. *et al.*, 2002, "Propiedades químicas, fisicoquímicas y reológicas de masas y harinas de maíz nixtamalizado", en *Agrociencias* 36(3): 319-328.
- Bi, L. y K. Lim, 2012, "Gouramies of the genus *Trichopodus* in Singapore (Actinopterygii: Perciformes: Osphronemidae)", en *Nature in Singapore* 5: 83-93.
- Cerna, L. *et al.*, 2014, "Efecto de tres dietas comerciales en el crecimiento y sobrevivencia de alevinos de pez ángel, *Pterophyllum scalare* (Perciformes, Cichlidae) variedad marmoleada", en *FOLIA Amazónica* 23(1): 79-86.
- Degani, G. *et al.*, 2003, "βFSH, βLH and Growth Hormone Gene Expression in Blue Gourami (*Trichogaster trichopterus*, Pallas 1770) During Spermatogenesis and Male Sexual Behavior", en *Zoological Society of Japan* 20: 737-743.
- De la Higuera, M., 1987, "Requerimientos de proteína y aminoácidos en peces", en CAICYT, *Nutrición en Acuicultura II. Plan de Formación de Técnicos Superiores en Acuicultura*, Madrid, España.
- DOF (Diario Oficial de la Federación), 2012, *Actualización de la Carta Nacional Acuícola, Peces de ornatos de agua dulce*, Secretaría de Agricultura, Ganadería, desarrollo Rural, Pesca y Alimentación, Segunda sección.
- Domínguez, O. y E. Martínez, 2016, "Crecimiento del Barbo Rosy *Puntius conchonius* (Teleostei: Cyprinidae) bajo distintas condiciones nutricionales", en *Sociedades Rurales, Producción y Medio Ambiente* 16(31): 71-90.
- Jauncey, K., 1982, "The effects of varying dietary protein level on the growth, food conversion, protein utilization and body composition of juvenile tilapias (*Sarotherodon mossambicus*)", en *Aquaculture* 27: 43-54.

- Luna, J. y L. Hernández, 1997, "Importancia del recurso natural, 'alimento vivo', en el acuarismo", en *AquaGuía* 21: 46-50.
- Luna, J. et al., 2000, "Efecto de alimentos con diferente contenido proteico en la reproducción del pez ángel *Pterophyllum scalare* variedad perlada (Pisces: Cichlidae)", en *Ciencia y Mar* 6(11): 3-9.
- Luna, J. et al., 2001, "Efecto de diferentes niveles de proteína de la dieta sobre el crecimiento de juveniles del pez neón *Paracheirodon innesi* (Pisces:Characidae)", en *Uniciencia* 18: 15:20.
- Luna, J. et al., 2010, "Alimento vivo como alternativa en la dieta de larvas y juveniles de *Pterophyllum scalare* (Lichtenstein, 1823)", en *Avances en Investigación Agropecuaria* 14(3): 63-72.
- Meade, W., 1989, *Aquaculture management*, Ana vi Book. Published by Van Nostrand Reinhold, Nueva York.
- Mohanta, N. et al., 2011, "Effect of dietary protein and lipid levels on growth, nutrient utilization and whole-body composition of blue gourami, *Trichogaster trichopterus* fingerlings", en *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition* 97: 126-136.
- Moreno, M. et al., 2000, "Alimentación de tilapia con raciones parciales de cáscaras de naranja", en *Ciencia y Tecnología Alimentaria* 3(1): 29-33.
- Ng, W., 2001, "Potential of mealworm (*Tenebrio molitor*) as an alternative protein source in practical diets for African catfish, *Clarias gariepinus*", en *Aquaculture Research* 32(1): 273-280.
- Phillips, A. et al., 1998, "Feeding frequency effects on wáter quality and growth of Walleye fingerlings in intensive culture", en *The Progressive Fish Culturist* 60(1): 1-8.
- Piccolo, G. et al., 2017, "Effect of *Tenebrio molitor* larvae meal on growth performance, in vivo nutrients digestibility, somatic and marketable indexes of gilthead sea bream (*Sparus aurata*)", en *Animal Feed Science and Technology* 226: 12-20.
- Sagarpa (Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación), 2015, "Aumenta la demanda de peces ornamentales", Conapesca, consultado 19/11/16.

- Soriano, M. y D. Hernández, 2002, "Tasa de crecimiento del pez ángel *Pterophyllum scalare* (Pisciformes: Cichlidae) en condiciones de laboratorio", en *Acta Universitaria* 12(2): 28-33
- Ramirez, C. et al., 2010, Estado actual y perspectivas de la producción y comercialización de peces de ornato en México, Monterrey, Inapesca/UANL, México.
- Tacon, A. y B. Cowey, 1987, "The nutrition and feeding of farmed fish and farmed fish and shrimp-a training manual 1, The essential nutrients FAO", Trust Fund GCO/RLA/075/ITA, Brasilia, Brasil.
- Vazzoler, E., 1982, *Manual de métodos para estudos biológicos de populações de peixes. Reprodução e crescimento*, CNPq., Brasilia, Brasil.
- Wootton, F., 1991, "Ecology of teleost fishes", en *Fish and Fisheries*, Series, Chapman Hall, Londres.

# Hongos patógenos y micotoxinas en genotipos de maíz (*Zea mays L.*) comercializados en algunos estados del Centro de México

Silvia Denise Peña Betancourt <sup>1</sup>

**Resumen.** En México, el cultivo de maíz ocupa una superficie de 8 millones de ha y produce 22 millones de toneladas, que son insuficientes para la demanda interna debido a las pérdidas en campo por infestación de hongos patógenos y micotoxinas. El objetivo de este trabajo fue detectar hongos micotoxigénicos, la contaminación simultánea de micotoxinas y el contenido de proteína y lípidos, en un total de 26 genotipos de maíz. La detección de hongos se llevó a cabo bajo el procedimiento estandar microbiológico en placa, la técnica de Espectroscopia de Reflectancia Cercana al Infarrojo (NIRS) para nutrientes y la detección de micotoxinas mediante la técnica de inmunoensayo enzimático (ELISA), y la Cromatografía Líquida acoplada a masas (UHPLC/MS/MS). Los resultados mostraron variaciones en el contenido de nutrientes entre genotipos y lugar de procedencia, sin relación directa con la contaminación de micotoxinas. Se concluye que la calidad nutricional, sanitaria y toxicológica del maíz presenta una variación conforme al genotipo y que la contaminación por hongos fitopatógenos y micotoxinas es un problema emergente que puede ocasionar un problema de salud poblacional. Se recomienda utilizar híbridos de maíz mejorados, adaptados a las condiciones

<sup>1</sup> Departamento de Producción Agrícola y Animal, Laboratorio de Toxicología, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco, e mail: spena@correo.xoc.uam.mx

del sitio de producción y realizar un monitoreo periódico de micotoxinas en la semilla para siembra y en el grano almacenado.

**Palabras clave:** maíz, aflatoxinas, fumonisinas, cambio climático, contaminación.

**Abstract.** At the global level, it has been seen that climate change affects the production and quality of agricultural crops. In Mexico, corn is a high consumption cereal whose production reaches 22 million tons, in a cultivated area of 8 million hectares, despite this, corn is insufficient, due among other causes to the losses that occur in the field for fungal infestations. Twenty six samples of maize, of different genotype and place of origin, were collected to determine mycobiota, nutrient content and mycotoxin contamination. The results showed a high protein and lipid content for commercial hybrids, as well as the presence of phytopathogenic fungi. 23 mycotoxins were identified for the first time in corn seed for planting (725.7  $\mu\text{g kg}$ ). It is concluded that the nutritional and sanitary quality of maize genotypes has a genotype-medium interaction environment. It is recommended to use improved corn hybrids, adapted to environmental conditions and monitor its sanitary quality since contamination by fungi and mycotoxins constitute a risk to public health.

**Keywords:** corn, aflatoxins, fumonisins, contamination.

## INTRODUCCIÓN

El cambio climático disminuye la producción y calidad de los alimentos a nivel mundial. México ha previsto un calentamiento de 2°C, principalmente en la región Norte y Centro del país, donde se encuentran los principales estados productores de maíz que, aunado a la presencia de fenómenos naturales como huracanes e inundaciones (fenómeno del niño y la niña) y la escases de agua, afectarán la agricultura nacional (Conde *et*

*al.*, 2006). A pesar de estas nuevas circunstancias, la población mundial deberá disponer de 70% más de alimentos para los próximos 30 años o de lo contrario habrá inseguridad alimentaria, por lo que la agricultura moderna deberá responder a la necesidad actual de producir un mayor volumen de cereales (FAO, 2009).

En México, el cultivo de maíz (*Zea mays L.*) ocupa una superficie de 8 millones de ha, con una producción aproximada de 22 millones de toneladas, con un déficit de 11 millones de toneladas al año (Corral *et al.*, 2015), por pérdidas del cultivo en campo, ocasionadas por infestación de plagas, principalmente de hongos fitopatógenos, cuya presencia se favorece por insectos e intensas lluvias o sequía.

*Fusarium sp.* es un hongo endófito del maíz, de gran virulencia, que ocasiona pudrición de la mazorca, decoloración en el grano y reduce la cosecha (Busch *et al.*, 2004; USDA, 2013). Se han estimado pérdidas anuales de 20% por Fusariosis o podredumbre de la mazorca (Peiretti *et al.*, 2007).

*Fusarium verticillioides* (Sacc) y *Fusarium proliferatum* producen fusariotoxinas, que son micotoxinas de bajo peso molecular y altamente estables a los procesos industriales; entre ellas destacan las fumonisinas, que son químicamente aminopolioles y cuya estructura principal consiste en una cadena lineal de 20 átomos de carbono, la cual tiene un grupo amino en el carbono 2, junto con grupos metilo, hidroxilo y ácido tricarbóxico en diferentes posiciones a lo largo del esqueleto carbonado. En este grupo se encuentran también la zearalenona, T-2, DON, culmorina, enatianina, Diacestoxiscirpenol (DAS), ácido fusárico (AF), T-2, HT-2 (Abbas *et al.*, 2006).

El género *Aspergillus sp.* es un hongo cosmopolita que permanece en el suelo agrícola que puede ser desplazado por otros hongos de mayor resistencia, sin embargo, *Aspergillus flavus* puede crecer bajo condiciones cálidas de temperatura, estrés hídrico y alta densidad de insectos, de acuerdo con Clements *et al.*, 2004.

La contaminación por micotoxinas se asocia a un mal manejo de la planta durante su desarrollo en campo, como puede ser la fecha de siembra, la falta de agua (sequía) y la presencia de insectos tales como *Diatraea grandiosella* Dyar, *Spodoptera frugiperda*, *Helicoverpa zea* Boddie, que actúan como vehículos de las esporas de hongos patógenos presentes en el suelo agrícola, además por la falta de higiene en el almacenamiento (control de roedores), una temperatura de 35 °C y un defectuoso secado del grano previo a su almacenamiento, un alto contenido de humedad en el almacén (mayor a 14%) y un almacenamiento prolongado (mayor a tres meses) (Kumar *et al.*, 2008).

México ha realizado diversos estudios sobre mejoramiento genético, principalmente de los híbridos de maíz nativo, logrando el desarrollo de nuevos genotipos producto del entrecruzamiento de una, dos y hasta tres líneas genéticas puras: los cuales han sido adoptados por diversos productores de maíz en todo el territorio nacional. El Centro Internacional de maíz y trigo (CIMMYT) ha desarrollado híbridos de maíz con un mayor contenido de proteína llamados *QPM*, por sus siglas en inglés (Quality Protein Maize), que poseen un alto contenido en lisina y metionina (CIMMYT, 1998). La Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), junto con el Instituto de investigaciones agrícolas, pecuarias y forestales (INIFAP) y el Cinvestav, también han desarrollado nuevos híbridos de maíz resistentes a plagas y con mayor rendimiento por ha; todos ellos adaptados a las condiciones del trópico y subtropical del país (Vivek *et al.*, 2008).

En los Estados Unidos, entre otros países, han adoptado los avances de la ingeniería genética que introduce en el germoplasma del maíz genes de bacterias, como *Bacillus thuringiensis Berliner* (BT), que expresan la proteína Cry1Ab, entre otras, para lograr una mayor resistencia a insectos (Espinosa *et al.*, 2003). En nuestro país esta tecnología se ha limitado a ciertas zonas agrícolas del Norte y después de varios años de intensos debates (Paul *et al.*, 2010; Peña, 2015; Espinosa *et al.*, 2014).

Las micotoxinas poseen potentes efectos tóxicos para el hombre, ya que provocan hepatotoxicidad y genotoxicidad. En los animales mamíferos se ha observado un efecto sobre el sistema inmunológico. También la contaminación por micotoxinas repercute en la calidad nutricional y valor comercial del alimento (Duarte y Villamil, 2006). Los efectos tóxicos de las fumonisinas en la salud humana han sido detectados desde el siglo pasado, surgiendo desde entonces una intensa investigación a nivel mundial. Actualmente, se conoce su mecanismo de acción tóxica y los órganos que afecta, siendo principalmente el hígado, los pulmones y el sistema inmunológico (Li *et al.*, 2001). Estudios epidemiológicos llevados a cabo en Sudáfrica y Asia han mostrado la relación entre el alto consumo de maíz y arroz contaminado con fumonisinas y el alto índice de defectos en el tubo neural. En la población México-Americana residente en los Estados Unidos, también se ha concluido que la exposición a las fumonisinas en mujeres gestantes es factor de riesgo para los defectos al nacimiento como lo descrito por Hendricks (2006).

La Agencia Internacional de Investigación en Cáncer (IARC) clasificó a las fumonisinas como clase 2B, es decir, sustancias presuntamente cancerígenas para el hombre (IARC, 1993); por lo que la regulación de las fumonisinas ha sido adoptada en diversos países, con exclusión de México. El Codex Alimentario (Códex Alimentarius Commission 2003), estableció como dosis de referencia 2  $\mu\text{g kg}$ , para la ingesta diaria (IDA) de fumonisinas.

Las aflatoxinas pertenecen a la familia de las difurano-cumarinas, A la serie 1 de las difuro-cumaro-ciclo-pentanonas pertenecen las AFB1, AFB2, AFB2A, AFM1, AFM2, AFM2A que son las de mayor toxicidad. En los animales mamíferos, las aflatoxinas inhiben el metabolismo de carbohidratos y lípidos y la síntesis de proteína, que al llegar al hígado sufren una biotransformación por el sistema microsomal P450 (CYP1A2, 3A4, 3A5 y 3A7), hasta una nueva molécula AFB1-N- epóxido, que es el compuesto genotóxico, es decir, el promotor de cáncer de acuerdo con Urrego y Díaz (2006).

En México se encuentra regulada la presencia de aflatoxinas en el maíz y derivados, como la tortilla y la leche, en un máximo de 20  $\mu\text{g kg}$  para el maíz sin procesar y 10  $\mu\text{g kg}$  en maíz procesado (Norma Oficial Mexicana NOM-187-SSA1/SCFI-2002). En la Unión Europea, el límite máximo de aflatoxinas totales es de 4  $\mu\text{g kg}$ , en Chile y Brasil es de 5  $\mu\text{g kg}$  (EFSA, 2007; Ministerio de Salud de Chile, 2007).

Existen varios métodos para extraer e identificar los hongos y micotoxinas, entre los cuales destacan los ensayos microbiológicos en placa, actualmente el KSA por sus siglas en inglés (Kernel screen assay), método que ayuda a seleccionar los genotipos resistentes al hongo *Aspergillus flavus* y la contaminación por aflatoxinas. Esta técnica *in vitro* fue desarrollada por Brown *et al.*, 2003.

La extracción de las micotoxinas se basa en solubilidad, las aflatoxinas son solubles en metanol, acetonitrilo y agua, como lo indica Saeger *et al.*, 2006.

Los métodos cromatográficos, como la técnica de cromatografía de capa fina de alta resolución o HPTLC, por sus siglas en inglés (*High Performance Thin Layer Chromatography*), es fácil, económica y amigable con el ambiente, debido a la menor utilización de disolventes orgánicos y menor tamaño de muestra, además de muy segura para el analista, comparada con la cromatografía líquida de alta resolución, acoplada a un detector de fluorescencia o HPLC/FLD, por sus siglas en inglés, la cual es muy sensible, sin embargo, requiere de personal entrenado y de disolventes de alta pureza o grado HPLC, generalmente se utiliza la columna C18 en fase reversa, por lo que el costo del análisis se incrementa, actualmente la ultra cromatografía líquida acoplada a un detector de masas (UHPLC/MS/MS) es la mejor técnica para la investigación de las micotoxinas enmascaradas o micotoxinas conjugadas, las cuales no son posibles de ser identificadas mediante la HPLC-UV ó HPLC-FLD. Entre los métodos basados en las reacciones inmunoquímicas, la técnica de tiras de flujo lateral (IFL) y los ensayos de inmunoabsorción enzimática (ELISA) son tecnologías muy sensibles y reproducibles que se utilizan

para realizar monitoreos rápidos de micotoxinas que pueden presentar resultados falsos positivos y requerir de una confirmación (Bird, 2002; Peña, 2006).

El objetivo del presente estudio fue determinar la calidad nutricional y sanitaria de 26 genotipos híbridos de maíz (dos de ellos como semilla), procedente de tres zonas de cultivo en México de la región Central del territorio nacional.

## **MATERIALES Y MÉTODOS**

### **Colecta de muestras**

Diez mazorcas de maíz fueron donadas por pequeños productores del estado de Hidalgo (Tlaxcoapan). 1 kg de grano por pequeños productores de la zona metropolitana de la Ciudad de México (Chalco, Ixtlahuaca y Xalpa; y 1 kg de la semilla protegida por el Instituto de Investigaciones Agrícolas y Forestales (INIFAP) del estado de Morelos. Todas las muestras se trasladaron al laboratorio de Toxicología del Departamento de Producción Agrícola y Animal de la UAM-Xochimilco para su análisis. El grupo A, compuesto por las muestras de semilla protegida del estado de Morelos; el grupo B, por muestras de maíz nativo de la CDM, y el grupo C, por muestras de maíz híbrido comercial del estado de Hidalgo.

### **Detección de la flora fúngica**

Tres muestras de maíz blanco trilineal, de madurez precoz e intermedia del grupo C, fueron seleccionadas para determinar la presencia de la flora fúngica, para lo cual se seleccionaron al azar 100 granos de cada muestra, que se desinfectaron con hipoclorito de sodio (NaCl 2%) y se colocaron en cajas de petri con tres medios de cultivo: malta agar (MA),

malta-sal-agar (MSA) y agar papa dextrosa (PDA); las placas se incubaron durante siete días a 25° C. La identificación de las colonias se realizó mediante la tinción de azul de lactofenol y al microscopio de luz, mediante la observación de las estructuras microscópicas de cada colonia, las que se contabilizaron y el resultado se expresó como UFC/g.

### **Análisis de proteína**

Se realizó un análisis de proteína, lípidos y fibra mediante la técnica de Espectroscopia de Reflectancia Cercana al Infrarrojo (*NIRS*), en una longitud de onda de 1200 a 2350 nm.

### **Determinación de Aflatoxinas totales**

Las aflatoxinas totales en los granos de maíz se determinaron mediante la técnica de inmunoensayo enzimático (*ELISA*) *Ridascreen fast aflatoxin* comercial, y dos muestras de maíz blanco para siembra (semilla), fueron analizadas por la técnica de *UHPLC/MS/MS*, de acuerdo con el protocolo del laboratorio de la Dra. Saeger, de la Universidad de Gante en Bélgica.

### **Aislamiento e identificación de Fumonisinas totales**

El análisis de las Fumonisinas (FB1, FB2, FB3 y FB4) se realizó mediante un kit comercial de *QuickTox TM* y su cuantificación con *QuickScan (Envirologix)*, de acuerdo con Wong y Harley, (2009). Se pesaron 5 g de cada muestra y se procedió a una extracción con 50 mL de una solución amortiguadora o PBS; la suspensión se mezcla en un vórtex por dos minutos y el sobrenadante se coloca en la tira inmunológica, la presencia de fumonisinas se indica al observar dos líneas en la tira, una de ellas corresponde a la presencia de fumonisinas.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados del aislamiento e identificación de hongos se presentan en el cuadro 1, en donde se puede observar que la microbiota se compone principalmente de hongos con capacidad micotoxigénica, como son los géneros *Penicillium sp.*, *Fusarium sp.*, *Alternaria sp.* y *Aspergillus sp.* La cuenta total de hongos fue de  $1.2 \times 10^3$ , y  $2.5 \times 10^3$  UFC/g, sin que se encontraran diferencias significativas entre los medios de crecimiento utilizados.

El contenido de proteína y lípidos se presentan en el cuadro 2, donde se observan los resultados para los grupos de maíz evaluados. Para el grupo C, se observó el mayor contenido de nutrientes en comparación con los genotipos del grupo A y B, lo cual se explica por ser producto de entrecruzamiento de las mejores líneas genéticas. Por otro lado, las variaciones detectadas en el contenido de proteína y lípidos entre los híbridos analizados en este estudio concuerdan con lo encontrado por Gallardo *et al.* (2006) y García y Martínez (2010), en maíces recién cosechados y desgranados en otros estados del centro del país.

La presencia de micotoxinas detectadas en los grupos de genotipos evaluados se pueden observar en el cuadro 3, donde se observa que 25% de las muestras de maíz (grupo A) presentaron aflatoxina B1 en un nivel de  $4.2 \mu\text{g kg}$ , y en 38% presentaron fumonisinas con un nivel de  $1.09 \mu\text{g kg}$ , y en el resto (60%) con niveles de  $0.23 \mu\text{g kg}$ . En las muestras de maíz (grupo B), 42% se encontraron contaminados con aflatoxinas en un nivel de  $3.2 \mu\text{g Kg}$  y 50% con fumonisinas a un nivel de  $0.20 \mu\text{g kg}$ , y para el grupo C, 25% de las muestras contaminadas con aflatoxina B1, en un nivel de cinco  $\mu\text{g kg}$ , zearalenona en un contenido de  $820 \mu\text{g kg}$  y T2 con  $460 \mu\text{g kg}$ .

En dos muestras del grupo B, que fueron detectadas con la técnica de UHPLC/MS, se detectaron aflatoxinas totales (AFB<sub>1</sub>, AFB<sub>2</sub>, AFG<sub>1</sub> y AFG<sub>2</sub>) en un nivel de  $30 \mu\text{g kg}$  y de ocho  $\mu\text{g kg}$  de aflatoxina B1; así como, 23 fusariotoxinas en un contenido promedio de  $725.7 \mu\text{g kg}$ , siendo el

ácido micofenólico el de mayor frecuencia (55%) y de mayor contenido (530.7  $\mu\text{g kg}$ ), 20.58% correspondieron a los trichotecenos A and B (Nivalenol, DON, NEO, Fusarenona X, DAS, HT-2, T2, Zearalenona, Zearalenol), 13.77% a las Fumonisinas (FB1, FB2, FB3 y FB4), y 24% restante a la Ochratoxina A con 8.90  $\mu\text{g kg}$ , Sterigmatocystina con un nivel de 5  $\mu\text{g kg}$ , Roquefortine C con 3  $\mu\text{g kg}$ , Enantina con 8.65  $\mu\text{g kg}$ , alternariol 17.4  $\mu\text{g kg}$ , methyl-alternariol 16.7  $\mu\text{g kg}$ .

La contaminación por micotoxinas encontrada en este estudio, es especial por aflatoxinas y es similar a la contaminación detectada en regiones de clima cálido seco y de economía emergente, como lo descrito por Njobeh *et al.* (2012), de tal manera que permite asegurar que el medio ambiente del maíz en campo y las prácticas agrícolas son factores condicionantes a la expresión de genes de híbridos con tolerancia a las enfermedades fúngicas, por lo que la presencia de *Aspergillus* está directamente relacionada con la contaminación por aflatoxinas, además de causar deterioro en el cultivo. También la resistencia de los granos de maíz (*Zea mays*) surge como una estrategia de prevención de la infección por *Aspergillus flavus* y/o la acumulación de las aflatoxinas. Se ha sugerido que la resistencia post-cosecha a la contaminación por aflatoxinas en algunos granos de maíz se relaciona directamente con la actividad metabólica de los embriones viables (Clements y White, 2005).

Los maíces híbridos comerciales del estado de Hidalgo se encontraron fuera de la regulación internacional para aflatoxina B<sub>1</sub> que es de cinco  $\mu\text{g kg}$ ., lo que indica que los híbridos utilizados en este lugar no son los ideales para expresar su resistencia a enfermedades y micotoxinas. Es conveniente recordar que un almacenamiento inapropiado puede contribuir a magnificar la contaminación procedente del campo, como lo observado por Trombete *et al.* (2013).

La presencia múltiple de micotoxinas en los híbridos de maíz del grupo C, observado en este estudio, coincide con la diversidad de hongos que fueron aislados e identificados en la microbiota, por lo que estos hongos pudieron sintetizar más de una micotoxina. Tal es el caso del

ácido micofenólico, que es sintetizado por el hongo *Penicillium sp.*, las aflatoxinas por *Aspergillus sp* y los tricotecenos por distintas especies de *Fusarium*, igualmente observado por Kumar *et al.* (2008), que demostraron una diversidad de hongos fitopatógenos de la microbiota en diversos alimentos comerciales. Se demostró la presencia de las micotoxinas conjugadas como DON-glucósido y Zea-glucósido, las cuales son micotoxinas recientemente descubiertas y de las que se está investigando su toxicidad, ya que hasta el momento sólo se ha reportado su capacidad para disminuir la respuesta inmunológica en los animales de laboratorio.

Con base en los resultados obtenidos, es indispensable mejorar las estrategias de control de hongos y micotoxinas en México para evitar la disminución de la productividad en el campo y asegurar la demanda del consumidor nacional, posiblemente utilizando métodos biotecnológicos para el control de hongos (Brown *et al.*, 2003); mediante buenas prácticas de cultivo (Ministerio de salud de Chile, 2007) o realizar estudios previos *in vitro* para detectar la susceptibilidad de los genotipos de maíz a la acumulación de aflatoxinas (Betran *et al.*, 2005). Así como establecer un control de micotoxinas, a través de muestreos periódicos y estableciendo su regulación con el objeto de garantizar la inocuidad de la semilla y del grano, de tal forma que pueda evitarse un posible daño irreversible, como es el desarrollo de cáncer, ya que se conoce que una dosis de 10 ng g de AFB<sub>1</sub> es suficiente para producir una mutación en el ADN de las células de especies mamíferas, por lo que se aconseja una reevaluación de la dosis máxima permitida para aflatoxinas en la legislación nacional. También es conveniente recordar que las cantidades permisibles de una micotoxina no garantiza la inocuidad del alimento, ya que como se observó en el estudio generalmente las micotoxinas se presentan en mezclas, es decir, en combinación simultánea, por lo que puede ocurrir un efecto aditivo o sinérgico, es decir, un efecto que potencialice la toxicidad individual.

Por ello, es necesario realizar estudios que puedan ayudar a comprender si las fumonisinas pueden favorecer la resistencia a la insulina

y la Diabetes tipo 2, ya que se conoce que las fumonisinas ocasionan un desequilibrio enzimático, a nivel de la ceramida, dentro de la síntesis de los esfingolípidos, de acuerdo con Babenko *et al.* (2015).

## CONCLUSIONES

En este estudio se demostró la presencia de *Aspergillus sp* y *Fusarium sp*, hongos patógenos en maíces comercializados en el tres zonas agrícolas de la región Central de México, los cuales podrán sintetizar micotoxinas bajo condiciones ambientales que les sean favorables. Se identificó la contaminación simultánea de Aflatoxinas y Fumonisinas en niveles dentro de la regulación nacional para aflatoxinas. Se identificó la presencia de 21 micotoxinas en la semilla de maíz protegida para siembra, por lo que la presencia de micotoxinas es subestimada regularmente en los análisis realizados con técnicas inmunológicas.

## BIBLIOGRAFÍA

- Abbas, K. *et al.*, 2006, "Aflatoxin and fumonisin contamination of maize (maize, *Zea mays*) hybrids in Arkansas", en *Crop Prot*, (25):1-9.
- Babenko, A. y S. Kharchenko, 2015, "Effects of inhibitors of key enzymes of sphingolipid metabolism on insulin-induced glucose uptake and glycogen synthesis in liver cells of old rats", en *Biochemistry Moscow* 80: 104. doi:10.1134/S0006297915010125
- Betrán, J. *et al.*, 2005, "Breeding corn to reduce aflatoxin contamination", en H. Abbas (Ed.), *Aflatoxin and food safety*, Boca Raton, Taylor & Francis, Florida, USA.
- Bird, B., 2002, "Determination of total fumonisins in corn by competitive direct enzyme-linked immunosorbent assay: Collaborative study", en *Journal of the AOAC International* (85): 404-410.

- Brown, L. *et al.*, 2003, "Using biotechnology to enhance host resistance to aflatoxin contamination of corn", en *African Journal of Biotechnology* 2: 557-562.
- Bush, J. *et al.*, 2004, "Infection and fumonisin production by *Fusarium verticillioides* in developing maize kernels", en *Phytopathology* (94): 99-93.
- Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), 1998, A complete listing of improved maize germplasm from CIMMYT. Maize Program Special Report. D. F., México.
- Codex Alimentarius Commission, 2003, Code of practice for the prevention and reduction of mycotoxin contamination in cereals, including annexes on ochratoxin A, zearalenone, fumonisins and tricothecenes (CAC/RCP 51-2003), en *Prevention and Reduction of Food and Feed Contamination*, FAO, WHO: Rome, Italy.
- Conde, C. *et al.*, 2006, "Climate change and climate variability impacts on rainfed agricultural activities and possible adaptation measures a Mexican case study", en *Atmosphere* 19(3): 181-194.
- Corral, A. *et al.*, 2015, "Cambio climático y sus implicaciones en cinco zonas productoras de maíz en México", en *Rev. Mex. Cien. Agrí* 2: 309-323.
- Clements, J. y D. White, 2005, "Identifying sources of resistance to aflatoxin and fumonisin contamination in corn grain: history and progress from the University of Illinois", en H. Abbas (Ed.), *Aflatoxin and food safety*, Taylor & Francis, Boca Raton, FL.
- Clements, J. *et al.*, 2004, "Sources of resistance to fumonisin accumulation in grain and fusarium ear and kernel rot corn", en *phytopathology* 94: 252-260.
- Diario Oficial de la Unión Europea (CE) 1126/2007, *Reglamento de la comisión que modifica el Reglamento (CE) 1881/2006 por el que se fija el contenido máximo de determinados contaminantes en los productos alimenticios por lo que se refiere a las toxinas de Fusarium en el maíz y los productos del maíz*. Bruselas, 2007, en: <http://www.aesan.msps>.

es/CNA/docs/docs/laboratorio\_nacional\_referencia/control\_micotoxinas /legislacion/reglamento\_1126\_2007.pdf, consultado 18/02/17.

- Duarte, S. y C. Villamil, 2006, "Micotoxinas en la salud pública", en *Rev. Salud Púb.* (1): 129-135.
- European Food Safety Authority /EFSA), 2007, "Opinion of the scientific panel on contaminants in the food", en *The EFSA Journal* 446: 1-27.
- Espinosa, A. *et al.*, 2003, "Producción y tecnología de semillas mejoradas de maíz por el INIFAP", en *Agron. Mesoam.* (14): 117-121.
- Espinosa, A. *et al.*, 2014, "Ley de semillas y ley federal de variedades vegetales y transgénicos de maíz en México", en *Rev. Mex. Cienc. Agríc* (5)2, feb-marzo.
- FAO (Food and Agriculture Organization), 2009, *Global agriculture towards 2050: A third more mouths to feed*, Roma.
- Gallardo, E. *et al.*, 2006, "Micobiota de maíz (*Zea mays* L.) recién cosechado y producción de fumonisina B1 por cepas de *Fusarium verticillioides* (Sacc.) Nirenb", en *Rev. Mex. Fitopat* (1): 27-34.
- García, G. y R. Martínez, 2010, "Especies de fusarios en granos de maíz recién cosechado y desgranado en campo en la ciudad de Puebla", en *Rev Mex de Biodiv.* 81(1): 15-20.
- Hans van, E. y D. Park, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands, ISBN: 978-90-8686-007-4.
- Hendricks, A., 2006, "Exposure to fumonisins and the occurrence of neural tube defects along the Texas-Mexico border", en *Environmental Health Perspectives* 114(2): 237-241.
- International Agency for Research on Cancer (IARC), 1993, "Toxins derived from *Fusarium moniliforme*: fumonisins B1 and B2 and Fusarin C.", en *IARC Monographs on the Evaluation of Carcinogenic Risk to Humans*, World Health Organization, Lyon 56: 445-466.
- Kumar, V. *et al.*, 2008, "Mycotoxin research and mycoflora in some commercially important agricultural commodities", en *Crop Protection* (6): 891-905.

- Li, Q. *et al.*, 2001, "Aflatoxins and fumonisins in corn from the high-incidence area for human hepatocellular carcinoma in Guangxi, China", en *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 49(8): 4122-4126.
- Ministerio de Salud de Chile, Departamento de Alimentos y Nutrición, Antecedentes generales sobre las aflatoxinas y otras micotoxinas y elementos a tener en cuenta para el diseño de prácticas correctas de cultivo y elaboración de nueces, 2007, 1: 36.
- Njobeh, B. *et al.*, 2012, "Estimation of multi-mycotoxin contamination in South African compounds feeds", en *Toxins* (4): 836-848.
- Norma Oficial Mexicana NOM-187-SSA1/SCFI-2002, Productos y servicios. Masa, tortillas, tostadas y harinas preparadas para su elaboración y establecimientos donde se procesan. Especificaciones sanitarias. Información comercial. Métodos de prueba.
- Paul, W. *et al.*, 2010, "Aflatoxin Accumulation in BT and Non-BT Maize Testcrosses", en *Journal of Crop Improvement* (24): 392-399.
- Peiretti, D. *et al.*, 2007, "Susceptibilidad a *Fusarium verticillioides* (SACC.) Nirenberg en la población de maíz MPB-FCA 856", en *Agronomía Mesoamericana* 18(2): 171-176.
- Peña, S., 2006, "Detection of fumonisins in maize (*Zea mays* L.) by three analytical techniques (HPLC, TLC and ELISA)", en H. Njapau y S. Trujillo (Eds.), en *Mycotoxins and Phycotoxins Advances in determination, toxicology and exposure management*. .
- Peña, S., 2015, "Transgene detection (35S y NOS), physical quality, tannins and mycotoxins in maize by human consumption in Mexico", en *Trends in the development and application of educational research in Mexico*, Editorial Center for studies and research for teacher development Cenid, Primera Edición, Guadalajara, México, ISBN: 978-607-8435-02-9.
- Polanski, S., 2015, "Quicktox TM kit for fumonisins", en *J. AOAC Intern.* (6): 1571-1584.
- Saeger, D., *et al.*, 2006, "Novel developments in rapid mycotoxin detection", en *Mycotoxin Res.* (22): 100-4.

- Trombete, M. *et al.*, 2013, "Aflatoxinas y tricotecenos en trigo y derivados: incidencia de la contaminación y métodos de determinación", en *Rev Ch Nutr.* 40(2): 181-188.
- Urrego, J. y G. Díaz, 2006, "Aflatoxinas: Mecanismos de toxicidad en la etiología de cáncer hepático celular", en *rev.fac.med.* 54(2).
- USDA, 2013, Agricultural Statistics Annual, table 1-41 International Corn: Area, yield, and production in specified countries, en [http://www.nass.usda.gov/Publications/Ag\\_Statistics/2012/chapter01.pdf](http://www.nass.usda.gov/Publications/Ag_Statistics/2012/chapter01.pdf), consultado 25/04/2017.
- Vivek, B. *et al.*, 2008, *Mejoramiento de maíz con calidad de proteína QPM: Protocolos para generar variedades QPM*, Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo CIMMYT, México.
- Wong, R. y Y. Harley, 2009, *Lateral Flow immune essay*, Springer, Humana Press, Nueva York, USA.

# Fundamentos y Prospecciones del Paradigma de las Ciencias Ómicas en la Salud Humana (Segunda Parte)

Guadalupe Prado Flores<sup>1</sup> y Arturo César García Casillas<sup>2</sup>

**Resumen.** *La complejidad del flujo vital integra cualidades dinámicas, adaptativas, eficientes, jerárquicas y evolutivas, las cuales se pueden considerar con alto nivel de organización en las esferas cuántica, física y química. No sólo eso, hay una manifiesta emergencia hacia los niveles de la autonomía y la cognición que los organismos vivos expresan en su autopoiesis. En esa red de estructuras y funciones, el ADN constituye la plataforma fundamental de la información. En el campo actual de las ciencias biológicas progresa una corriente de las ciencias del genoma con la vinculación y aplicación de la bioinformática de vanguardia. Este sistema se integra con atributos multidisciplinario instrumental y fenomenológico. Con este conjunto se viene edificando un constructo teórico-metodológico-bioinformático relevante en el presente y con gran significado en la prospección del conocimiento de la vida planetaria. La biología de sistemas integra el conocimiento especializado de la genómica, epigenómica, transcriptómica, proteómica, metabolómica e interactómica como plataforma a otras disciplinas ómicas. Este*

<sup>1</sup> Profesor-Investigador, Departamento de Producción Agrícola y Animal, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco, e-mail: gprado@correo.xoc.uam.mx

<sup>2</sup> Investigador Posdoctoral, Maestría Interinstitucional en Producción Pecuaria, Universidad de Colima, e-mail: cesargarciasillas@hotmail.com

*nuevo paradigma encauzado hacia la síntesis, está orientado fundamentalmente en la comprensión del dúo salud-patología, componente inexorable del binomio vida-muerte en el planeta.*

**Palabras Clave:** *epigenómica, transcriptómica, proteómica, interactómica.*

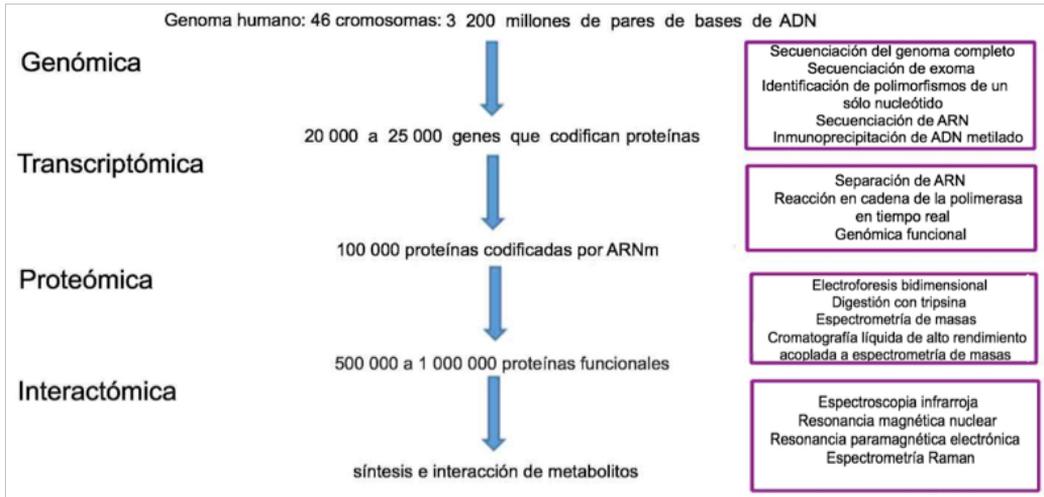
**Abstract.** *The complexity of the vital flow integrates dynamic, adaptive, efficient, hierarchical and evolutionary qualities that can be considered with high level of organization in the quantic, physical and chemical structures. Not only that; there is a manifest emergency towards the levels of autonomy and cognition, which living organisms express in their autopoiesis. The specie Homo sapiens has specific attributes; which them, the specie has the privilege of studying himself and the world. In the current field of biological sciences there is an integrative current of the genome sciences with the hand of the applicability from the bioinformatics vanguard. Contextually, it shows an instrumental and phenomenological multidisciplinary development. With this set, a cognitive-technological network has been built as a relevant theoretical-methodological-bioinformatics construct in the present and with a great significance in the prospection of the knowledge on the planet life. These biological systems integrate the specialized knowledge of genomics, epigenomics, transcriptomics, proteomics, metabolomics and interactomics as a platform for other omic disciplines. This new paradigm is directed towards synthesis, it is also oriented fundamentally in the understanding of the health-pathology, an inexorable component of life-death on the Earth.*

**Keywords:** *genomics, epigenomics, transcriptomics, proteomics, interactomics.*

## INTRODUCCIÓN

A partir de los datos obtenidos del Proyecto del Genoma Humano (PGH), se han desarrollado herramientas de alta resolución como la secuenciación masiva (*International Human Genome Sequencing Consortium*, 2004). El estudio de 1,000 genomas en el año 2010 se pudo lograr gracias a tecnologías de alto rendimiento, como los secuenciadores de ADN que podían leer 250 mil millones de nucleótidos en una semana. Actualmente se puede lograr esta hazaña científica en un día (Heard, 2016). Después del estudio con el ADN, se han atendido procesos de involucramiento de diversos tipos de ARN; adicionalmente se ha hecho con proteínas y procesos como la metilación del ADN. Entre las técnicas y métodos científicos de nueva generación (Figura, 1) se pueden citar: i) detección de variantes; ii) secuenciación de genoma completo; iii) secuenciación del exoma; iv) identificación de polimorfismos de un solo nucleótido, SNPs; v) identificación de inserciones y deleciones; vi) identificación de inversiones; vii) identificación de variantes en el número de copias, CNVs, pérdida o ganancia de material genético; viii) secuenciación de ARN (ARN-seq); ix) inmunoprecipitación de cromatina; x) inmunoprecipitación de ADN metilado (MeDIP-seq), y xi) secuenciación de ADN tratado con bisulfito de sodio (WGBS) (Macaulay y Voet, 2014; Sims *et al.*, 2014).

**Figura 1. Métodos científicos y técnicas relacionados con cuatro ciencias ómicas**



Fuente: Modificado a partir de Plaza *et al.*, 2017.

Todos estos estudios con dichas herramientas han dado lugar al nacimiento de las “ciencias ómicas” (Ruiz *et al.*, 2014). Con esta denominación se evalúa al genoma, proteoma, epigenoma, transcriptoma, metaboloma e interactoma de manera integral (Plaza *et al.*, 2017). Su análisis se refiere a la caracterización y cuantificación de la totalidad de las moléculas biológicas que forman ciertas estructuras, que tienen determinadas funciones, las cuales están en integración constante en un organismo. Este paradigma puede considerarse como una visión compleja en la biología de sistemas.

## Genómica

El término genoma alude a la constitución de todos los nucleótidos que conforman genes codificantes y no codificantes de proteínas, secuencias repetidas, regiones intergénicas que componen el ADN de los cromosomas nucleares y el único cromosoma mitocondrial (Paterson y Kolata, 2017). Contiene las claves de la herencia y su transmisión, incluidas aquellas características que confieren resistencia o susceptibilidad a cierto proceso patológico (Seehausen *et al.*, 2014).

La genómica se orienta a la evaluación de manera integral del ADN en un solo experimento, ya que estudia el genoma de un organismo o microorganismo apoyándose en herramientas de alto rendimiento y de última generación (Plaza *et al.*, 2017). Su estudio se ubica en las variantes genéticas, como los polimorfismos de un solo nucleótido, variantes en el número de copias, deleciones y ganancia de fragmentos cromosómicos (Seehausen *et al.*, 2014).

Sus herramientas fundamentales parten de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en tiempo real, los microarreglos y la secuenciación masiva (Paterson y Kolata, 2017). Estas metodologías han evolucionado hasta la tercera generación, basadas en los conocimientos científicos más desarrollados, y bajo los parámetros de horizontalidad y profundidad; poseen recursos de la máxima precisión posible, así como de la vanguardia de las ciencias de la información (Macaulay y Voet, 2014). De manera sucinta se pueden citar: *Roche 454*; *Illumina*; *Applied Biosystems SOLID*; *Life Technologies Ion Torrent/Ion Proton*, y *Complete Genomics* (van Dijk *et al.*, 2014).

Entre las empresas-laboratorios que realizan secuenciación de tercera generación se pueden citar: i) *Pacific Biosciences* (2017), con tecnología SMRT para secuenciación de moléculas individuales en tiempo real. Combinan tecnología de semiconductores, fotónica y biotecnología con fluoróforos; ii) *GenapSys* (2017), se basan en la termosecuenciación; iii) *Genia's* (2017), con el empleo de nanoporos embebidos en una bicapa lipídica y electrodos que detectan cambios en la corriente eléctrica; iv)

*Microarray Lab* (2017) que poseen colecciones ordenadas de sondas inmovilizadas en una superficie sólida. Cada grupo de sondas hibrida con el problema a analizar; v) Affimetrix (2017) con el sistema *GeneChip* que utiliza un proceso de fotolitografía; vi) illumina (2017), quienes hacen microarreglos para genotipificación. Pueden analizar 12 muestras con una densidad de 90,001 a 250,000 esferas; vii) Agilent (2017) con microarreglos que involucran la síntesis *in situ* de oligonucleótidos de 60 bases mediante arreglos de hibridación comparativa del genoma.

## Epigenómica

La epigenómica se encarga del conjunto de mecanismos que no afectan la estructura de los genes, pero que sí modifican su expresión (Hughes y Lambert, 2017). El conjunto de los factores epigenéticos que inciden en el estado de una célula se denomina epigenoma (Carrer y Wellen, 2015). Factores físicos como la temperatura, la duración de horas luz-oscuridad; químicos como la incorporación de fármacos; nutricionales como la dieta; perturbadores como el estrés y muchos otros, generan mecanismos epigenómicos como los siguientes: i) metilación de la citosina del ADN; ii) modificación de histonas; iii) posicionamiento de nucleosomas en el ADN; iv) cambios post-traslacionales mediados por micro ARN (miARN), y v) la noción de la impronta genética (Zoghbi y Beaudet, 2016). Todos estos mecanismos guardan relación con cambios en la estructura de la cromatina.

Mediante el estudio del epigenoma completo se analizan los mecanismos de una o varias células, tejido, órgano u organismo en una condición, estímulo, nutriente o patología en particular (Zoghbi y Beaudet, 2016). Desde 1935 se empezaron a analizar comportamientos celulares anómalos y sucesivamente se fue conformando una hipótesis epigenómica integrada de conceptos y respuestas con las siguientes connotaciones: i) la expresión del ADN se modifica por factores internos y externos; ii) estos fenómenos se presentan en diferentes estadios del desarrollo; iii)

en órganos en desarrollo permanecen células embrionarias con características desdiferenciadas; iv) la actividad normal celular se desprograma y genera patrones neoplásicos del metabolismo; v) la expresión epigenética da una programación anormal de los genes durante la diferenciación; y vi) adicional a los cambios fenotípicos, hay cambios genotípicos (Carrer y Wellen, 2015; Kinnaird *et al.*, 2016; Korbel y Roberts, 2017).

Los mecanismos epigenómicos se estudian a partir de la purificación del ADN, lo cual se hace por electroforesis capilar y/o HPLC. El contenido de metilaciones de citosinas en las islas CpG del ADN se estiman mediante inmunoprecipitación de un solo gen (*Single-gene-chromatin immunoprecipitation*) con antígenos específicos para factores de transcripción o proteínas. También se emplean las técnicas de RLGs (*Restriction Landmark Genome Scanning*), tratamientos con bisulfito de sodio para determinar las transformaciones de las citosinas a uracilo. Se analizan los patrones de metilación por secuenciación del genoma y las amplificaciones se hacen por PCR. Las modificaciones en las histonas se analizan por mapeo (*DNA Methylomes and Histones Modification Maps*) y Espectrometría de Masas (MS). Las modificaciones en zonas no codificantes de ARN se estudian mediante la extracción de ARN, seguida de microarreglos. Los polimorfismos de un solo nucleótido se identifican por secuenciación polimórfica conformacional de cadena única o Cromatografía Líquida Desnaturalizante de Alto Rendimiento (DHPLQ). La Amplificación de Sitios Intermetilados se estima por AIMS y por la Hibridación Diferencial de Metilación (DMH). La actividad catalítica de las metiltransferasas y desmetiltransferasas se realiza por cinética enzimática (Esteller, 2007).

Se han encontrado abundantes respuestas epigenómicas en enfermedades multifactoriales; un ejemplo relevante lo constituye el cáncer mamario, en el cual hay numerosas distorsiones epigenéticas. Cuando se pone la atención solamente en la estructura y función del receptor estrogénico a ( $ER\alpha$ ), así como su expresión, se aprecia que esta molécula manifiesta respuestas que se valoran como mecanismos epigenómicos. El

ER $\alpha$  participa en la elongación transcripcional como factor de transcripción (FT). Su acción la realiza al interactuar con el complejo del Factor-B mediante la fosforilación de la Ser 2 en el dominio del carboxilo terminal de la ARN pol II (Bedi *et al.*, 2015). Diversos autores han dado evidencia de la red de respuestas que este receptor genera en el ámbito epigenómico. Las más conspicuas son las siguientes: metilaciones específicas en el ADN, modificaciones en genes, modificación en patrones de acetilación y metilación de histonas, desprogramación de la cromatina, cambios en fragmentos no codificantes del ARN y presencia de SNP (Byler *et al.*, 2014). El gen de ER $\alpha$  tiene como genes diana a GREB 1 y pS2 (Feng *et al.*, 2014). Se asocia con el reclutamiento de varias enzimas modificadoras de histonas y remodelación de la cromatina. Las interacciones entre una chaperona de histonas, la SUPT6H, y la histona ubiquitinizada, H2Bub1, están asociadas a la desdiferenciación y malignidad del tumor (Bedi *et al.*, 2015). En el cáncer mamario se localizan rasgos específicos en la metilación del ADN: hipermetilación en supresores de tumores, dominios parcialmente metilados en oncogenes y/o epitelio luminal muy metilado (Holm *et al.*, 2016). También se han evidenciado factores de transcripción ausentes o modificados (Bedi *et al.*, 2015); sobreexpresión de receptores estrógenicos y, en otros casos, ausencia de ER $\alpha$ , RP y HER2 (Bodenstine *et al.*, 2016); mutaciones múltiples, SNPs, entre ellos la Thr 394 en células de sangre periférica (Li *et al.*, 2012), o los polimorfismos asociados a la densidad mamaria (Yong *et al.*, 2010).

Las alteraciones epigenéticas contribuyen a la tumorigénesis. Vogelstein *et al.* (2013) han encontrado 140 genes asociados en esta megadisfunción. Sus datos apuntan en mutaciones en regiones no codificantes de naturaleza *cis* que tienen relación *trans*, es decir, secuencias de nucleótidos que repercuten en proteínas; transformaciones en histonas con lisinas específicas metiladas y mutaciones que rompen el equilibrio entre metiltransferasas y desmetiltransferasas (Zoghbi y Beaudet, 2016).

El estudio de los mecanismos epigenómicos ha llevado tanto a los ensayos multigenes como a terapias de resultados muy satisfactorios

(Gyorffy *et al.*, 2015; Naoi y Noguchi, 2016). Hoy en día las denominadas “plataformas genómicas” abordan promisoriamente el problema: i) *OncoType* estudia 21 genes con *Quantitative real-time RT-PCR*. Validan sus parámetros de recurrencia con modelos de regresión (Flanagan *et al.*, 2008); ii) *ProsignaPAM30* utiliza *Quantitative real-time RT-PCR* y microarreglos en 50 transcritos con *NanoString's Technologies*, que es una plataforma transcripcional (Wallden *et al.*, 2015), y iii) *MammaPrint* analiza 70 genes mediante exploraciones transcriptómicas y propone una estratificación de tratamientos (Cusumano *et al.*, 2014). Este campo de estudio es un ejemplo de acciones epigenómicas cuyos nodos inciden en la genómica y generan una red interactiva de respuestas sobre el transcriptoma, manifiesto en el proteoma y, a su vez, en el metaboloma (Gyorffy *et al.*, 2015).

## Transcriptómica

A partir de la estructura primaria del ADN se genera el ARN, proceso que tiene el mismo lenguaje químico, a excepción de la timina del ADN, que cambia por uracilo en el ARN. Es un proceso central que permite comprender la manera en que se relaciona el genotipo con el fenotipo, ya que esta transferencia de la información ofrece gran plasticidad (Bartlett y Stirling, 2003). Refleja el hecho de que todas las células contienen el mismo ADN, pero que se diferencian y dan lugar a órganos con tejidos y funciones diferentes, específicos e integrados (Zhegunov, 2012).

Edmonds *et al.* (1971) describieron la presencia de secuencias de homopolímeros de adenina (poli-A), unidos de forma covalente en el extremo 3'; ahora se sabe que son agregados al final de la transcripción, y que controlan la estabilidad de los propios transcritos, además participan en la exportación del ARNm del núcleo al citoplasma y tienen influencia en la traducción en el ribosoma. Por el año 1977, Rungger y Crippa descubrieron que los transcritos primarios de eucariontes debían pasar por un proceso de maduración que implica la remoción de intrones

y conservación de exones mediante el mecanismo de corte y empalme (Rungger y Crippa, 1977).

La transcripción del ADN a ARN se descifra en dirección 5' a 3', y puede leerse en agrupaciones de tres bases llamadas codones, que determinan la secuencia de los aminoácidos (aa) de la proteína en la dirección amino terminal a carboxilo terminal (Wray *et al.*, 2003). Al comprender que el ADN, por medio de sus transcritos de ARN, codifica para proteínas, se acepta que todas las células de un organismo tienen el mismo genoma, pero no tienen el mismo proteoma. Por tanto, el proceso de transcripción, modulado por factores internos y externos, le confiere plasticidad y constituye el vínculo entre el genotipo y el fenotipo (Rio, 2015). Al conjunto de los ARNm expresados se le conoce como transcriptoma, y de manera indirecta refleja al proteoma, lo cual no es estricto, ya que es importante reconocer que hay zonas de regulación previas a la traducción (Gupta y Warner, 2014). Adicionalmente, pueden darse mutaciones, SNP o cambios en su nivel de expresión (Sandelin *et al.*, 2007).

La transcriptómica tiene una relevancia específica, pues la generación de los ARNm que codifican para proteínas, así como los ARNnc que regulan respuestas tan variadas como numerosas, tienen un lugar irremplazable en el funcionamiento básico de los organismos (Hughes y Lambert, 2017). Las mutaciones o los SNP pueden modificar estos mecanismos esenciales con detrimento de la normalidad y están implicados en procesos degenerativos y patologías multifactoriales (Bass, 2015).

En la actualidad existen diversas herramientas moleculares para evaluar el transcriptoma. Las más importantes pueden considerarse a las siguientes metodologías: i) *Northern Blot*, evalúa los cambios en la expresión mediante la transferencia del ARN resuelto en geles de agarosa por electroforesis, en un medio desnaturante a un soporte sólido, seguido de una hibridación con sondas de ADN marcadas con  $^{32}\text{P}$ , lavados y revelados por autorradiografía (Pall y Hamilton, 2008); ii) *Quantitative real-time RT-PCR*. Mediante transcriptasa reversa y oligonucleótidos (oligo dT) o cebadores específicos es posible sintetizar las cadenas

complementarias de ADNc, y después amplificar los genes de interés por PCR. El rendimiento debe ser evaluado en la fase exponencial de la reacción de la polimerasa (Bustin *et al.*, 2005); iii) *Fluidigm*. Consiste en generar matrices de reacción en escala de nanovolúmenes, y el flujo de los fluidos se controla con válvulas microscópicas. Pueden utilizar chips y pozos para 48 conjuntos de ensayos que produce matrices de 2,304 reacciones o 96 pozos que generan 9,216 reacciones (Jang *et al.*, 2011). De reciente manufactura existe el equipo C1™ *Single-Cell Auto Prep System* que puede tener aplicaciones en la expresión génica de hasta 96 genes, o 96 miARN o secuenciación de ARNm o ADN mediante NGS (Fluidigm, 2017); iv) *Functional genomics*. Es el estudio de la función de los genes a través de mediciones paralelas de expresión de sus genomas. Sus técnicas son el análisis serial de la expresión génica (SAGE), la secuenciación del ARN y los microarreglos; se basa en que 2.5% del genoma tiene secuencias conservadas que no codifican proteínas, pero codifican elementos funcionales, algunos son transcritos y otros tienen función reguladora (Morgan *et al.*, 2013). Con base en estos datos se generó el proyecto ENCODE (*ENCyclopedia Of DNA Elements*) con el fin de anotar el genoma humano con la función de los elementos que lo componen. Por este medio se conoce que 99% del genoma se encuentra dentro de 1.7 kbps de alguno de los episodios bioquímicos medidos por ENCODE (Consortium, 2004); v) *RNA-seq* incluye la secuenciación del ARN, *CAGE* (*cap analysis gene expression*) que identifica y cuantifica los extremos 5' de los ARN con capuchón, y *ARN-PET* (*RNA Paired-End tags*) que captura fragmentos producidos por una endonucleasa, la cual genera cortes frecuentes (Wang *et al.*, 2009), y vi) *Expression microarrays*. Detecta regiones de transcripción mediante microarreglos con diseño de mosaico. Con esa estrategia han localizado gran cantidad de transcritos de función desconocida (Consortium, 2015). Un modelo más reciente, el *GeneChip™ Human Transcriptome Array 2.0*, estudia la expresión diferencial de isoformas generadas por *splicing* alternativo (Thermo Fisher Scientific, 2017). Estos fenómenos están relacionados con los ARNm y ARNc inducidos

por algún estímulo o procesos patológicos, y las herramientas metodológicas descritas pueden conducir a la identificación de marcadores y potenciales blancos terapéuticos.

## Proteómica

A la proteómica, junto con la transcriptómica, se les llama el genoma dinámico, ya que cada una, con sus plataformas tecnológicas, evalúa la manera como el genoma responde a un estímulo o patología en particular, o cuáles son sus expresiones basales en una condición dada (Wang *et al.*, 2009; Marx, 2014). Se habla de la proteómica cuando se analizan las proteínas traducidas en un solo genoma (Catherman *et al.*, 2014).

La proteómica ofrece altas expectativas en el entendimiento de las bases moleculares de las patologías al proponer nuevos marcadores para el pronóstico, diagnóstico o respuesta a tratamientos, así como nuevos blancos terapéuticos que pueden usarse en el diseño de fármacos (Gregorich y Ge, 2014). En concreto, la proteómica clásica se orienta en la búsqueda de marcadores; a su vez la proteómica estructural se refiere al diseño de fármacos (Catherman *et al.*, 2014).

En la búsqueda de marcadores se siguen protocolos del procesamiento de la muestra para separar proteínas específicas mediante la secuencia en las etapas de separación, identificación y validación (Gregorich y Ge, 2014). La extracción es el paso inicial de la separación, y depende del tipo de tejido al que se trata con un amortiguador idóneo. La lisis celular expone todos los componentes celulares y deben retirarse sin afectar la solubilidad de la proteína de estudio. Es muy frecuente utilizar detergentes, agentes caotrópicos, reductores o alquilantes que ayudan en la solubilización de las proteínas de interés, y la elección ha de realizarse bajo un cuidadoso marco de conocimiento de las interacciones que no perturben el objetivo del proceso (Stone *et al.*, 2017).

Se deben tomar en cuenta las condiciones de temperatura, pH, salinidad, iones metálicos y cofactores en cada etapa de separación, la cual se hace generalmente mediante centrifugación diferencial. Después de la separación se procede a la purificación que generalmente se realiza en gradientes de sacarosa o de cloruro de cesio (Orchard *et al.*, 2003). La cuantificación de la proteína total es un paso de análisis espectrofotométrico. Las técnicas clásicas de separación de proteínas son la electroforesis unidimensional o bidimensional, la cromatografía líquida de alta resolución (HPLC), y entre las técnicas de mayor capacidad de resolución e identificación está la espectrometría de masas, el mapeo de su estructura primaria y la difracción por rayos X (Catherman *et al.*, 2014).

En la validación de biomarcadores se aplica un *Western Blot* que transfiere las proteínas separadas de un medio gelificado a una membrana de nitrocelulosa (Orchard *et al.*, 2003). Una proteína específica puede ser identificada en un *Western Blot* por inmunodetección. Para esto, se emplea un anticuerpo que localiza la proteína de interés y un segundo anticuerpo contra la especie en la que se produjo el primario a fin de localizar los complejos anticuerpo-antígeno. Ese anticuerpo secundario se puede marcar sobre una película radiográfica o una mancha de algún color en una membrana (Hirano, 2012).

La inmunohistoquímica es otra técnica con la cual se valida un biomarcador. Consiste en la relación estricta y específica de un anticuerpo específico con un antígeno específico. La reacción sólo es visible si el anticuerpo está acoplado a una sustancia que sea capaz de absorber o emitir luz o producir algún color (Marx, 2014). La técnica recurrente en estos campos de la validación es la inmunofluorescencia que puede cuantificarse (Laurinavicius *et al.*, 2016).

Es muy importante que el diseño de análisis de la proteína responda al objetivo inicial, además que la pulcritud de esta manualidad sea con controles positivos y/o negativos, y que en todo el proceso de separación, identificación y validación del biomarcador proteico se cubran las características analíticas de sensibilidad, especificidad, exac-

titud y precisión (Orchard *et al.*, 2003). De esta manera, la proteómica permite obtener firmas moleculares o la caracterización de proteínas y su interacción al modelar las redes de comunicación celular que explican los diferentes estadios celulares o la comparación entre casos y controles (Marx, 2014).

## Interactómica

Las tecnologías ómicas han generado millones de datos que se evalúan mediante sistemas bioinformáticos y ofrecen respuestas de las alteraciones moleculares de innumerables patologías (Gregorich y Ge, 2014). Su orientación se ubica en las interacciones proteína-proteína, proteína-ADN, proteína-ARN, proteína-metabolitos, ADN-ARN y otras más (Catherman *et al.*, 2014).

Desde la visión de interactomas separados, la interactómica estudia el conjunto de interacciones entre distintas biomoléculas en un entorno determinado, centrado principalmente en las interacciones de proteínas (Wang y Qian, 2014). Hace la integración de estas redes en una matriz que estudia de manera conjunta un organismo, órgano, tejido o célula (Hakhverdyan *et al.*, 2015). Las estimaciones actuales sugieren que el interactoma humano está formado aproximadamente de entre 130,000 a 650,000 interacciones proteicas, de las cuales sólo un subconjunto ha sido identificado de manera experimental. Cada vez cobran más importancia las redes de genes, de genes con ARNs, de ARNnc con ARN de interferencia (ARNsi), entre otras (Stumpf *et al.*, 2008).

Los desafíos más acuciantes de la interactómica son el entendimiento de las patologías como resultado tanto de las perturbaciones ambientales, genéticas, epigenéticas, transcripcionales, como del impacto de la variabilidad genética de cada individuo en el contexto de sus interacciones (Kiemer y Cesareni, 2007). De esta manera, la biología de sistemas ayuda a comprender los fenómenos biológicos y se orienta

a una medicina preventiva, predictiva, personalizada y participativa (Hakhverdyan *et al.*, 2015).

Los métodos y técnicas experimentales para descubrir interacciones proteína-proteína son: i) *Yeast two-hybrid* (Y2H), que detecta interacciones entre proteínas X y Y, donde X está unida al dominio BD (promotor de la secuencia), el cual se une a la secuencia promotora (Bruckner *et al.*, 2009); ii) *Mass spectrometry*, que identifica la secuencia de miles de polipéptidos simultáneamente (Heck, 2008); iii) *Tandem Affinity Purification* (TAP) purifica complejos proteicos y remueve las moléculas contaminantes (Davis *et al.*, 2006); iv) la letalidad sintética que describe la interacción genética cuando una combinación de mutaciones entre dos o más genes o proteínas conduce a la muerte celular (Bruckner *et al.*, 2009), y v) los microarreglos de proteínas que dan cuenta de las proteínas que interactúan con un anticuerpo específico, ya que emiten fluorescencia e identifica cuántas y cuáles proteínas interactúan con el anticuerpo (Sun *et al.*, 2008).

Un interactoma se compone de nodos, enlaces y módulos (Hakhverdyan *et al.*, 2015). Los nodos pueden representar proteínas, genes, metabolitos, ARNs e incluso patologías y fenotipos. Dichos nodos, según su localización en el mapa topológico, pueden ser centrales, periféricos o cuellos de botella (Handley y Behler, 2014). Los enlaces representan las interacciones de los nodos por contactos físicos proteína-proteína, o relaciones de co-expresión de genes o acoplamiento metabólico (Kiemer y Cesareni, 2007). También pueden representar patologías basadas en un origen genético común o que comparten características relevantes (Bruckner *et al.*, 2009). Los módulos son las áreas de nodos más densas dentro del interactoma, es decir, son subconjuntos de nodos que tienen más interacciones entre sí que con el resto de los componentes. Se pueden clasificar en topológicos, funcionales y patogénicos (Aitchison y Rout, 2015).

Las bases de datos de interacciones se pueden clasificar en: i) las que contienen interacciones comprobadas experimentalmente, p. ej. *Bio-*

*molecular Interaction Network Database* (BIND, 2017), *Database of Interacting Proteins* (DIP, 2017), y *The Molecular INTeraction database* (MINT, 2017); ii) las que presentan interacciones deducidas por métodos de predicción computacional, p. ej. *Domain Interaction MAp* (DIMA, 2017), *Interacting Protein Domains* (InterDom, 2017), *Structural Classification of Protein-Protein Interfaces* (SCOPPI, 2017), y iii) las que almacenan e integran los dos tipos anteriores, p. ej. *Search Tool for the Retrieval of Interacting Genes/Proteins* (STRING, 2017).

Las redes se construyen bajo dos conceptos: el análisis topológico que cumpla los conceptos de la teoría de redes y la interpretación biológica que pueda representar algún proceso funcional (Kiemer y Cesareni, 2007). A su vez, se mide la significancia estadística del modelo aplicando tanto el modelo, global como el local. La conectividad global (CG) consiste en la suma de los nodos y los enlaces que componen el interactoma. Mediante el cálculo de una  $P$  empírica menor a 0.05, el interactoma es significativo respecto al azar con una confianza de 95% (Zhang y Trinkle, 2015). Ya comprobada la significatividad estadística con listas de por lo menos 1,000 elementos, se determina mediante herramientas bioinformáticas su correspondencia a un proceso celular (Yamamoto *et al.*, 2009).

Las proteínas que componen cada módulo del interactoma generalmente se analizan por separado (Kiemer y Cesareni, 2007). Para este análisis se extraen las anotaciones de diferentes bases de datos, p. ej., *KEGG pathways* (Wrzodek *et al.*, 2013), *Gene Ontology (GO) Consortium* (Gene Ontology *et al.*, 2013), *ArrayXpath* visualiza datos de expresión génica provenientes de microarreglos de diferentes procesos biológicos (Salleh *et al.*, 2013), *COSMIC Cancer Gene Census* (Sondka *et al.*, 2017), entre otros.

La importancia de los interactomas es que se acercan con suficiente fidelidad a la muy compleja red estructural y funcional de los organismos en su totalidad (Hakhverdyan *et al.*, 2015). Entre las aplicaciones más importantes se cuenta con hallazgos de genes candidato de patologías como cáncer; también se dan evidencias de que las proteínas de

nodos centrales tienden a estar codificadas por genes esenciales en la fisiología celular (Kiemer y Cesareni, 2007). Al respecto, Xu *et al.* (2016) proponen un método de ponderación de red estructural para utilizar la información del complejo micro ARN-TF-ARNm en la identificación de subtipos de cáncer.

Con este modelo Xu *et al.* (2016) han estudiado el glioblastoma multiforme, un cáncer muy común y agresivo, y el carcinoma invasivo mamario. Las interacciones se recuperaron de diversas bases de datos de interactómicas al detectar proteínas humanas codificadas por genes *drivers* o candidatos de cáncer, las cuales tienen mayor cantidad de interacciones que las proteínas que no han sido caracterizadas como mutadas. Verificaron que las mutaciones en genes candidato para cáncer causan un fuerte impacto en la estructura de proteínas, y dicha información se ha asociado con la pérdida de la estructura tridimensional de las proteínas como un mecanismo molecular que está altamente relacionado con el fenotipo maligno.

Estos modelos integradores son una opción de gran trascendencia en la comprensión de patologías multifactoriales porque su planteamiento es sólido y amplio, y porque a partir de las relaciones encontradas se ofrecen propuestas bastante definidas en los tratamientos a seguir para mejorar la calidad de vida o la completa solución del problema de salud analizado.

Con las bases señaladas de la genómica, epigenómica, proteómica e interactómica se desarrollan disciplinas que abordan variados modelos sistémicos. Entre las de mayor avance se pueden citar las siguientes: metabolómica, medicina genómica, farmacogenómica, nutrigenómica, metagenómica, exposómica, secretómica, fenómica, citogenómica, citocinómica y lipidómica (Ramírez Bello, 2016). Cada una de estas disciplinas se conecta con otras con la generación de un interactoma mayor, de modo que la ciencia biológica, desde una óptica objetiva, puede validarse como un sistema complejo de conocimiento.

## CONCLUSIONES

El campo de acción de las ciencias ómicas corresponde principalmente a procesos patológicos humanos, aunque también se aprecia su vinculación en patologías animales, y así se registra la mastitiómica. Asimismo, este paradigma es un recurso integrador en la promoción de la agricultura sustentable; de modo particular, la productividad alimentaria se ha orientado hacia el maíz. También se comienza a explorar sus beneficios en otras áreas como el deporte de alto rendimiento.

Se ratifica que su nivel científico avanza a una velocidad vertiginosa gracias a la conjunción de las ciencias de la información. Mediante sus conceptos, lenguajes y recursos se ha acelerado el desarrollo de las ciencias de la salud. Actualmente, el paradigma de las ciencias ómicas es una clara evidencia.

El proceso de hacer ciencia en el área biológica ha cubierto etapas secuenciales: del enfoque descriptivo pasó a un nivel de análisis para lograr ser interpretativo; más tarde, llegó a concebir explicaciones en una multitud de fenómenos. En esta apertura conceptual, metodológica y con la participación de las ciencias físicoquímicas, la ciencia biológica llegó a ser explicativa y fenomenológica. Con la integración de los matices anteriores, el momento actual manifiesta un auge aplicativo. De una manera evidente, las ciencias biológicas son generadoras de conocimiento. El siguiente paso puede ser tender puentes de reflexión y síntesis conjunta con las ciencias humanísticas en un proceso de complejidad creciente, de mayor amplitud, de inclusión ordenada en la construcción de transdisciplinabilidad.

## BIBLIOGRAFÍA

- Affymetrix, 2017, "GeneChip Scanner 3000", en <https://www.affymetrix.com/>, consultado 01/08/17.
- Agilent, 2017, "Comparative genomic hybridization using oligonucleotide microarrays", en <http://www.agilent.com/labs/>, consultado 01/08/17.
- Aitchison, D. y M. Rout, 2015, "The interactome challenge", en *J Cell Biol* 211(4): 729-732.
- Bartlett, M. y D. Stirling, 2003, "A short history of the polymerase chain reaction", en *Methods Mol Biol* 226(1): 3-6.
- Bass, L., 2015, "Twenty years: a very short sequence in the RNA world", en *RNA* 21(4): 490-491.
- Bedi, U. *et al.*, 2015, "SUPT6H controls estrogen receptor activity and cellular differentiation by multiple epigenomic mechanisms", en *Oncogene* 34(4): 465-473.
- BIND, 2017, "Information about interactions between two biological 'objects', A and B, which could be protein, RNA, DNA, molecular complex, small molecule, photon (light) or gene", en <http://bind.ca/>, consultado 01/08/17.
- Bodenstine, M. *et al.*, 2016, "Nodal expression in triple-negative breast cancer: Cellular effects of its inhibition following doxorubicin treatment", en *Cell Cycle* 15(9): 1295-1302.
- Bruckner, A. *et al.*, 2009, "Yeast two-hybrid, a powerful tool for systems biology", en *Int J Mol Sci* 10(6): 2763-2788.
- Bustin, S. *et al.*, 2005, "Quantitative real-time RT-PCR a perspective", en *J Mol Endocrinol* 34(3): 597-601.
- Byler, S. *et al.*, 2014, "Genetic and epigenetic aspects of breast cancer progression and therapy", en *Anticancer Res* 34(3): 1071-1077.
- Carrer, A. y K. Wellen, 2015, "Metabolism and epigenetics: a link cancer cells exploit", en *Curr Opin Biotechnol* 34(1): 23-29.

- Catherman, D. *et al.*, 2014, "Top Down proteomics: facts and perspectives", en *Biochem Biophys Res Commun* 445(4): 683-693.
- Consortium, P., 2004, "The ENCODE (ENCyclopedia Of DNA Elements) Project", en *Science* 306(5696): 636-640.
- Consortium, T., 2015, "Human genomics. The Genotype-Tissue Expression (GTEx) pilot analysis: multitissue gene regulation in humans", en *Science* 348(6235): 648-660.
- Cusumano, G. *et al.*, 2014, "European inter-institutional impact study of MammaPrint", en *Breast* 23(4): 423-428.
- Davis, P. *et al.*, 2006, "Protein complex compositions predicted by structural similarity", en *Nucleic Acids Res* 34(10): 2943-2952.
- DIMA, 2017, "Comprehensive resource for functional and physical interactions among conserved protein-domains", en <http://webclu.bio.wzw.tum.de/dima>, consultado 01/08/17.
- DIP, 2017, "Database catalogs experimentally determined interactions between proteins", en <http://dip.doe-mbi.ucla.edu/dip/Main.cgi>, consultado 01/08/17.
- Edmonds, M. *et al.*, 1971, "Polyadenylic acid sequences in the heterogeneous nuclear RNA and rapidly-labeled polyribosomal RNA of HeLa cells: possible evidence for a precursor relationship", en *Proc Natl Acad Sci USA* 68(6): 1336-1340.
- Esteller, M., 2007, "Cancer epigenomics: DNA methylomes and histone-modification maps", en *Nature Publishing Group* 8: 286-299, en [www.nature.com/reviews/genetics](http://www.nature.com/reviews/genetics).
- Feng, Q. *et al.*, 2014, "An epigenomic approach to therapy for tamoxifen-resistant breast cancer", en *Cell Res* 24(7): 809-819.
- Flanagan, B. *et al.*, 2008, "Histopathologic variables predict oncoTYPE DX (TM) recurrence score", en *Mod Pathol* 21(10): 1255-1261.
- Fluidigm, 2017, "C1™ Single-Cell Auto Prep System", en <https://www.fluidigm.com/>, consultado 01/08/17.
- GenapSys, 2017, "The term "sequencing", en <http://www.genapsys.com/>, consultado 01/08/17.

- Gene, C. *et al.*, 2013, "Gene Ontology annotations and resources", en *Nucleic Acids Res* 41(Database issue): D530-D535.
- Genia's, 2017, "Integrated circuits in NanoTag chemistry for massively parallel single-molecule DNA sequencing", en <http://www.geniachip.com/>, consultado 01/08/17.
- Gregorich, R. y Y. Ge, 2014, "Top-down proteomics in health and disease: challenges and opportunities", en *Proteomics* 14(10): 1195-1210.
- Gupta, V. y J. Warner, 2014, "Ribosome-omics of the human ribosome", en *RNA* 20(7): 1004-1013.
- Gyorffy, B. *et al.*, 2015, "Multigene prognostic tests in breast cancer: past, present, future", en *Breast Cancer Res* 17(1): 11-16.
- Hakhverdyan, Z. *et al.*, 2015, "Rapid, optimized interactomic screening", en *Nat Methods* 12(6): 553-560.
- Handley, M. y J. Behler, 2014, "Next generation interatomic potentials for condensed systems", en *Eur Phys J B* 87(7): 152-162.
- Heard, E., 2016, "Epigènétique et cancer. Une brève histoire du cancer: gènétique et epigènétique", en <http://www.college-de-france.fr/site/edith-heard/course-2015-2016.htm>, consultado el 01/08/17.
- Heck, J., 2008, "Native mass spectrometry: a bridge between interactomics and structural biology", en *Nat Methods* 5(11): 927-933.
- Hirano, S., 2012, "Western blot analysis", en *Methods Mol Biol* 926(1): 87-97.
- Holm, K. *et al.*, 2016, "An integrated genomics analysis of epigenetic subtypes in human breast tumors links DNA methylation patterns to chromatin states in normal mammary cells", en *Breast Cancer Res* 18(1): 27-32.
- Hughes, R. y S. Lambert, 2017, "Transcription factors read epigenetics", en *Science* 356(6337): 489-490.
- illumina, 2017, "Microarray Solutions", en <https://www.illumina.com/>, consultado 01/08/17.
- InterDom, 2017, "Database of putative interacting protein domains derived from multiple sources, ranging from domain fusions (Rosetta Stone), protein interactions (DIP and BIND), protein complexes (PDB),

- to scientific literature (MEDLINE)", en <https://www.hsls.pitt.edu/obrc/index.php?page=URL1100033411>, consultado 01/08/17.
- International Human Genome Sequencing Consortium, 2004, "Finishing the euchromatic sequence of the human genome", en *Nature* 431(7011): 931-945.
- Jang, S. *et al.*, 2011, "Quantitative miRNA expression analysis using fluidigm microfluidics dynamic arrays", en *BMC Genomics* 12(1): 144-151.
- Kiemer, L. y G. Cesareni, 2007, "Comparative interactomics: comparing apples and pears?", en *Trends Biotechnol* 25(10): 448-454.
- Kinnaird, A. *et al.*, 2016, "Metabolic control of epigenetics in cancer", en *Nat Rev Cancer* 16(11): 694-707.
- Korbel, J. y C. Roberts, 2017, "A Convergence of Genetics and Epigenetics in Cancer", en *Cell* 168(4): 561-563.
- Laurinavicius, A. *et al.*, 2016, "Comprehensive Immunohistochemistry: Digital, Analytical and Integrated", en *Pathobiology* 83(2-3): 156-163.
- Li, L. *et al.*, 2012, "DNA methylation in peripheral blood: a potential biomarker for cancer molecular epidemiology", en *J Epidemiol* 22(5): 384-394.
- Macaulay, C. y T. Voet, 2014, "Single cell genomics: advances and future perspectives", en *PLoS Genet* 10(e): e1004126-e1004136.
- Marx, V., 2014, "Proteomics: An atlas of expression", en *Nature* 509(7502): 645-649.
- Microarray Lab, 2017, "Microarrays of immobilized oligonucleotide", en <http://brainarray.mbni.med.umich.edu/Brainarray/default.asp>, consultado 01/08/17.
- MINT, 2017, "Experimentally verified protein-protein interactions", en <http://mint.bio.uniroma2.it/>, consultado 01/08/17.
- Morgan, C. *et al.*, 2013, "Biodiversity and functional genomics in the human microbiome", en *Trends Genet* 29(1): 51-58.
- Naoui, Y. y S. Noguchi, 2016, "Multi-gene classifiers for prediction of recurrence in breast cancer patients", en *Breast Cancer* 23(1): 12-18.

- Orchard, S. *et al.*, 2003, "The proteomics standards initiative", en *Proteomics* 3(7): 1374-1376.
- Pacific Biosciences, 2017, "Single Molecule, Real-Time (SMRT)", en <http://www.pacb.com/>, consultado el 01/08/17.
- Pall, S. y A. Hamilton, 2008, "Improved northern blot method for enhanced detection of small RNA", en *Nat Protoc* 3(6): 1077-1084.
- Paterson, H. y A. Kolata, 2017, "Genomics: Keen insights from quinoa", en *Nature* 542(7641): 300-302.
- Plaza, C. *et al.*, 2017, "Impact of the 'Omics Sciences' in Medicine: New Era for Integrative Medicine", en *J Clin Microbiol Biochem Technol* 3(1): 009-0013.
- Ramírez, J., 2016, "Gen: Unidad estructural y funcional de la herencia", en L. Pereyra (comp.), *Genómica estructural y funcional en las enfermedades multifactoriales*, México, 15-51
- Rio, D., 2015, "Twenty years of RNA", en *RNA* 21(4): 718-720.
- Ruiz, G. *et al.*, 2014, "La genómica en la medicina", en *Rev Med Inst Mex Seguro Soc* 52(5): 566-573.
- Rungger, D. y M. Crippa, 1977, "The primary ribosomal DNA transcript in eukaryotes", en *Prog Biophys Mol Biol* 31(3): 247-269.
- Salleh, H. *et al.*, 2013, "A Review On Pathway Analysis Software Based On Microarray Data Interpretation", en *IJBSBT* 5(4): 149-158.
- Sandelin, A. *et al.*, 2007, "Mammalian RNA polymerase II core promoters: insights from genome-wide studies", en *Nat Rev Genet* 8(6): 424-436.
- SCOPPI. 2017, "Database of all domain-domain interactions and their interfaces derived from PDB structure files and SCOP domain definitions", en <http://scoppi.biotec.tu-dresden.de/scoppi/>, consultado 01/08/17.
- Seehausen, O. *et al.*, 2014, "Genomics and the origin of species", en *Nat Rev Genet* 15(3): 176-192.
- Sims, D. *et al.*, 2014, "Sequencing depth and coverage: key considerations in genomic analyses", en *Nat Rev Genet* 15(2): 121-132.

- Sondka, Z. *et al.*, 2017, "COSMIC Cancer Gene Census: expert descriptions across genes in oncogenesis", en *Cancer Res* 77(13 Supplement): 2599-2599.
- Stone, E. *et al.*, 2017, "Cell-selective proteomics for biological discovery", en *Curr Opin Chem Biol* 36(1): 50-57.
- STRING, 2017, "Database with information on about 9.6 million proteins from more than 2000 organisms", en <https://string-db.org/>, consultado el 01/08/17.
- Stumpf, P. *et al.*, 2008, "Estimating the size of the human interactome", en *Proc Natl Acad Sci USA* 105(19): 6959-6964.
- Sun, S. *et al.*, 2008, "Effect of fluorescently labeling protein probes on kinetics of protein-ligand reactions", en *Langmuir* 24(23): 13399-13405.
- Thermo Fisher Scientific, 2017, "GeneChip™ Human Transcriptome Array 2.0", en <https://www.thermofisher.com/>, consultado 01/08/17.
- van Dijk, L. *et al.*, 2014, "Ten years of next-generation sequencing technology", en *Trends Genet* 30(9): 418-426.
- Vogelstein, B. *et al.*, 2013, "Cancer genome landscapes", en *Science* 339(6127): 1546-1558.
- Wallden, B. *et al.*, 2015, "Development and verification of the PAM50-based Prosigna breast cancer gene signature assay", en *BMC Med Genomics* 8(1): 54-61.
- Wang, Y. y X. Qian, 2014, "Functional module identification in protein interaction networks by interaction patterns", en *Bioinformatics* 30(1): 81-93.
- Wang, Z. *et al.*, 2009, "RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics", en *Nat Rev Genet* 10(1): 57-63.
- Wray, A. *et al.*, 2003, "The evolution of transcriptional regulation in eukaryotes", en *Mol Biol Evol* 20(9): 1377-1419.
- Wrzodek, C. *et al.*, 2013, "Precise generation of systems biology models from KEGG pathways", en *BMC Syst Biol* 7(1): 15-21.

- Xu, T. *et al.*, 2016, "Identifying Cancer Subtypes from miRNA-TF-mRNA Regulatory Networks and Expression Data", en *PLoS One* 11(e): e0152792-e0152799.
- Yamamoto, T. *et al.*, 2009, "Effective Interatomic Potentials Based on The First-Principles Material Database", en *J Data Sci* 8(1): 62-69.
- Yong, M. *et al.*, 2010, "Associations between polymorphisms in glucuronidation and sulfation enzymes and mammographic breast density in premenopausal women in the United States", en *Cancer Epidemiol Biomarkers Prev* 19(2): 537-546.
- Zhang, A. y D. Trinkle, 2015, "Database optimization for empirical interatomic potential models", en *Modelling Simul Mater Sci Eng* 23(6): 1-17.
- Zhegunov, G., 2012, "Cells and Organisms", en G. Zhegunov (comp.), *The Dual Nature of Life*, 73-81. The Frontiers Collection, Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, Nueva York, EUA.
- Zoghbi, Y. y A. Beaudet, 2016, "Epigenetics and Human Disease", en *Cold Spring Harb Perspect Biol* 8(2): 019497-019504.



# Plaguicidas organofosforados: un desafío entre la productividad y la salud

Guadalupe Prado Flores<sup>1</sup>, Octavio Castelán Ortega<sup>2</sup>  
y Arturo César García Casillas<sup>3</sup>

**Resumen.** Los plaguicidas organofosforados son un grupo de sustancias orgánicas derivadas de la estructura química de los ácidos fosfóricos. Han sido utilizados como aditivos del petróleo, disolventes, barnices, aislantes eléctricos, impermeabilizantes, herbicidas, fungicidas e insecticidas, entre otros. Debido a su amplia distribución y uso en diferentes industrias, son frecuentes las intoxicaciones accidentales por exposición a estos compuestos. Por lo tanto, en este artículo se resumen aspectos históricos, propiedades fisicoquímicas, las principales aplicaciones en la actividad agrícola y el daño sanitario y ecológico en diversos ecosistemas contaminados con plaguicidas. Se concluye con una propuesta en la legislación, frente al desafío entre los beneficios inmediatos y las consecuencias a largo plazo por el uso de plaguicidas.

**Palabras Clave:** plaguicidas organofosforados, prácticas agropecuarias, medio ambiente, toxicidad, residualidad, salud.

<sup>1</sup> Profesor-Investigador, Departamento de Producción Agrícola y Animal, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco, e-mail: gprado@correo.xoc.uam.mx

<sup>2</sup> Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Autónoma del Estado de México.

<sup>3</sup> Investigador Posdoctoral, Maestría Interinstitucional en Producción Pecuaria, Universidad de Colima, e-mail: cesargarciacasillas@hotmail.com

**Abstract.** *The organophosphorus pesticides are a group of organic substances derived from the chemical structure of phosphoric acids. They are used as oil additives, solvents, varnishes, electrical insulation, waterproofing, herbicides, fungicides, insecticides and others. Given its wide distribution and use in different industries, organophosphorus compounds can be taken accidentally causing intoxication.*

*Therefore, this article seeks to present a summary of historical aspects, physicochemical properties, main applications and the sanitary and ecological damage in diverse ecosystems contaminated with pesticides. Concludes with proposals in the area of legislation, facing the challenge between the immediate benefits and the long-term consequences of using pesticides.*

**Keywords:** *organophosphorus pesticides, agricultural practices, environment, toxicity, residues, health.*

## INTRODUCCIÓN

Los plaguicidas son sustancias destinadas a prevenir, controlar o destruir especies que interfieran en los procesos de producción, almacenamiento, transporte y secado de alimentos, madera y derivados (FAO, 2008). La naturaleza fisicoquímica de estos compuestos les otorga diversos grados de toxicidad, porque alteran: i) estructuras y funciones biomoleculares, ii) la homeostasis celular y iii) procesos metabólicos vitales. A pesar de ello, su utilización es abundante en la industria, p. ej. en el control de plagas, para abatir patologías, como disolventes o aditivos del petróleo y en el tratamiento de áreas verdes, reservas y depósitos de agua. Villamil *et al.* (2013) calcularon, a nivel mundial, la existencia de 1,500 principios activos, en 50,000 formulaciones registradas como plaguicidas. En el caso específico de México, durante el año 2013 su utilización alcanzó las 60,000 t (Bejarano, 2017).

La principal clasificación de los plaguicidas se realiza de acuerdo con su naturaleza química. Bajo esta denominación se encuentran los organofosforados (POF) y los organoclorados (POC), carbamatos, piretroides, fenoxiacéticos, nicotinoides, bupiridilos, triazinas y derivados de urea. En la actualidad, los POF son los plaguicidas de mayor utilización a nivel mundial (Chowdhury *et al.*, 2014). La información vertida en párrafos anteriores pone de manifiesto la importancia de presentar evidencia de efectos negativos en medios bióticos y abióticos, producto de la residualidad de los plaguicidas. Por tanto, la presente revisión pretende abordar los aspectos históricos, las propiedades fisicoquímicas, las principales aplicaciones y el daño sanitario y ecológico en diversos ecosistemas contaminados con plaguicidas. Se discute el papel de la legislación frente al desafío entre los beneficios inmediatos y las consecuencias a largo plazo por el uso excesivo de plaguicidas.

## REVISIÓN DE LITERATURA

### Aspectos históricos

Los POF tienen sus antecedentes en los gases tóxicos sarín, tabún y somán, empleados con motivos militares, más tarde se descubrió su efecto insecticida. Uno de los primeros POF producidos fue el paratión, comercializado por Bayer<sup>MR</sup>, en 1944. Su producción se incrementó rápidamente, y para 1998 la *Environmental Protection Agency* (EPA), de los EUA, tenía registrados 20,000 productos (Ramírez y Lacasaña, 2001; EPA, 2015).

La síntesis química de los plaguicidas y sus aplicaciones tuvo un impulso sustancial debido al estudio que realizó la *Food and Agriculture Organization* (FAO) en 1995. Cuando se analizaron las disminuciones ocasionadas por patologías, plagas y arvenses en 60 cultivos, se determinaron pérdidas totales entre 30 y 50%. Este resultado favoreció el uso

de compuestos sintéticos con el objetivo de controlar dichos vectores limitantes de la productividad.

En 1998, el costo mundial por el consumo de plaguicidas fue de 34,150 millones de USD. Norteamérica consumió 9,000 millones de USD, mientras que América Latina (AL) participó con 3,000 millones de USD, equivalente a 10% del costo total mundial (FAO, 2002). A fines del siglo XIX y principios del siglo XX, se empleó algodón Bt, modificado con información genética de *Bacillus thuringiensis*. Los beneficios alcanzados por la utilización de la bacteria se clasificaron en: i) aumento de rendimiento, ii) menor costo en producción, iii) menor egreso por plaguicidas adicionales, y iv) menor número de intoxicaciones. Estos beneficios favorecieron al binomio transgénicos/plaguicidas y de manera directa la producción. En el año 1999, EUA, cultivó 29 millones de acres de algodón Bt, con un beneficio económico de 92 millones de USD (Betz *et al.*, 2000). Por esta razón, Rosas, en 2008, propuso la utilización de este cultivo como una opción para la agricultura sustentable.

En el mundo, el aumento en el consumo de plaguicidas fue evidente. De estos compuestos (50%) se aplicaban en 25% de las áreas cultivables de Europa Occidental y Norteamérica, mientras que 20% se aplicaba en 55% de los suelos cultivados en países en desarrollo (De los Santos *et al.*, 1997).

## Propiedades fisicoquímicas

Los POF muestran menor lipoficidad que los POC, su metabolismo es más rápido, se degradan en menor tiempo y su excreción es mayor (Chowdhury *et al.*, 2014). Las propiedades limitantes de los POC abrieron el camino en favor de los POF. Con esta selección, se pretendía cubrir: i) efectividad, ii) selectividad, iii) economía, iv) seguridad, v) estabilidad y vi) fácil formulación. Sin embargo, la realidad ha mostrado que los sistemas intensivos de producción agropecuaria, acoplados al uso de trans-

génicos y agroquímicos, no son estables ni seguros, ya que han generado elevados niveles de contaminación en medios bióticos y abióticos, así como efectos adversos en la salud, a pesar de lograr mejores rendimientos con beneficios económicos inmediatos (Ramírez, 2015).

## Aplicaciones

El uso de plaguicidas merece una reflexión en los aspectos biológicos, ambientales y socioeconómicos. A fines del siglo xx, De los Santos *et al.* (1997) estimaron que de los 30 mil millones de USD por la venta anual de plaguicidas, 40% correspondió a POF, 20% a carbamatos, 19% a piretroides y 6% a POC. Se distribuyeron de la siguiente manera: 47% herbicidas, 29% insecticidas, 18% fungicidas y el restante 6% en otra nominación. Latinoamérica compró 10.4%, Norteamérica y Europa Occidental 29.4% y 26.2%, respectivamente, el lejano Oriente 24.5%, y el restante, otras zonas del mundo.

Costa Rica ha sido considerada como uno de los países en AL con amplio consumo de plaguicidas. Se calculó que en 1997 existían 250 empresas importadoras, 21 formuladoras, 21 exportadoras y 367 comercializadoras. De 1977 a 1979 se importaron 2.7 millones de kg de plaguicidas con potencial carcinogénico y 1,700,000 kg con potencial espermatogénico, estimando que 18% de ellos eran extremadamente tóxicos. En 1995, las intoxicaciones agudas alcanzaron los 1,000 reportes, principalmente en el cultivo de plátano (77%) y plantas ornamentales (11%) (De los Santos *et al.*, 1997). Se calculó una utilización de 18.24 kg/ha/año de plaguicidas en Costa Rica; en cambio para Chile su valor fue de 0.3 kg/ha/año, para Brasil se estimaron 0.6 kg/ha/año, para México 1.1 kg/ha/año, Ecuador 1.2 kg/ha/año, Norteamérica 4 kg/ha/año, Europa Occidental 8 kg/ha/año y China 17 kg/ha/año. Sin embargo, 14 años después, Endréu (2011) estimó un valor de 31.2 kg/ha/año para Costa Rica, dio información de 16.7 kg/ha/año para Colombia y 6.0 kg/ha/

año para Ecuador. Por otra parte, la FAO y el Ministerio de Agricultura y Ganadería Costarricense, en 2013, estimaron el manejo de 124 millones de kg de plaguicidas y 620 ingredientes activos.

Restrepo (1988) refirió que en Centroamérica se consumieron 23,000 t de ingredientes activos. Guatemala gastó 9,000 t en la producción de algodón, El Salvador 7,000 t, Nicaragua 5,800 t, Honduras 176 t, en una superficie menor a 4,000 km<sup>2</sup>. En países emergentes, las importaciones en 1974 sumaron 641 millones de USD y para 1980 la cifra ascendió a 2,817 millones de USD. Los países exportadores fueron Alemania con 25%; EUA 20%; Inglaterra 15%; Suiza 15%; Francia 13%; Japón 5% e Italia 3%. El valor de exportación se calculó sólo para los EUA en 1,000 millones de USD.

Colombia ocupó el tercer lugar en AL en el uso de plaguicidas. En 2001, aplicó 28 millones de kg, la mayoría entre POF y carbamatos con 60% de fungicidas. Su producción de POF en ese año fue de 800,000 kg. La población agrícola del país correspondía a 40% de sus habitantes, cuya salud estuvo en riesgo por intoxicaciones. Dichos problemas de salud estuvieron vinculados principalmente con metil paratión, metamidofos, monocrotofos y clorpirifos (Hurtado y de Salazar, 2005). Por otro lado, se estimó que las intoxicaciones en Ecuador pasaron de 24.4% en 1992 a 30% en 2000 (Santos *et al.*, 2015).

Por su parte, la FAO (2013) estimó en el periodo de 2009-2010 las aplicaciones de 4.55 t de plaguicidas/1,000 ha. En 2013 valoró aplicaciones globales de 37,455 t de insecticidas, 31,195 t de herbicidas y 42,223 t de fungicidas. Centner y Eberhart (2014) ofrecieron información aproximada de 2.36 billones de kg de plaguicidas usados en el mundo cada año. Los usos agrícolas para dichos compuestos en los EUA ascendieron a 0.5 billones de kg. En 2015, Arellano *et al.* (2016) de *Greenpeace* mostraron los datos del cuadro 1 en referencia a la utilización mundial de los POF más agresivos.

Cooper y Dobson (2007) y Vilamajo *et al.* (2011) analizaron el uso de glifosato en la olivicultura española, estimando beneficios de 20%

al reducir egresos en las técnicas de laboreo, disminución de erosión y adquisición de combustible. Durante los años comprendidos entre 1999 y 2010, el uso de glifosato aumentó en 100% en Alemania. Steinmann *et al.* (2012) analizaron sus patrones de aplicación mediante una encuesta a 896 agricultores, con la estimación de que el compuesto se aplicaba 20.7% en la pre-siembra, 11.2% en la pre-cosecha y 68.1% en el rastrojo, fundamentalmente en los cultivos de colza (27.5%), cebada (20.1%) y trigo (15.8%). Los agricultores esperaban un aumento productivo entre 38.1% y 71.4% en las superficies cultivadas. El mismo autor calculó entre 109 y 202 millones de €/año en beneficios económicos.

En el Reino Unido, la utilización de glifosato en los cultivos de colza y trigo fue calculado por Cook *et al.* (2010), quienes reportaron beneficios de 3% para el trigo y 9% para la colza. Analizaron los resultados potenciales al eliminar el uso de este herbicida en el trigo y dieron el dato de 2.9 millones de t/año. Si retornaran a procesos naturales en las semillas, el cambio para la industria significaría alrededor de 45,000 £/año.

**Cuadro 1. Uso global de ocho plaguicidas organofosforados (POF)**

Compuesto	Tipo	Prohibido	Restringido	Efecto	Aplicaciones
Fosforidón	Insecticida	UE, Belice Canadá El Salvador Japón	China EUA Panamá Suecia		papa
Diurón	Herbicida	Belice Suecia Nueva Zelanda UE	Canadá, Yugoeslavia	Carcinogénico	maíz, algodón, plátano, caña de azúcar

Metamidofos	Insecticida	Brasil UE China Kuwait Uruguay Ecuador Rep. Dominicana Indonesia	Bangladesh, India, EUA, Guatemala, Belice, China, Sri Lanka	Extremadamente peligroso (Rotterdam) Altamente peligroso (OMS)	chía, jitomate, papa, pepino, chile, sandía, soya, algodón, col, brócoli, melón, tabaco
Mevinfos	Insecticida	UE Belice EUA India	China, Costa Rica, Malasia, Sudán	Disruptor endocrino Altamente peligroso	ajo, cebolla
Monocrotofos	Insecticida	UE Australia China Filipinas Tailandia Nigeria Jamaica		Altamente tóxico (OMS) Regularmente tóxico (Rotterdam) Docena Sucia	soya, tabaco
Ometoato	Insecticida	Malasia, Panamá			jitomate
Paratión metílico	Insecticida	Perú Dinamarca		Extremadamente tóxico (Rotterdam)	algodón, cebolla, frijol, cacahuate, jitomate, maíz, trigo
Glifosato	Herbicida	Francia Holanda Sri Lanka El Salvador Dinamarca Bélgica	Colombia Reino Unido Alemania Suiza Canadá algunos estados de EUA	Resistencia a 14 malezas	transgénicos de maíz, soya, algodón, aguacate, limón, naranja, mandarina, toronja

Fuente: Adaptado de Arellano *et al.*, 2016.

La actividad agrícola de Argentina se ha incrementado en los últimos 30 años, de modo que se ha convertido en el mayor productor de harina de soya, aceite, y el tercer proveedor mundial de la semilla (FAO, 2013; GEA, 2013). Estos beneficios económicos se han logrado con aplicaciones de 200 millones de L de plaguicidas, fundamentalmente glifosato (19.7 millones de ha/año) en soya transgénica, seguida de maíz y trigo (Vila-Aiub *et al.*, 2008; Di Fiori *et al.*, 2012). Se estimaba que para 2016 los rendimientos significarían 116 millones de t de soya con la mitad de la superficie del país sembrada (Villaamil *et al.*, 2013; Barbosa *et al.*, 2017).

Mac Loughlin *et al.* (2017) estudiaron la aplicación de 36 plaguicidas en una zona periurbana de la ciudad de La Plata en Argentina e investigaron la cantidad de residuos en los cuerpos de agua de cinco sitios de muestreo. Encontraron que la suma de los fungicidas, insecticidas y herbicidas medidos en dos campañas, ofrecieron valores de 1,080/2 329, 3,715/88 y 367/5 ng.g<sup>-1</sup>. Estos datos permitieron valorar la influencia tóxica de los plaguicidas en las prácticas de la horticultura sobre la fauna béntica con efectos letales y subletales.

## Efectos sobre la salud

Numerosos bancos de datos han agrupado a las sustancias peligrosas. Uno de ellos es el RISCTOX (2017) que en el año 2014 clasificó 100,000 productos adversos a la salud. Entre los grupos de riesgo están los plaguicidas, y en la clasificación de los POF se obtiene información particular de cada compuesto en diferentes matrices. Otros espacios informáticos son El Banco de Datos de Sustancias Peligrosas de la Escuela de Medicina en los EUA, *National Library of Medicine's (NLM), Hazardous Substances Data Bank (HSDB)*, que agrupa unas 5,600 sustancias (Fonger *et al.*, 2014). También se ofrece información en *Toxicology Data Network (Toxnet)*, PubMed y la *Web of Science (wos)*.

Los estudios actuales vinculan la presencia de xenobióticos con efectos nocivos a la salud. Hay evidencias de estos perjuicios en el genoma, con manifestaciones mutagénicas o carcinogénicas (Obiols, 1999; IARC, 2015; Ramírez, 2015). De igual manera, hay confirmación de daños en el tejido nervioso (López y López, 1993; Casida y Durkin, 2013; González *et al.*, 2014; Venerosi *et al.*, 2015), sistema endocrino (Lacasana *et al.*, 2010), sistema inmune (Corsini *et al.*, 2013; Aroonvilairat *et al.*, 2015), aparato reproductivo (Jallouli *et al.*, 2016), respuestas que disminuyen la capacidad de aprendizaje (Lanphear, 2014) y conductuales (Selmi *et al.*, 2012). También se ha informado de efectos transgeneracionales en los campos de la fertilidad, con manifestación de daños fetotóxicos (Castillo *et al.*, 2017).

La Organización Mundial de la Salud (OMS) cuantificó de 500,000 a 1,000,000 los casos de individuos intoxicados por plaguicidas, mientras que la Organización Internacional del Trabajo (OIT) habló de 14% en poblaciones marginales. La variabilidad en los datos señala de 30% a 82% de los intoxicados, de los que entre el 3% y el 20% corresponde a POF.

Las muertes por accidentes con plaguicidas se han calculado en 220,000/año; 40,000 de ellas se han dado en Asia y África, y en menor proporción en países mediterráneos y EUA. La misma OIT señaló que hay un subregistro en los casos estimados y que las causas de tales daños son variadas: p. ej., legislaciones incumplidas, políticas de salud pública que no atienden debidamente la seguridad de sus trabajadores y la escasa educación de estos grupos humanos (Bejarano, 2017).

## Legislaciones

Los procesos de producción, los fenómenos socioeconómicos referentes al empleo de plaguicidas, así como sus efectos en la biota y en la salud animal se regulan por medio de normas, tratados y convenios. Entre los más relevantes a nivel internacional se pueden citar: i) el anexo III del

Convenio de Rotterdam, que entró en vigor en septiembre de 2004; ii) el Convenio de Estocolmo, firmado el 24 de octubre de 2004 en París; iii) el Código Internacional de Conducta de la FAO (FAO, 2013; FAO-STAT, 2016); iv) el *Strategic Approach to International Chemicals Management* (SAICM) aprobado en 2006 por más de 100 países, y v) el *Codex Alimentarius* de la FAO/OMS, generado en 1963.

El convenio de Rotterdam se firmó para generar una responsabilidad compartida en el comercio internacional y para proteger la salud humana y el medio ambiente. Incluye el señalamiento de 50 productos tóxicos, 35 de ellos plaguicidas, 3 extremadamente tóxicos y 15 productos industriales. El Convenio de Estocolmo está basado en el manejo de 23 compuestos orgánicos persistentes (COP) y tiene el propósito de garantizar la eliminación de su producción y uso. Fue signado por 151 países del mundo.

El *Codex Alimentarius*, integrado por expertos de la FAO y la OMS, está orientado en elaborar normas internacionales alimentarias para la protección de la salud y fomentar prácticas leales en el comercio de los alimentos en favor de los consumidores. Un apartado del organismo aborda los plaguicidas y establece los Límites Máximos de Residuos (LMR) para su uso. El Código Internacional de Conducta de la FAO se enfoca en la distribución y uso de plaguicidas, incluye tanto la actividad de facilitar plaguicidas menos tóxicos para su venta y utilización, como la capacitación en prácticas agrícolas ecológicas (Bejarano, 2017). El SAICM, aprobado en 2006 por más de 100 países, está a cargo del Programa de las Naciones Unidas para el Medio Ambiente (PNUMA) y de la OMS, y se orienta a reducir riesgos en un marco normativo voluntario, para impulsar iniciativas nacionales, regionales y mundiales de cooperación (FAO, 2008; Bejarano, 2017).

## CONCLUSIONES

Se observa una paradoja entre la producción de alimentos suficientes, sanos y de calidad, frente a la contaminación ambiental generada por el proceso de producción de los mismos. Es evidente una polarización entre los países industrializados y el potencial económico obtenido por la producción y comercio de plaguicidas, en contraste con los países emergentes en el volumen de sus aplicaciones, manejo de insumos y escasa seguridad sanitaria. Por tanto, domina en el mundo una corriente economicista frente a una ambientalista, menos desarrollada. Con base en este análisis se aprecia la necesidad de mayor vigencia en las legislaciones nacionales e internacionales.

## BIBLIOGRAFÍA

- Arellano, O. *et al.*, 2016, "La huella de los plaguicidas en México", Greenpeace, en [www.greenpeace.org.mx](http://www.greenpeace.org.mx), consultado 28/05/2017.
- Aroonvilairat, S. *et al.*, 2015, "Effect of pesticide exposure on immunological, hematological and biochemical parameters in thai orchid farmers -a cross-sectional study", en *Int J Environ Res Public Health* 12(6): 5846-5861.
- Barbosa, C. *et al.*, 2017, "Evaluación de daño al ADN en leucocitos de sangre periférica humana expuestos al herbicida glifosato", en *Rev Int Contam Ambie* 33(3): 403-410.
- Bejarano, F., 2017, "Los plaguicidas altamente peligrosos nuevo tema normativo internacional y su perfil nacional en México", en Bejarano, G. (comp.), *Los plaguicidas altamente peligrosos en México*, RAPAM, CIAD, UCCS, INIFAP, IPEN, PNUD, pp. 10-117, Red de Acción sobre Plaguicidas y Alternativas en México A. C., Ciudad de México, México.

- Betz, S. *et al.*, 2000, "Safety and advantages of *Bacillus thuringiensis* protected plants to control insect pests", en *Regul Toxicol Pharmacol* 32(2): 156-173.
- Casida, E. y K. Durkin, 2013, "Neuroactive insecticides: targets, selectivity, resistance, and secondary effects", en *Annu Rev Entomol* 58(1): 99-117.
- Castillo, J. *et al.*, 2017, "El uso de plaguicidas altamente peligrosos en la floricultura en el Estado de México y el efecto sinérgico de las mezclas", en Bejarano, G. (comp.), *Los plaguicidas altamente peligrosos en México. RAPAM, CIAD, UCCS, INIFAP, IPEN, PNUD*, pp. 247-262, Red de Acción sobre Plaguicidas y Alternativas en México A. C., Ciudad de México, México.
- Centner, T. y N. Eberhart, 2014, "Requiring pollutant discharge permits for pesticide applications that deposit residues in surface waters", en *Int J Environ Res Public Health* 11(5): 4978-4990.
- Cook, K. *et al.*, 2010, "How valuable is glyphosate to UK agriculture and the environment?", en *Outlooks on Pest Management* 21(6): 280-284.
- Cooper, J. y H. Dobson, 2007, "The benefits of pesticides to mankind and the environment", en *Crop Protection* 26(9): 1337-1348.
- Corsini, E. *et al.*, 2013, "Pesticide induced immunotoxicity in humans: a comprehensive review of the existing evidence", en *Toxicology* 307(1): 123-135.
- Chowdhury, R. *et al.*, 2014, "Organophosphate poisoning presenting with muscular weakness and abdominal pain. A case report", en *BMC Res Notes* 7(140): 1-3.
- De los Santos, B. *et al.*, 1997, "Estudio de los plaguicidas en la agroindustria de Costa Rica", CEN 708, en <http://www.incae.edu/ES/clacds/publicaciones/pdf/cen708.pdf>, consultado 20/05/2017.
- Di Fiori, E. *et al.*, 2012, "Impact of the invasive mussel *Limnoperna fortunei* on glyphosate concentration in water", en *Ecotoxicol Environ Saf* 81(1): 106-113.

- Endréu, T., 2011, "Costa Rica: mayor consumidor de plaguicidas por hectárea en el mundo", Red de acción en plaguicidas y sus alternativas para América Latina, en [http://www.rap-al.org/index.php?seccion=8&f=news\\_view.php&id=492](http://www.rap-al.org/index.php?seccion=8&f=news_view.php&id=492), consultado 20/03/2015.
- EPA, 2015, Ingredients Used in Pesticide Products/Pesticide Groups. Pesticide Chemical Databases. Environmental Protection Agency, en <https://www.epa.gov/ingredients-used-pesticide-products>, consultado 20/02/2017.
- FAO-STAT, 2016, "Dirección de estadística. Insumos. Consumo de plaguicidas en país seleccionado", Food and Agriculture Organization, en <http://faostat3.fao.org/browse/R/RP/S>, consultado 23/04/2016.
- FAO, 2002, "Agricultura mundial: hacia los años 2015/2030", en Food and Agriculture Organization, en <http://www.fao.org/agronoticias/agro-noticias/detalle/es/>, consultado 20/02/2016.
- FAO, 2013, "Code of Conduct on the Distribution and Use of Pesticides. Guidelines on Data Requirements for the Registration of Pesticides", en Food and Agriculture Organization, en [http://www.fao.org/agronoticias/agro-noticias/detalle/es/?dyna\\_feuid=161730](http://www.fao.org/agronoticias/agro-noticias/detalle/es/?dyna_feuid=161730), consultado 30/04/2016.
- FAO, 2008, "Report of the 2nd FAO/WHO joint meeting on pesticide management", en Food and Agriculture Organization, en <http://www.fao.org/agriculture/crops/thematic-sitemap/theme>, consultado 30/05/2015.
- Fonger, C. *et al.*, 2014, "The National Library of Medicine's (NLM) Hazardous Substances Data Bank (HSDB): background, recent enhancements and future plans", en *Toxicology* 325(1): 209-216.
- GEA, 2013, "Mejores rendimientos en zona núcleo compensan la caída del norte y permiten estimar más producción de soya", en Guía Estratégica para el Agro. Año V (45), en <http://bcr.com.ar/GEA%20Archivos%20Diarios/Informes/>, consultado 30/05/2015.

- González, B. *et al.*, 2014, "A systematic review of neurodevelopmental effects of prenatal and postnatal organophosphate pesticide exposure", en *Toxicol Lett* 230(2): 104-121.
- Hurtado, C. y M. de Salazar, 2005, "Enfoque del paciente con intoxicación aguda por plaguicidas organofosforados", en *Rev Fac Med Univ Nac Colomb* 53(4): 244-258.
- IARC, 2015, "Some organophosphate insecticides and herbicides. Monographs on the evaluation of carcinogenic risks to humans", en International Agency for Research on Cancer, en <http://monographs.iarc.fr/ENG/Monographs/vol112/mono112.pdf>, consultado 10/05/2016.
- Jallouli, M. *et al.*, 2016, "Disruption of steroidogenesis after dimethoate exposure and efficacy of N-acetylcysteine in rats: an old drug with new approaches", en *Environ Sci Pollut Res Int* 23(8): 7975-7984.
- Lacasana, M. *et al.*, 2010, "Interaction between organophosphate pesticide exposure and PON1 activity on thyroid function", en *Toxicol Appl Pharmacol* 249(1): 16-24.
- Lanphear, B., 2014, "Little Things Matter", en <http://youtube.com/watch?v=DbIB24jcA>, consultado 22/05/2016.
- López, L. y C. López, 1993, "Effect of exposure to organophosphate pesticides on serum cholinesterase levels", en *Arch Environ Health* 48(5): 359-363.
- Mac Loughlin, M. *et al.*, 2017, "Pesticide impact study in the peri-urban horticultural area of Gran La Plata, Argentina", en *Sci Total Environ* 598(1): 572-580.
- Obiols, J., 1999, "NTP 513: Plaguicidas organofosforados (II): toxicodinamia y control biológico", en *Ministerio de Trabajo y Asuntos Sociales España* 3(1): 209-216.
- Ramírez, A. y M. Lacasaña, 2001, "Pesticides: classification, uses, toxicological aspects and exposure assesment", en *Arch Prev Riesgos Labor* 4(2): 67-75.

- Ramírez, R., 2015, *Asociación entre la exposición a organofosforados y la paraoxonasa 1 (PON1) y las alteraciones neurocognitivas en niños y adolescentes de una comunidad agrícola en San Luis Potosí*, Tesis Doctorado en Ciencias Ambientales, Universidad Autónoma de San Luis Potosí (UASLP), San Luis Potosí, México.
- Restrepo, I., 1988, "Naturaleza muerta. Los plaguicidas en México", en *Ciencias* 1(13): 40-50.
- RISCTOX, 2017, "Base de datos de sustancias tóxicas y peligrosas RISCTOX", bbdd RISCTOX, en [http://www.istas.net/risctox/dn\\_risctox\\_buscador.asp](http://www.istas.net/risctox/dn_risctox_buscador.asp), consultado 13/05/2017.
- Rosas, N., 2008, "Advances in developing *Bacillus thuringiensis* based insecticide formulations", en *Rev Colomb Biotecnol* 10(1): 49-63.
- Santos, J. *et al.*, 2015, "Effects of organophosphate and carbamate fungicides in school health", en *Ciencia UNEMI* 8(16): 62-67.
- Selmi, S. *et al.*, 2012, "Oxidative stress and cholinesterase inhibition in plasma, erythrocyte and brain of rats' pups following lactational exposure to malathion", en *Environ Toxicol Pharmacol* 34(3): 753-760.
- Steinmann, H. *et al.*, 2012, "Uses and benefits of glyphosate in German arable farming", en *Crop Protection* 42(1): 164-169.
- Venerosi, A. *et al.*, 2015, "Effects of maternal chlorpyrifos diet on social investigation and brain neuroendocrine markers in the offspring. A mouse study", en *Environ Health* 14(1): 32-37.
- Vila, M. *et al.*, 2008, "Glyphosate-resistant weeds of South American cropping systems: an overview", en *Pest Manag Sci* 64(4): 366-371.
- Vilamajo, J. *et al.*, 2011, "Glifosato: 35 años de empleo y retos para el futuro", en *Bol San.Veg Plagas* 37(1): 263-279.
- Villaamil, E. *et al.*, 2013, "Situación actual de la contaminación por plaguicidas en Argentina", en *Rev Int Contam Ambie* 29(1): 25-43.

# Comportamiento de la porcicultura mexicana de los años 1970 a 2017. Una revisión documental sobre su desempeño

Adrian Emmanuel Iglesias Reyes<sup>1</sup>, Alda Roció Ortiz Muñiz<sup>3</sup>,  
María de Lourdes Juárez Mosqueda<sup>4</sup>, Jesús Alberto Guevara González<sup>5</sup>  
y Alejandro Córdova Izquierdo<sup>2</sup>

**Resumen.** *La porcicultura es una actividad altamente destacable a nivel mundial, crea ingresos en los países y está directamente relacionada con la producción agrícola. En México, la porcicultura es una fuente de ingresos y generadora de empleos, sin embargo, a partir de 1984, con el retiro en subsidios hacia los poricultores, aunado al alza de precios en sorgo y oleaginosas y la apertura al mercado internacional, se ha visto en constantes decaídas que han mermado su crecimiento. En este trabajo se hace una breve revisión sobre el comportamiento de la porcicultura mexicana a partir de 1972 a la fecha, analizando sus crecimientos y caídas, así como aquellos factores que hayan mejorado o afectado esta industria.*

**Palabras clave:** *porcicultura, producción, economía mexicana.*

<sup>1</sup> Maestría en Ciencias Agropecuarias, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco.

<sup>2</sup> Departamento de Producción Agrícola y Animal, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco, e-mail: acordova@correo.xoc.uam.mx

<sup>3</sup> Universidad autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa.

<sup>4</sup> Departamento de Morfología, FMVZ-UNAM.

<sup>5</sup> Departamento de Producción Agrícola y Animal, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco.

**Abstract.** *Porcine farming is a highly important activity worldwide, creates a high source of income in the countries and is directly related to agricultural production. In Mexico, since 1972, pig-raising has been a source of income and a generator of extremely important jobs; However, as of 1984, with the withdrawal in subsidies to pig farmers, the increase in prices in sorghum and oilseeds, and opening to the international market, has been in constant decline, which has slowed its growth. In this paper a brief review is made on the behavior of the Mexican pig production from 1972 to date, analyzing its growths and falls, as well as those factors that have improved or affected this industry.*

**Keywords:** *pig farming, production, mexican economy.*

## INTRODUCCIÓN

La porcicultura desempeña una función importante dentro de la cadena productiva de granos y leguminosas a nivel mundial, puesto que los resultados de esta actividad generan directamente una demanda en el alimento balanceado y, por ende, la demanda de la materias primas para su producción como el maíz amarillo, sorgo y el frijol de soya (Peña, 2011; INEGI, 2015).

Los primeros cerdos llegaron a América (Haití) con los conquistadores, traídos por Cristóbal Colón en su segundo viaje, en 1493. Estos animales se multiplicaron rápidamente en México y Brasil y debido a que la manteca se convirtió en un nutriente de gran demanda se debía producir un cerdo con gran cantidad de grasa, sin embargo, estos cerdos eran mantenidos en instalaciones rústicas y vagaban libremente por potreros, alimentándose con desperdicios de cocina, agua, masas y con subproductos de cosechas, obteniendo dietas no balanceadas y demorando 12 o más meses para obtener 100 kg de peso y presentando una proporción de 50% de grasa y 50% de carne, sin embargo, con la evolución en las granjas porcícolas y el uso de aceites vegetales, la situación cambió radi-

calmente, lo que orientó la producción de cerdos a la obtención de carne, exigiendo que se obtuvieran cerdos con proporciones de 20% o menos de grasa y 78% de carne. Es por esto que en la actualidad, los porcicultores se preocupan por tener cerdos en ambientes higiénicos y confortables; tienen una mayor selección en las razas que reúnan las características más convenientes (precocidad, peso, resistencia a enfermedades, producción de carne, etc.) y en la compra de sus animales, además utilizan raciones balanceadas y realizan prácticas de manejo administrativo conducentes a obtener cerdos más pesados en el menor tiempo posible. Tal han sido los avances genéticos, al punto que no se habla ya de razas, sino de líneas genéticas, lo que indica el grado de especialización al que esta industria ha llegado (German *et al.*, 2005; Arbeláez y Cardona, 2009; FAO, 2010; Salas, 2012; Guerrero y Posada, 2015; Hoyos, 2015).

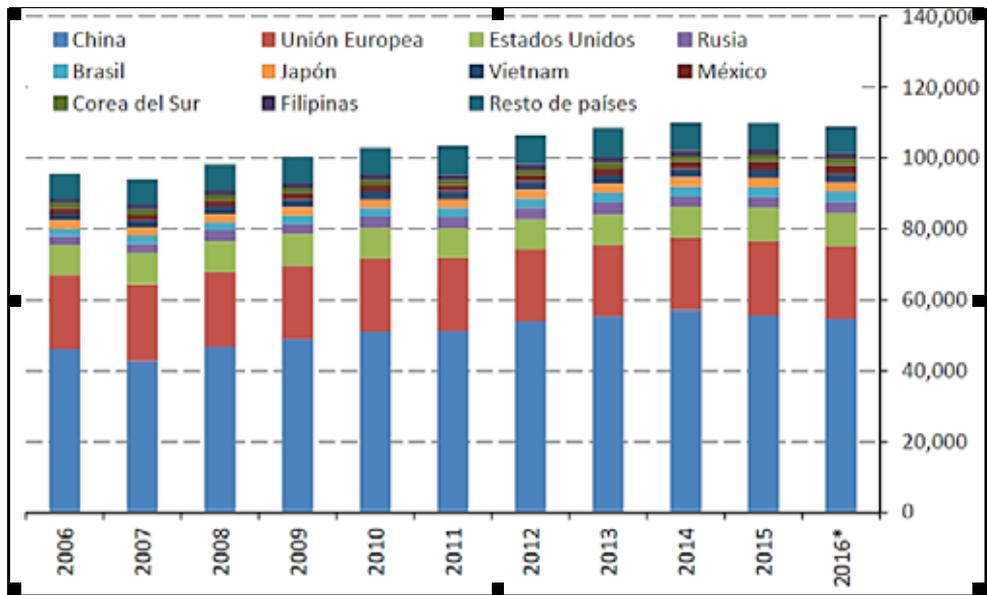
## Principales países productores de cerdo en el mundo

El censo mundial de ganado porcino es de aproximadamente 960 millones de cabezas, ubicándose alrededor de 60% en Asia, 20% en Europa, y 16% en América. La distribución de la producción porcina es heterogénea, y mientras China concentra alrededor de 50% del porcino mundial, otros países como los musulmanes no poseen producción porcícola. Durante 2016, 83.3% del consumo mundial de carne de cerdo se concentró en cuatro países y una región: China (50.1% del total mundial), Unión Europea (19.0%), Estados Unidos (8.7%), Rusia (2.8%) y Brasil (2.7%). En el caso de México, el consumo de carne de cerdo representa 2.1% del total mundial, con lo cual el país se ubica en el octavo sitio (Figura 1) (Bobadilla *et al.*, 2010; Gasa y López, 2015; FIRA, 2016).

Dentro de los mayores exportadores de carne de cerdo están la Unión Europea (Dinamarca, Alemania, Francia, Holanda y España), seguida por Estados Unidos de América (EUA), Canadá y Brasil, que en conjunto concentran 92.6% de las exportaciones mundiales. En 2016, la

Unión Europea tuvo una concentración de 34.1% de las exportaciones mundiales, es decir 2.6 millones de toneladas, lo que representó un crecimiento anual de 8.9% y en 2017 participó con 38.2% de las exportaciones mundiales, con un volumen de 3.3 millones de toneladas (FIRA, 2016; FIRA, 2017).

**Figura 1. Consumo mundial de carne de cerdo, 2006-2016 (miles de toneladas, equivalente en canal)**

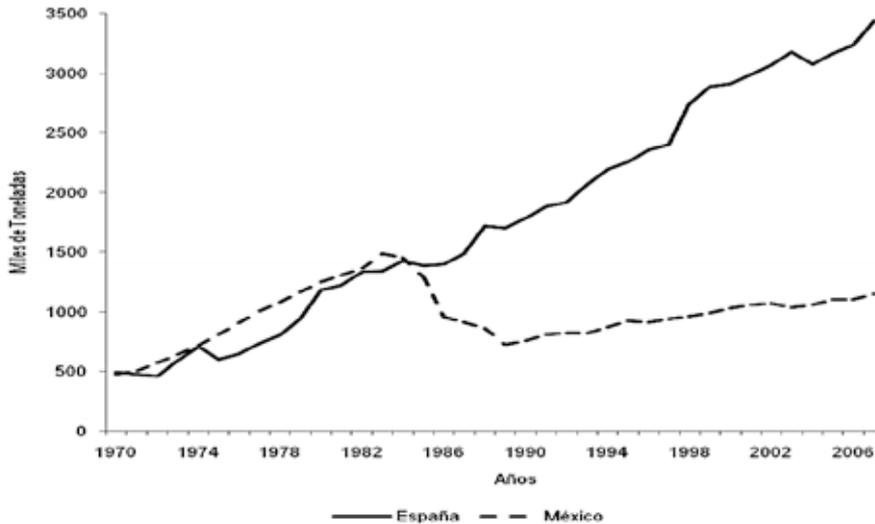


Fuente: FIRA, 2016.

Especialmente, la producción de carne en España ha conseguido posicionarse entre los más eficaces del mundo a pesar del déficit de cereales y oleaginosas para la alimentación animal. El inicio del despegue de la economía española fue después de la posguerra (a principios de 1960); fue en aquel momento donde factores como la mejora de la renta económica española, permitió el consumo de la carne en la dieta; cambios en la política de cereales y oleaginosas con desarrollo de nuevos cultivos como el maíz, girasol, soja y la apertura de las importaciones para producir carne con métodos intensivos y apoyos a la ganadería intensiva; aunado a la incorporación de nuevas tecnologías, utilización de razas especializadas en la producción de carne, desarrollo de alimentación y la transferencia de nuevas técnicas de manejo; y además el desarrollo de los sistemas de integración vertical en la cadena de producción, establecidos inicialmente entre ganaderos y fabricantes de alimento y vinculados después a las grandes operadoras de cereales o firma cárnicas, ayudaron a que su economía creciera rápidamente. Comparando con la tasa de crecimiento anual de México de 1990-2009, que había tenido un crecimiento de 2.3%, y a partir de 1984 se dejó de dar apoyos a los porcicultores, con lo que se merma esta producción. España registra una tendencia creciente desde 1970 a 2009 con un crecimiento medio anual de 4.9% (Figura 2); un poco debajo de Estados Unidos, que ocupa el segundo lugar como país exportador, y que para 2016 concentró 31.0% del total de las exportaciones mundiales, exportando 2.4 millones de toneladas (23% de sus exportaciones destinadas al mercado mexicano), en comparación con 2017, donde se concentró 28.4% del total de las exportaciones mundiales, con 2.5 millones de toneladas, lo que significó un incremento de 2.9% con respecto al volumen exportado en el 2016 (Figura 3) (Martínez *et al.*, 2012; FIRA, 2016; FIRA, 2017).

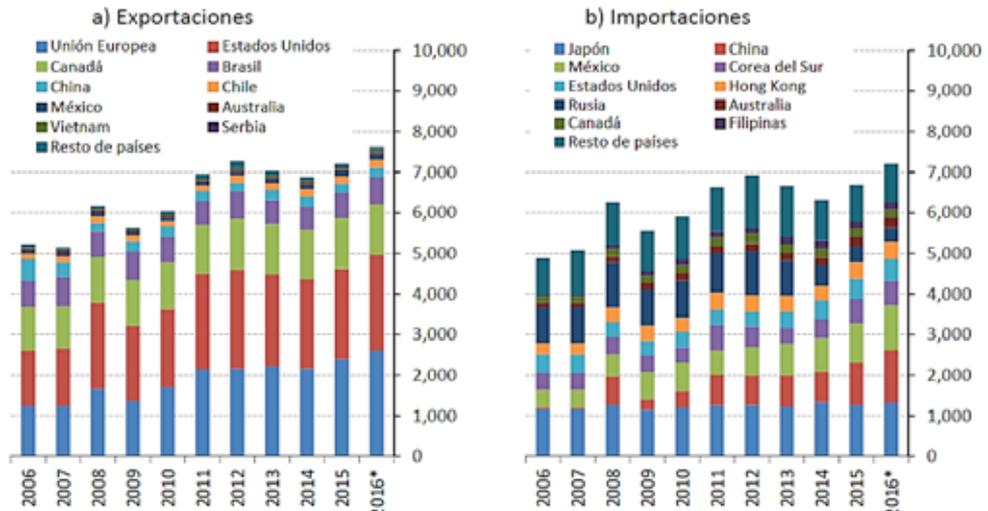
Por tanto, la situación del mercado porcícola en México está por debajo de otros países del mundo con tradición en producción porcina. Una de las consecuencias ha sido la pérdida de algunos productores que no pudieron mantenerse en el mercado, por ello, es necesario que las políticas gubernamentales mexicanas establezcan linamientos con el fin de apoyar al sector.

**Figura 2. Producción de carne de porcino México y España 1970-2009 (miles de toneladas)**



Fuente: Martínez *et al.*, 2012.

**Figura 3. Intercambio comercial de carne de cerdo, 2006-2016**

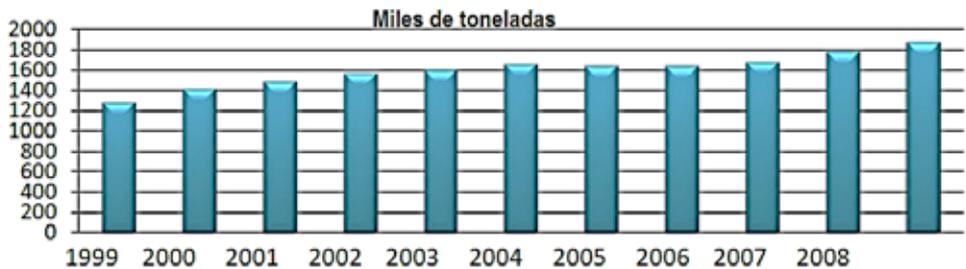


Fuente: FIRA, 2016.

## Impacto económico de la porcicultura en México

La industria porcina en México es una de las principales actividades económicas del subsector pecuario, y en las últimas dos décadas, la porcicultura mexicana enfrentó cambios significativos en el entorno económico en el cual se desarrolló, motivando variaciones en ritmos de crecimiento de la producción. Actualmente, el consumo de carne de cerdo ocupa el tercer lugar en importancia en la producción de carnes a nivel nacional, y representa la actividad productiva con mayor captación de la producción de granos forrajeros. La población mexicana consume anualmente 22 millones de cerdos, de los cuales, ocho se adquieren en el extranjero, principalmente en el mercado estadounidense (36.4%) (Figura 4) (Germán *et al.*, 2005; Rebollar *et al.*, 2014; Zavala, 2014).

**Figura 4. Consumo de carne de puerco en México, 1999-2009**



Fuente: Zavala, 2014.

La porcicultura en México, después de 1999, generaba alrededor de 56,000 empleos directos y 280,000 indirectos; diez años después (2009), generó alrededor de 350,000 empleos directos y 1.7 millones de empleos indirectos, y durante 2001 a 2010, el ingreso real de la producción

pecuaria en México creció 23.66%, del cual, la carne de porcino tuvo un crecimiento de 10.79% debido a los aumentos en la producción durante esta etapa y mejores precios de la misma (Zavala, 2014; Rebollar *et al.*, 2016).

En 2005, la producción de carne y productos porcinos en México fue de 1,427,886 toneladas, ubicando la participación del sector porcino como la tercera actividad en importancia en la producción de carnes; esta cifra representó un crecimiento de 3.6% respecto a 2004, pero un retroceso en términos de la participación de la carne nacional en el consumo, debido a que la carne importada es cada vez mayor. En 2006, México se ubicó como el 15° productor porcícola a nivel mundial, mientras que en 2009 ocupó uno de los primeros 10 lugares, aportando prácticamente 21% de la producción nacional de carnes (un 3% menor al nivel nacional que a principios de la década), es decir, los niveles de producción disminuyeron de 2006 a 2008. Para finales de 2010, el consumo nacional aparente de carne de cerdo rebasó las 1.9 millones de toneladas; este nivel de consumo significó un incremento de 8.3% con respecto a 2008 y, comparado con el periodo de 2000 a 2009, el consumo se incrementó a una tasa anual promedio de 3.4%. Durante 2011-2012, el precio promedio ponderado de la carne de porcino en canal se comportó de manera diferente entre las regiones, mientras que en el Noroeste y Noreste de México no registraron cambios significativos; en la Península de Yucatán el precio del producto se incrementó en 1.9%, en las regiones del Norte un 5.9% y Centro-Este 3.5%, teniendo un incremento de 37.5% en 2012. En 2016 los precios promedios al productor crecieron 0.8% con respecto a 2015 y en febrero de 2017 el precio del ganado vivo pagado al productor alcanzó su nivel máximo con 26.95 pesos/kilogramo, lo que significó un incremento anual de 14.4% (Nava *et al.*, 2009; SIAP, 2013; Zavala, 2014; FIRA, 2017).

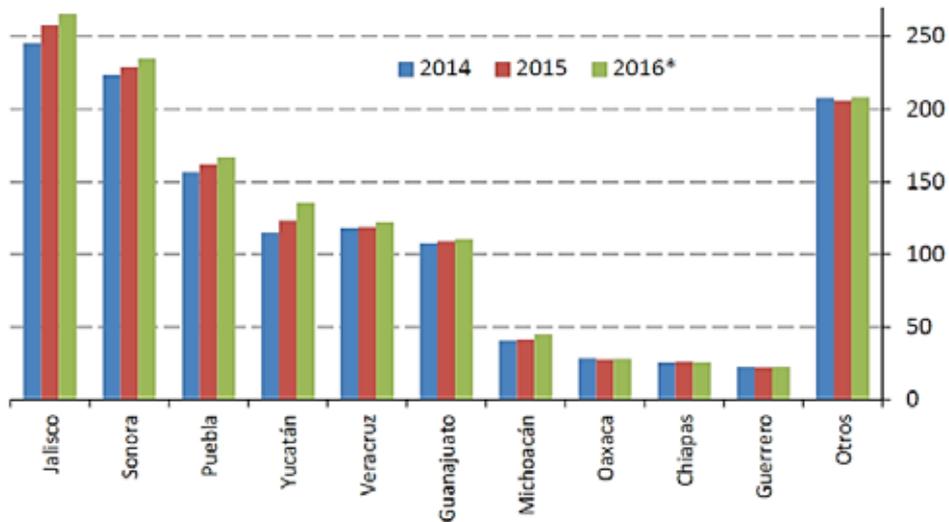
## Principales estados porcicultores en México

La competencia de la porcicultura nacional con los mercados externos, tanto con importaciones como con exportaciones de carne, ha enfrentado a los porcicultores mexicanos a los precios internacionales, lo que ha exigido que las empresas sean tecnológicamente eficientes y con mayores niveles de escala de operación para ser rentables y competir con porcicultores de todo el mundo (Pérez *et al.*, 2010).

Los principales estados productores de carne de cerdo en canal son: Jalisco, Sonora, Puebla, Guanajuato, Yucatán y Veracruz, quienes conjuntamente generaron alrededor de 76.5% de la producción de carne de cerdo nacional en 2016. La concentración de la producción es cada día más evidente y, de hecho, dos entidades (Sonora y Jalisco) concentran alrededor de 40% de la producción nacional, mientras que el resto (57.3%) de la producción nacional se concentra en cinco identidades. Es importante señalar la división que se determina en las dos principales entidades productoras, ya que mientras Sonora muestra una clara orientación en los procesos de exportación, Jalisco se enfoca al abasto nacional, por lo que no logra abastecer la producción nacional y se tiene que exportar carne de menos calidad, principalmente de EUA. Durante 2015, en Jalisco se produjo 19.5% del total nacional; en Sonora, 17.3%; 12.2% en Puebla; 9.3% en Yucatán, y en Veracruz, 9% de la producción nacional del cárnico. Para 2016, hubo un crecimiento en estas principales siete entidades productoras de carne, destacando el crecimiento de 10% anual en la producción de Yucatán. Por otro lado, la producción agregada de Oaxaca, Chiapas y Guerrero aumentó en 0.2 por ciento anual; se puede observar que los estados con mayor presencia de productores tecnificados es donde la producción no sólo se mantiene, sino que inclusive muestra expansión, en tanto que en aquellas entidades en las que la base productiva se sustenta en pequeños y medianos productores, persisten deficiencias en sus volúmenes de producción, lo que da pie a impulsar a estos productores, diseñando estrategias para capacitarlos y

hacerles llegar biotecnologías que les permitan aumentar su producción (Figura 5) (Sagarpa, 2009; Díaz y Rodríguez, 2010; Zavala, 2014 FIRA, 2016; FIRA, 2017).

**Figura 5. Principales estados productores de carne de cerdo, 2014-2016**



Fuente: FIRA, 2016.

## Situación de la porcicultura en México

La porcicultura en México ha pasado por diversos periodos. En 1983 alcanzó su punto más alto en inventario y producción, sin embargo, las políticas macroeconómicas y sectoriales adoptadas por México en las últimas dos décadas, causaron una modificación en la estructura productiva de la porcicultura nacional, y a partir de 1984 comenzó a decaer;

se menciona que la porcicultura de México ha pasado por cuatro etapas relacionadas con factores socioeconómicos y políticos que se presentaron en el país (Zavala, 2014; Rebollar *et al.*, 2015).

La primera etapa (desde principios de 1900 hasta 1972) comenzó con la entrada de razas mejoradas y una producción de traspatio. De 1940 a 1950 la porcicultura fue la segunda fuente de abastecimiento de carne, aportando cerca de 20% de la producción de carne del país, con 67,000 toneladas. Durante este periodo, el gobierno estableció un programa de mejoramiento genético porcino, pero por falta de asistencia técnica y de infraestructura produjo un cruzamiento no controlado dando origen al “cerdo corriente”. Durante la década de 1960, el promedio de crecimiento anual fue superior a 4% (Zavala, 2014)

En la segunda etapa (de 1972 a 1983), la porcicultura presentó las tasas más elevadas de crecimiento del sector pecuario. En 1970 existían en el país casi 10 millones de cerdos, y para 1983 la producción se elevó a 15.3 millones; el valor de producción paso de 573 mil a 1,485,000 toneladas en 1983, es decir, un aumento de 159% en tan sólo 13 años, convirtiéndose en el sistema ganadero más importante del país (por volumen de producción), garantizando satisfacer la demanda interna. En esta etapa surgen los sistemas modernos de producción, sobre todo, en el estado de Sonora. El consumo *per cápita* se elevó de 11.2 a 21 kg. Este crecimiento fue debido al incremento del mercado interno, sobre todo en las zonas urbanas, también gracias a subsidios hasta de 60% del insumo principal (el sorgo), y por una política proteccionista que fortalecía y aseguraba el mercado de esta producción (Gómez *et al.*, 2011; Zavala, 2014).

La tercera etapa (de 1984 a 1997) consistió en una decadencia originada por los fenómenos económicos ocurridos en esa época. Después de 1983, la actividad porcina fue disminuyendo al mostrar gran vulnerabilidad ante cambios económicos que sufrió el país; el proceso inflacionario ocurrió durante esa década ocasionó un alza de costos de producción y deterioro del poder adquisitivo; además, el gobierno retiró subsidios e

inicio la apertura comercial en 1988. La crisis financiera de 1992 llevó a un aumento en la inflación y se elevaron los costos, ocasionando que los alimentos de origen animal fueran sustituidos por los de origen vegetal, con un crecimiento en el consumo de carne de pollo, pues era más barata que la carne de cerdo (Gómez *et al.*, 2011; Zavala, 2014; Cruz y García, 2014). En 1995, el gobierno retiró el subsidio al sorgo, lo que elevó aún más los costos de producción y redujo el inventario, la producción y el consumo de cerdo. Un aspecto determinante para este periodo, fue la ruptura de la política proteccionista en 1982 y el ingreso en el General Agreement on Tariffs and Trade (GATT), actualmente Organización Mundial de Comercio (OMC), y en 1993 México firmó el Tratado de Libre Comercio con América del Norte (TLCAN), en el que se negoció el libre comercio del sector ganadero, lo que impactó en el desarrollo del sector agropecuario, en especial en el sector porcícola, dejando en desventaja a los productores mexicanos debido a que surgió la porcicultura tecnificada e integrada que mantenía cerdos libres de fiebre porcina clásica y, al no tener las tecnificaciones en las producciones porcícolas, los productores internos no podían competir con las importaciones crecientes, dando lugar a un aumento en las importaciones pecuarias y reduciendo la planta productiva, generando un alto índice de desempleo, disminución en la producción y consumo. Sin embargo, para el estado de Sonora brindó oportunidades para comenzar la exportación de carne de cerdo a Japón. Para 1996 la producción porcina fue de 910,290 toneladas (Gómez *et al.*, 2011; Zavala, 2014; Rebollar *et al.*, 2015).

Durante la cuarta etapa (a partir de 1998), las importaciones de carne de cerdo en 1998 fueron de 31,044 toneladas; para el 2000 la producción nacional de carne de porcino en canal fue de 1,030.30 miles de toneladas, de las cuales se exportaron 46,300 toneladas y se importaron 274,900 toneladas, principalmente de EUA, y para 2004 se importaron 612,548 toneladas, con lo que se pudo observar que con el ingreso al TLCAN las importaciones fueron creciendo, mientras que la producción nacional disminuyó. El cerdo importado es de inferior calidad en com-

paración al producido en el territorio nacional, ya que por lo general el importado llega congelado y registra notable pérdida de agua, además de que su periodo de descomposición es mayor, y a su vez, la carne que se produce en México atraviesa por varios procesos de Tipo Inspección Federal (TIF) que aseguran una mayor calidad (Díaz *et al.*, 2007; Gómez *et al.*, 2011; Zavala, 2014; Rebollar *et al.*, 2015). En 2005, la producción y las exportaciones presentaron una tasa media de crecimiento anual (TCMA) de 1.37 y 0.08%, mientras que las importaciones y el consumo nacional aparente tuvieron TCMA de 6.38 y 2.89% respecto al 2000 (Rebollar *et al.*, 2015). Para finales del 2006, la producción se ajustó a la baja, manifestando un ligero crecimiento de 0.5%, para ubicarse en 1,102,941 toneladas. En el 2007, la producción fue de 1,142,000 toneladas, este volumen resultó 3.9% superior al de 2006. En 2008, se obtuvo una producción de 1,148,869 toneladas (Sagarpa, 2009). En 2011, la balanza comercial mexicana de carne de porcino fue deficitaria en una relación aproximada de 10:1, por una tonelada de carne porcina exportada se importaron 10 toneladas; las importaciones fueron 726,500 toneladas, mientras que las exportaciones fueron de 67,500 toneladas. Este déficit comercial se explicó como consecuencia de la combinación de dos factores: incremento sostenido del consumo nacional y *per cápita*, y estancamiento de la producción doméstica (Rebollar *et al.*, 2015). En 2015, la producción alcanzó un nivel de 1.32 millones de toneladas de carne en canal, obteniendo durante la década de 2006 al 2015 un crecimiento promedio anual de 2.0%; mientras que en la actualidad dicho sector mantiene una tasa media anual de desarrollo de 3.8% en los últimos años; por lo que ha sido necesario importar más de 30% del consumo nacional, aunque una parte de la producción nacional es exportada (Cuadro 1) (FIRA, 2016).

En tanto que las exportaciones, principalmente de Sonora a Japón, fueron 35,907 toneladas de productos porcinos en 2002, generando una ganancia para el estado de más de 12 millones de dólares americanos, y para 2006 ya se exportaban hasta 50,200 toneladas (Cervantes *et al.*,

2007; Zavala, 2014). Con el aumento de precios de las materias primas y el desplome del consumo del cerdo, debido a una sobreoferta mundial de carne de cerdo en 2007, se provocó una crisis en la producción mexicana, ocasionando que los productores demandaran al Gobierno Federal la aplicación de aranceles a las importaciones de carne de estas especies para evitar el cierre masivo de granjas porcinas; para 2008, el Consumo Nacional Aparente (CNA) fue de 1.6 millones de toneladas y la disponibilidad *per cápita* 151.1 kg. La apertura comercial ha propiciado una depuración de la actividad, se calcula el retiro y cierre de granjas en aproximadamente 40%, por no poder enfrentar las condiciones de los mercados externos de carne porcinos, lo que ha producido cambios en los estratos de producción, siendo los más afectados aquellos del estrato semitecnificado que se redujo de 20% a 50%, aumentando el tecnificado de 20% a 57%, mientras que los productores de traspatio se han mantenido prácticamente estables en 30% (Gómez *et al.*, 2011; Zavala, 2014). Para 2013, México exportó a Japón 66,575.66 toneladas; para el cierre de ese mismo año, las exportaciones de carne de cerdo superan las 86,294 toneladas, lo que implica un aumento de 3% en relación con las 84,090 toneladas que se colocaron en el mercado durante 2012 (Pérez *et al.*, 2010; Sagarpa, 2014). 2016 se importaron 754.7 mil toneladas y se exportaron 105 mil toneladas, registrándose un saldo deficitario por 649.7 mil toneladas (FIRA, 2017), pudiendo observar que mientras la producción interna, a partir de 2002, crecía lentamente, las importaciones y exportaciones de carne de cerdo aumentaban, dejando el consumo interno desprotegido.

**Cuadro 1. Producción, importaciones, exportaciones y consumo nacional aparente de 2000- 2015 (miles de toneladas)**

AÑO	PRODUCCIÓN	IMPORTACIONES	EXPORTACIONES	CONSUMO NACIONAL APARENTE
2000	1,030.0	375.0	46.3	1,358.6
2001	1,057.8	396.0	47.4	1,406.4
2002	1,070.2	427.8	47.9	1,450.2
2003	1,035.3	460.1	38.4	1,457.0
2004	1,064.4	554.7	41.4	1,577.6
2005	1,102.9	510.5	46.5	1,566.9
2006	1,108.9	532.2	51.8	1,589.3
2007	1,152.0	537.8	62.4	1,627.3
2008	1,160.7	613.8	70.4	1,704.1
2009	1,162.4	736.4	55.1	1,843.7
2010	1,174.6	758.2	60.8	1,872.0
2011	1,170.7	796.2	60.0	1,906.2
2012	1,228.9	746.1	58.0	1,917.0
2013	1,255.0	757.3	57.0	1,955.3
2014	1,304.7	757.4	57.0	2,005.1
2015	1,343.5	765.5	56.0	2,053.0

Fuente: Alonso y Rodríguez, 2016.

## Acciones que han mermado la porcicultura en México

En una economía tan abierta como la mexicana (12 tratados, que representan acuerdos con 18 países y la Unión Europea), sobre todo tan poco protegida, cualquier actividad económica está sujeta al entorno inter-

nacional; la carne de cerdo es un producto relativamente estandarizado que se comercializa en el mercado internacional con base a su precio, calidad y la confiabilidad de su entrega, por lo que el análisis de estos elementos es fundamental para la porcicultura mexicana, ya que de ellos depende la estabilidad del sector, en donde influyen también factores como los precios internos de los productos pecuarios, la demanda y ofertas globales de productos cárnicos, los cambios de la situación sanitaria mundial, y finalmente a las fluctuaciones de los precios de los insumos, principalmente maíz, sorgo y pasta de soya, dado que al ser insuficiente la oferta de granos producidos en el país para la producción de alimentos balanceados, en el 2006, se estimó que la industria de alimentos importó 69% de los granos forrajeros (maíz o sorgo), y más de 90% de las semillas oleaginosas, lo que afectó directamente a la industria porcina, pues es el segundo demandante de estos insumos. Dada esta apertura comercial internacional, el sector porcino mexicano se enfrenta a un mercado que presenta tres características principales: 1) productores altamente eficientes, lo que permite reducir sus costos de una forma dinámica; 2) productores con altos niveles de apoyos y subsidios, directos e indirectos, que provocan excedentes artificiales de producción, y que no son consumidos en los países de origen, por lo que saturan los mercados internacionales, trayendo consigo el desplome de los precios; 3) mercados fuertemente protegidos a las importaciones, obligando a la planta productiva nacional a mantenerse en niveles competitivos (Nava *et al.*, 2009; Pérez *et al.*, 2010).

En suma, algunos aspectos relacionados con los cambios en la política económica, pasando de una política proteccionista a una abierta, la inflación y su impacto sobre el salario y el desempleo, al igual que el impacto de los brotes epidémicos, como el de la influenza porcina (A (H1N1)), en 2009, que redujo el consumo en 90% y produjo pérdidas de hasta 600 millones de pesos en una semana, han tenido impactos sobre la porcicultura en México, y sobre todo en el estrato semitecnificado de la industria. Por lo anterior, una de las principales dificultades que enfren-

tan los productores porcinos (pequeños y medianos) en México es que las economías de escala, en relación con la producción de carne de cerdo, están sacando del mercado a los pequeños productores, pues no son capaces de competir con los precios de importaciones provenientes de los Estados Unidos de América, lo que los ha orientado a la descapitalización. De manera que la única forma de impulsar el crecimiento y desarrollo de esta industria es por medio de la innovación de tecnología en mejoramiento genético, así como modernizar los sistemas de producción e incorporar nuevas tecnologías y el uso de técnicas de reproducción asistida que permita mejorar genéticamente a los cerdos en las pequeñas y grandes producciones, tales como la inseminación artificial, en donde el uso de semen conservado mediante la utilización de bajas temperaturas logra reanimar las células después de un largo periodo, sin perder su capacidad fecundativa y, posteriormente, hacer una inseminación artificial efectiva; así mismo lograr el ingreso en los mercados extranjeros como estrategia para asegurar la sobrevivencia de la empresa, además de competir y generar riqueza social (Zavala, 2001; Gadea, 2004; Torres *et al.*, 2014; Yan *et al.*, 2017).

## CONCLUSIONES

La porcicultura mexicana ha pasado por grandes cambios desde 1972, época en la que era un sector que generaba una fuente importante de ingresos a la población y tenía un transcendental papel en la producción de cerdo a nivel mundial; sin embargo, a partir de 1984, fecha en la que el gobierno mexicano canceló los subsidios en este sector y abrió su mercado a nivel internacional, decayó de forma considerable.

Desde de 1984 se ha observado una caída paulatina del mercado porcícola, de tal manera que es necesario que el gobierno mexicano apoye a la porcicultura nacional mediante el fomento y promoción de buenas prácticas en el sector; así como la promoción de biotecnologías reproductivas que favorezcan la productividad de la porcicultura nacional.

## BIBLIOGRAFÍA

- Arbeláez, P. y C. Cardona, 2009, *Implementación de un esquema de comercialización de semen porcino para el suroeste antioqueño. Monografía presentada como requisito parcial para optar el título de Especializante en Gestión Empresarial*, Escuela de Ingeniería de la Organización Especialización en Gestión empresarial, Universidad Nacional de Colombia, Colombia.
- Bobadilla, E. *et al.*, 2010, "Dinámica de la producción porcina en México de 1980 a 2008", en *Rev. Mex. Pecu.*, 2(3): 251-268.
- Cervantes, J. *et al.*, 2007, "Estrategias para el aprovechamiento de desechos porcinos en la agricultura", en *Revista Latinoamericana de Recursos Naturales* 3(1): 3-12.
- Cruz, J. y R. García, 2014, "El mercado de la carne de bovino en México, 1970-2011", en *Estudios Sociales* 22(43): 89-110.
- Díaz, M. *et al.*, 2007, "El mercado de la carne de cerdo en canal en México", en *Revista Análisis Económico* 51(22): 273-287.
- Díaz, C. y L. Rodríguez, 2010, "Análisis de la oferta y demanda de la carne de cerdo en canal en México, 1980-2009", en *Paradigma Económico* 2(2): 41-57.
- FAO, 2010, *Manejo Sanitario Eficiente de los Cerdos. Cartilla básica No.2, Programa Especial para Seguridad Alimentaria (PESA)*, Nicaragua: 1-40.
- FIRA, 2016, "Panorama Agroalimentario", en [https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/200634/Panorama\\_Agroalimentario\\_Carne\\_de\\_Cerdo\\_2016.pdf](https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/200634/Panorama_Agroalimentario_Carne_de_Cerdo_2016.pdf), consultado 14/06/2017.
- FIRA, 2017, "Panorama Agroalimentario", en <http://www.ugrpg.org.mx/pdfs/Panorama%20Agroalimentario%20Carne%20de%20cerdo%202017.pdf>, consultado 13/12/2017.
- Gadea J., 2004, "El uso de semen porcino congelado", en *Mundo ganadero* 169: 60-62.

- Gasa, J. y S. López, 2015, *Iniciación a la producción y manejo del ganado porcino*, Breve manual de inmersión para estudiantes de veterinaria, Iniversitat Autònoma de Barcelona, España.
- Germán, C. *et al.*, 2005, Manual del participante: Producción de cerdos. Colegio de Postgraduados, México.
- Gómez, G. *et al.*, 2011, "Effect of the tariffs in the competitiveness of the Mexican pork industry", en *Tropical and Subtropical Agroecosystems* 14(2011): 537-542.
- Guerrero J. y C. Mario, 2015, Mejorar el manejo de lavazas con las que se alimenta a los cerdos de la granja porcícola de la cárcel de Palmira, Trabajo de grado presentado como requisito para optar el título de Tecnólogo en Producción Animal, Escuela de ciencias agrícolas, pecuarias y medio ambiente, Universidad Nacional Abierta y a Distancia "UNAD", Colombia.
- Hoyos, 2015, *Inseminación tradicional vs pos cervical en cerdas de alto valor genético*, Trabajo de grado para optar al título de Zootecnista, Facultad de Ciencias Administrativas y Agropecuarias, Colombia.
- INEGI, 2015, "Guía para la interpretación de cartografía: uso de suelo y vegetación: escala 1:225, 000: serie V", en [http://www.inegi.org.mx/geo/contenidos/recnat/usosuelo/doc/guia\\_interusosuelov.pdf](http://www.inegi.org.mx/geo/contenidos/recnat/usosuelo/doc/guia_interusosuelov.pdf), consultado 8/06/2017.
- Martínez, F. *et al.*, 2012, *Puebla, Memorias del 13er Congreso Nacional de Investigación Socioeconómica y Ambiental de la Producción Pecuaria*, 18 y 19 de octubre, 2012, Colegio de Postgraduados, México.
- Nava, J. *et al.*, 2009, "Impactos del nivel tecnológico en le eficiencia productiva y variables económicas, en granjas porcinas de Guanajuato, Jalisco, Sonora y Yucatán", en *Téc Pecu Méx* 47(2): 157-172.
- Peña, D., 2011, *Guía de manejo para la cría de cerdas para reemplazo con inseminación artificial en trópico alto*, Caldas, Trabajo de grado para optar por el título de industrial pecuario, Facultad de Ciencias Administrativas y Agropecuarias, Colombia.

- Pérez, F. *et al.*, 2010, "Efecto de las importaciones de carne de porcino en el mercado mexicano, 1961-2007", en *Rev Mex Cienc Pecu* 1(2): 115-126.
- Rebollar, A. *et al.*, 2014, "Comportamiento de la oferta y demanda regional de carne de cerdo en canal de México, 1994-2012", en *Rev. Mex. Cienc. Pecu* 5(4): 377-392.
- Rebollar, A. *et al.*, 2015, "Regional dynamics of pork production in México, 1994-2012", en *Agrociencia* 49(4): 455-473.
- Rebollar, A. *et al.*, 2016, "Crecimiento y especialización regional del sector pecuario en México, 1994 a 2013", en *Rev Mex Cienc Pecu* 7(3): 391-403.
- Sagarpa, 2009, "Situación actual y perspectiva de la producción de carne de porcino en México", en <http://cva.org.mx/files/SITUACION%20ACTUAL%20PORCICULTURA%2009.pdf>, consultado 01/06/2017.
- Sagarpa, 2014, "México exportó 86 mil 294 toneladas de carne de cerdo en 2013", en <http://www.sagarpa.gob.mx/saladeprensa/2012/Paginas/2014B401.aspx#>, consultado 09/06/2017.
- Salas, C., 2012, *Características, distribución y perspectivas del cerdo criollo en América Latina, Coahuila*, Monografía presentada como requisito parcial para obtener el título de Ingeniero Agrónomo Zootecnista, Departamento de Producción Animal, Universidad Autónoma Agraria "Antonio Narro", México.
- SIAP, 2013, "Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. Información de mercados", en [http://www.siap.gob.mx/?option=com\\_content&view=article&id=181&Itemid=426](http://www.siap.gob.mx/?option=com_content&view=article&id=181&Itemid=426), consultado 28/06/2017.
- Torres, P. *et al.*, 2014, "Análisis de diluyentes comerciales de semen porcino refrigerado durante 4 días: resultados preliminares", en *Arch. Zootec* 63(243): 547-550.
- Yan, Z. *et al.*, 2017, "Cryopreservation of boar sperm induces differential microRNAs expression", en *Cryobiology* 76: 24-33.
- Z., Aide, 2014, *Propuesta de innovación tecnológica para la industria porcina en el estado de Jalisco*, Tesis para obtener el grado de Maestro en Ciencias, Instituto Politécnico Nacional, México.

# Guía para autores <sup>1</sup>

Sociedades Rurales, Producción y Medio Ambiente

## Tipo de contribución

1. Artículos de investigación
2. Notas de investigación
3. Ensayos y revisiones bibliográficas
4. Reseñas de libros y comentarios

Los *Artículos de investigación* deben reportar resultados de investigaciones originales y no haber sido entregados para su publicación en cualquier otro medio. Los artículos no deben rebasar más de 30 cuartillas manuscritas incluyendo figuras, cuadros, referencias, etc.

Las *Notas de investigación* son una descripción concisa y completa de una investigación limitada, la cual no puede ser incluida en un estudio posterior.

La *Nota científica* debe estar completamente documentada por referencias bibliográficas y describir la metodología empleada como en un artículo de investigación. No deberá exceder las 15 cuartillas, incluyendo figuras, cuadros y referencias.

Los *Ensayos y revisiones bibliográficas* deben incluir un tema de interés actual y relevante. Estos trabajos no deben exceder las 20 cuartillas.

<sup>1</sup> Para mayores detalles revisar esta guía en extenso en la página web de la revista: <http://xoc.uam.mx/>

Las *Reseñas de libros* pueden ser incluidas en la revista en un rango de libros relevantes que no tengan más de 2 años de haber sido publicados. Las reseñas no deben exceder las 6 cuartillas.

## Presentación de textos

La presentación implica que todos los autores autorizan la publicación del documento y que están de acuerdo con su contenido. Al aceptar el artículo la revista puede cuestionar a el (las, los) autor(as, es) para transferir el derecho de su artículo a la editorial.

Los trabajos para consideración pueden ser enviados de dos formas:

1. Archivo electrónico. Se enviará en documento de word como un archivo adjunto al correo electrónico [aalvarez@correo.xoc.uam.mx](mailto:aalvarez@correo.xoc.uam.mx). Mediante la misma vía se realizará el acuse de recibo.
2. Documento impreso (papel). Se enviarán las copias impresas por mensajería a:

Adolfo Álvarez Macías

Director Editorial

Revista *Sociedades Rurales, Producción y Medio Ambiente*

Edificio 34, 3° piso, Universidad Autónoma Metropolitana-Xochimilco.

Calzada del Hueso 1100, Colonia Villa Quietud, CP 04960, México, D.F.

Tel: 5483-7230 y 31

## Archivo electrónico

Se enviará el trabajo en dos archivos adjuntos. El primero incluirá el texto completo; el segundo, en caso de existir, las gráficas, tablas o figuras. El documento deberá tener los cuatro márgenes de 2.5 centímetros y nume-

rarse de manera continua todos los renglones. El tipo de letra será Arial, tamaño 12 puntos a espacio de 1.5 de interlínea. Las cuartillas deberán estar numeradas.

### ***Documento impreso***

Para la consideración inicial del texto, es necesario enviar tres copias impresas en total, adjuntando las versiones electrónicas. Posterior a la aceptación final, deberá enviarse en un disco compacto (CD) con dos archivos: la versión final y una sugerencia de cómo quedaría impreso. En la etiqueta del disco, es necesario indicar el nombre de los archivos así como de los autores.

#### Preparación y consideraciones generales para el manuscrito

1. El texto deberá ser escrito en español, inglés o francés.
2. Si se decide enviar el documento impreso, es necesario adjuntar las ilustraciones originales y dos juegos de fotocopias (tres impresiones de una fotografía).
3. Deberá tener las líneas numeradas, incluyendo resumen, pies de página y referencias.
4. El texto deberá tener el siguiente orden:
  - Título (Claro, descriptivo y corto).
  - Nombre de el (las, los) autor (as, es).
  - Teléfono, correo electrónico y fax del primer autor para recibir correspondencia.
  - Dirección actual de el (las, los) autor (as, es).
  - Resumen.
  - Palabras clave (términos indexados) de 3 a 6.
  - Introducción.
  - Descripción del área, métodos y técnicas.

- Resultados.
- Discusión.
- Conclusión.
- Agradecimientos y reconocimientos.
- Referencias.
- Cuadros.
- Mapas o anexos diversos.

Nota: El título y subtítulo deberán estar en líneas diferentes sin sangrías. Se utilizarán altas y bajas; se escribirá con mayúsculas el carácter inicial y los nombres propios.

5. Se deben utilizar unidades del Sistema Internacional (SI).

## Resumen

El resumen deberá ser claro, descriptivo y contener no menos de 800 ni más de 900 caracteres sin considerar los espacios para cada uno de los idiomas en que se presente. Se deberá incluir el resumen en español.

Es conveniente incluir en el resumen los resultados más significativos así como las principales conclusiones.

## Cuadros

1. El autor deberá tener en cuenta las limitaciones en tamaño y presentación de la revista. Deberán evitarse cuadros largos, y exceder las dimensiones de una cuartilla (21 x 27,9 centímetros). El cambiar columnas y renglones puede reducir la dimensión del cuadro.
2. Los cuadros se enumeran de acuerdo a su secuencia en el texto y en números arábigos. El texto debe incluir la fuente de todos los cuadros.
3. Cada cuadro estará impreso en una cuartilla separada del texto.
4. Cada cuadro debe tener un título corto y autoexplicativo. El tipo de

- letra deberá ser el mismo que el utilizado en el texto (arial, 12 pts. ) y colocarse al centro y arriba.
5. Los cuadros elaborados deberán ser propios con base en la información generada por los (as) autores (as). Si llegasen a utilizar información secundaria, deberá darse el crédito correspondiente a la fuente utilizada.

## Ilustraciones

1. Todas las ilustraciones (mapas, líneas de dibujo y fotografías) deberán enviarse por separado, sin marco y ajustarse al tamaño de una cuartilla (21 x 27.9 cm).
2. Las ilustraciones deberán ser secuenciadas con números arábigos de acuerdo al texto. Las referencias deben ser hechas en el texto para cada ilustración.
3. Las ilustraciones que contengan texto deberán estar en Indian ink o en etiquetas impresas. Asegurarse que el tamaño del caracter sea lo bastante grande para permitir una reducción del 50% sin volverse ilegible. Los caracteres deberán estar en español, inglés y francés. Usar el mismo tipo de caracter y estilo de la revista.
4. Cada ilustración debe tener una leyenda.
5. Las fotografías sólo son aceptables si tienen un buen contraste e intensidad. Las copias deben ser nítidas y brillantes.
6. Pueden enviarse ilustraciones a color, pero deberá tomarse en cuenta que serán convertidas en escala de grises para su publicación.
7. El formato de entrega será tiff o eps en alta resolución (300 dpi a tamaño carta o proporcional para su manejo).

## Referencias

1. Todas las publicaciones citadas a lo largo del documento deberán ser presentadas con datos en la lista de referencias al final del texto.

2. Dentro del texto, al referirse a un autor (as, es) deberá hacerse sin inicial seguido del año de publicación y, de ser necesario, por una referencia corta sobre las páginas. Ejemplo: “Desde que Martínez (2007) demostró que...”, “Esto coincide con resultados posteriores (Sánchez, 2009: 20-21)”.
3. Si la referencia que se indica en el texto es escrita por más de dos autores, el nombre del primer autor será seguido por “et al.” o “y colaboradores”. Esta indicación, sin embargo, no deberá ser usada en la lista de referencias ni en itálicas.
4. La lista de referencias deberá indicarse en orden de acuerdo al apellido de el (as, os) autor (as, es), y cronológicamente por autor.
5. Usar el siguiente sistema para indicar las referencias:

*a. De publicación periódica*

Gligo, N., 1990, “Los factores críticos de la sustentabilidad ambiental del desarrollo agrícola”, *Comercio Exterior*, 40(12):135-142.

*b. Editado en Simposium, edición especial etc, publicación en periódico*

CIAT-UNEP, 1995, Marco conceptual para el desarrollo y uso de indicadores ambientales y de sustentabilidad para toma de decisiones en Latinoamérica y el Caribe, Documento de discusión, Taller regional sobre uso y desarrollo de indicadores ambientales y de sustentabilidad, PNUMA, México.

*c. De libros*

Sassen, S., 1999, *La ciudad global*, EUDEBA/Universidad de Buenos Aires, Argentina.

*d. De un capítulo en libro*

Muñoz, O., 1991, “El proceso de industrialización: teorías, experiencias y políticas”, en Sunkel, O., (comp.), *El desarrollo desde dentro*, Lecturas, núm. 71, FCE, México.

#### e. De tesis

Evangelista, O. y C. Mendoza, 1987, *Calendarios agrícolas en cuatro ejidos del Municipio de Coxquibui, Veracruz*, tesis de Licenciatura en Biología, Facultad de Ciencias, UNAM. México.

#### f. De referencias de sitios

Banco Central de la República Argentina, 2005. "Entidades Financieras: Información por entidad", disponible en <http://www.bcr.gov.ar/comunes/p0003.asp>, consultado el 23/01/2005. Fecha última actualización: 07/01/2005. Unión Cívica Radical: Comité Nacional (UCR Web). Disponible en: <http://www.ucr.org.ar/>, consultado el 28/10/2000.

#### g. De artículos de publicaciones periódicas en bases de datos

Schrader, A., 1999, "Internet Censorship: Issues for teacher-librarian", en *Teacher Librarian*, vol. 26, núm. 5, Academic Search Elite, pp. 8-12, disponible en <http://www.epnet.com/ehost/login.html>, consultado el 28/11/2000.

Para otros ver detalles en página web de la revista.

## Fórmulas

1. Las fórmulas deberán ser escritas de acuerdo a los estándares de la revista. Dejar un espacio amplio alrededor de las fórmulas.
2. Los subíndices y superíndices deberán ser claros.
3. Los caracteres griegos y otros no latinos o símbolos escritos a mano deberán ser explicados e indicar su significado al margen de la página en donde aparecen por primera vez. Tener especial cuidado para mostrar claramente la diferencia entre un cero (0) y el caracter O y entre el 1 y el caracter I.
4. Para indicar fracciones simples, utilizar la diagonal (/) en lugar de una línea horizontal.

5. Enumerar, en paréntesis, las ecuaciones a la derecha. En general, sólo las ecuaciones explícitamente referidas en el texto, necesitan ser numeradas.
6. Se recomienda el uso de fracciones en lugar de signos de raíz.
7. Los niveles de significancia estadística que son mencionados sin más explicación son  $P < 0.05 = *$ ,  $P < 0.01 = **$  y  $P < 0.001 = ***$
8. En las fórmulas químicas, las valencias de los iones deberán indicarse, por ejemplo, como  $\text{Ca}^{2+}$  y no como  $\text{Ca}^{++}$ .

## Pie de página

1. Se recomienda hacer los pies de página a través de un procesador de textos.
2. En caso de utilizarlos, deberán numerarse en el texto, indicando el número como superíndice y que sean tan cortos como sea posible. El tamaño del carácter será de 8 pts.

## Nomenclatura

1. Los autores y editores aceptarán las normas de nomenclatura biológica vigente.
2. Todos los seres vivos (cultivos, plantas, insectos, aves, mamíferos, etc.) deberán ser identificados por sus nombres científicos, con excepción del nombre común de animales domésticos.
3. Todos los seres vivos y otros compuestos orgánicos deberán ser identificados por sus nombres genéricos cuando son mencionados por primera vez en el texto. Los ingredientes activos de todas las formulaciones deberán ser igualmente identificadas.

## **Derechos de autor**

1. Cuando el autor cite algún trabajo de otra persona o reproduzca una ilustración o tabla de un libro o artículo de revista debe estar seguro de no estar infringiendo los derechos de autor.
2. Aunque en general un autor puede citar de otro trabajo publicado, debe obtener permiso del poseedor del derecho de autor si se requiere reproducir tablas, placas u otras ilustraciones.
3. El material en trabajos no publicados o protegidos, no podrá ser publicado sin obtener el permiso por parte del poseedor de los derechos.
4. Deberá incluirse un agradecimiento por algún material autorizado para su publicación.

## **Criterios de ditaminación y pruebas del formato del trabajo**

1. Una vez revisado, conforme a las políticas de la revista, cada texto será sometido para su dictamen al menos a dos revisores miembros del Comité Editorial. Para ser publicado cada trabajo deberá contar con dos dictámenes aprobatorios.
2. Si el documento cuenta con observaciones, se regresará el texto para la corrección. Una vez realizadas las correcciones conforme a los criterios de evaluación del Comité Editorial de la revista, se enviará una prueba de formación al autor correspondiente. Sólo los errores tipográficos serán corregidos; no se harán cambios o adiciones al documento.

*Sociedades Rurales, Producción y Medio Ambiente.*

Revista electrónica

Se terminó de formar en junio de 2018