

## Diversidad de artrópodos asociados al algodón Bt y convencional (*Gossypium hirsutum* L.) en Colombia\*

### Arthropod diversity associated with Bt and conventional cotton (*Gossypium hirsutum* L.) in Colombia

Leonela García García<sup>1</sup>, Yeimy Oyola Vides<sup>2</sup>, Claudio Fernández Herrera<sup>3</sup>, Karol Pérez García<sup>4§</sup> y Ender Correa Alvarez<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Universidad de Córdoba-Facultad de Ciencias Básicas e Ingenierías-Departamento de Biología-Departamento de Ingeniería Agronómica. Montería, Colombia. AA. 354. (leonela.192@hotmail.com; jheimyoyola\_414@hotmail.com; claudiofernandezherrera@gmail.com). <sup>2</sup>Centro de Investigación Caribia-Corpoica. kilómetro 6, vía Sevilla. (endermanz@hotmail.com). <sup>§</sup>Autor para correspondencia: karolperez0414@hotmail.com.

#### Resumen

El uso de organismos genéticamente modificados (OMG) ha generado grandes expectativas en el desarrollo de agrocultivos. Sin embargo, se originan incertidumbres sobre efectos causales sobre la artropofauna benéfica asociada al cultivo de algodón. En el presente estudio se evaluó la diversidad de la artropofauna asociada al agroecosistema algodón Bt y convencional en el departamento de Córdoba-Colombia, en la temporada de cultivos de algodón 2013-2014, en los meses comprendidos entre octubre y marzo. Se capturaron artrópodos mediante cinco métodos de muestreo de acuerdo al micro hábitat, se colectaron 23 787 individuos, registrándose en total 240 taxones agrupados en 25 especies y 215 morfoespecies; el orden más abundante fue Hemiptera y el de mayor riqueza fue Coleoptera. La diversidad en ambos cultivos fue similar con una riqueza de  ${}^0D=240$  para el convencional y  ${}^0D=233$  para el transgénico, la diversidad alfa para el convencional fue  ${}^1D=36.39$  y para el transgénico  ${}^1D=33.39$ , en cuanto a la diversidad beta entre ambos cultivos presentó un valor 1.013 con  $q=0$ ,  $q=1$  y  $q=2$  fue de 1.001, los resultados mostraron que la diversidad de artrópodos para cultivos transgénico y convencional no fue diferente y no se observaron diferencias significativas entre ambos cultivos.

#### Abstract

The use of genetically modified organisms (GMOs) has generated great expectations in the development of agro-crops. However, uncertainties arise about causal effects on the beneficial arthropofauna associated with the cotton crop. In this research the diversity of associated arthropofauna to the Bt cotton and conventional agroecosistema in the department of Córdoba-Colombia, in the cotton growing season 2013-2014, from October to March was evaluated. Arthropods were collected using five sampling methods according to the microhabitat; 23 787 individuals were collected, with a total of 240 taxa grouped into 25 species and 215 morphospecies; the most abundant order was Hemiptera and Coleoptera was the richer one. The diversity in both crops was similar with a richness of  ${}^0D=240$  for conventional and  ${}^0D=233$  for transgenic, alpha diversity for conventional was  ${}^1D=36.39$  and for Transgenic  ${}^1D=33.39$ , regarding beta diversity in the two cultures it showed a value of 1,013 with  $q=0$ ,  $q=1$  and  $q=2$  of 1.001, results showed that the arthropods diversity for transgenic and conventional crops was not different and no significant differences between both cultures were shown.

\* Recibido: febrero de 2017  
Aceptado: abril de 2017

**Palabras clave:** *Bacillus thuringiensis*, agrocultivos, artrópodos, OMG, transgénicos.

**Keywords:** *Bacillus thuringiensis*, agricultural crops, arthropods, GMO, transgenic.

## Introducción

Los cultivos genéticamente modificados (GM) son el resultado de un proceso de mejoramiento genético a través del cual se introducen rasgos o características como resistencia a ciertos insectos y tolerancia a herbicida en cultivos comerciales como el algodón (*Gossypium hirsutum* L.) (Gatehouse, 2008). El algodón Bt comercial presenta la bacteria del suelo (*Bacillus thuringiensis*) como fuente de toxina insecticida, esta cepa presenta diferentes efectos en su actividad hacia insectos plagas y constituye una reserva de genes que codifican para proteínas insecticidas (Silva, 2005).

Esta tecnología es considerada como un instrumento alternativo para modificar y mejorar los cultivos, especialmente de algodón donde las pérdidas por insectos y malezas son altamente significativas. La implementación de los cultivos (GM) ha traído consigo numerosos beneficios al avance de la agricultura; sin embargo, el desarrollo y comercialización de estos ha sido objeto de un gran debate y de posiciones encontradas (Conner *et al.*, 2003).

Una de las principales preocupaciones es la posible pérdida o reducción de la diversidad asociada a estos cultivos especialmente por el impacto ecológico que pueden causar estas plantas, la preocupación se centra especialmente en la hibridación de los cultivos GM ya que estas pueden invadir a otras especies a través de ciclos repetitivos de hibridación causando su contaminación genética (Singh *et al.*, 2006). Otro riesgo ecológico importante de la liberación de los cultivos transgénicos es el posible efecto negativo que pueda tener sobre los organismos que no son plaga y por el contrario generan beneficios para el cultivo y la agricultura en general por lo que se hace necesario e importante plantear algunas alternativas para minimizar el riesgo de cultivos Bt sobre insectos no blanco (Singh *et al.* 2006; Wisniewsky *et al.* 2002).

Cabe anotar que estudios previos no reportan efectos negativos sobre la diversidad de la artropofauna que se encuentra asociada a estos tipos de cultivo. Un buen modelo para analizar efectos negativos de cultivos GM sobre especies no blanco, son los estudios del efecto de maíz GM con tolerancia a insectos lepidópteros sobre la mariposa monarca. Angharad *et al.* (2002), reportaron una serie de estudios realizados para

## Introduction

Genetically modified crops (GM) are the result of a breeding process through which features or characteristics such as resistance to certain insects and herbicide tolerance are introduced in commercial crops such as cotton (*Gossypium hirsutum* L.) (Gatehouse, 2008). Bt commercial cotton shows a soil bacterium (*Bacillus thuringiensis*) as an insecticidal toxin source, this strain has different effects on their activity towards pests and insects and is a reserve of genes coding for insecticidal proteins (Silva, 2005).

This technology is considered as an alternative instrument to modify and improve crops, especially cotton where losses caused by insects and weeds are highly significant. The implementation of crops (GM) has brought numerous benefits to agriculture advancement; however, its development and commercialization has been the subject of much debate and opposing positions (Conner *et al.*, 2003).

One of the main concerns is the possible loss or reduction of the diversity associated with these crops, especially because of the ecological impact that these plants can cause, the concern is particularly focused on the hybridization of GM crops since they can invade other species through repeated hybridization cycles causing genetic contamination (Singh *et al.*, 2006). Another important ecological risk of the release of transgenic crops is the possible negative effect it may have on non-pest organisms that generate benefits for the crop and agriculture in general so it becomes necessary and important to raise some alternatives to minimize the risk of Bt crops on non-target insects (Wisniewsky *et al.*, 2002; Singh *et al.*, 2006).

It should be noted that previous papers do not report negative effects on the diversity of arthropod fauna associated with these crop types. A good model for analyzing negative effects of GM crops on non-target species are the papers on the effect of GM maize with tolerance to lepidopteran insects on the monarch butterfly. Angharad *et al.* (2002) reported a series of studies that were carried out to rigorously evaluate the

evaluar rigurosamente el impacto de polen de maíz GM sobre larvas de mariposa monarca para cuantificar riesgo. Los resultados mostraron que el cultivo a gran escala de híbridos de maíz Bt no produce gran riesgo para las mariposas monarcas.

En este contexto Colombia, no es ajena a esta problemática la cual se enmarca en un componente biológico y social complejo debido al impacto sobre la diversidad que estaría reflejado en la disminución de la comunidad de artrópodos benéficos asociados al cultivo. De esta manera se esperaría poder determinar el impacto sobre la artrópofauna asociada al algodón transgénico con relación al convencional. En este trabajo se evaluó la artrópofauna en agroecosistemas de algodón transgénico y convencional para establecer si existen diferencias en la diversidad de la artrópofauna cuando se implementa esta tecnología.

## Materiales y métodos

### Sitio de estudio

El estudio se llevó a cabo durante la temporada algodonera en el periodo comprendido entre octubre de 2013 a marzo de 2014 en los municipios de Cereté (8°53'11" N y 76°12'35" W) y San Pelayo (8°75'39" N y 76°09'51" W) del departamento de Córdoba-Colombia. Esta región presenta una época de lluvias que van de mayo a noviembre y una época seca que va de diciembre-abril, con una temperatura anual promedio de 28°C, precipitaciones de 1 380 mm, evapotranspiración potencial de 1 240 y con una humedad relativa promedio de 81%.

### Toma de datos

Se colectaron artrópodos en lotes comerciales de algodón Bt y convencional en los municipios de Cereté y San Pelayo. El material vegetal evaluado fue: (1) línea isogénica (DP 174) tolerante al glifosato y (2) un genotipo con tecnología Bt (FM 9162 B2F). en cada localidad se dispuso de cuatro lotes (Cuadro 1).

### Muestreo

En cada lote se implementaron cinco métodos de muestreo acorde al micro hábitat (Figura 1), para la artrópofauna del suelo se utilizó el método de Berlesse y Pitfall. En el primer método la muestra se tomó en cuatro sitios de muestreos para

impact of GM maize pollen on monarch butterfly larvae to quantify risk. The results showed that large-scale cultivation of Bt maize hybrids does not represent a great risk to monarch butterflies.

In this context, Colombia is not alien to this problem, which is part of a complex biological and social component due to the impact on diversity that would be reflected in the decrease of the beneficial arthropods community associated with the crop. In this way it would be expected to be able to determine the impact on arthropod fauna associated to the transgenic cotton compared to the conventional one. This paper evaluated arthropofauna in agroecosystems of transgenic and conventional cotton to establish whether there are differences in the arthropofauna diversity when this technology is implemented.

## Materials and methods

### Study site

The study was conducted during the cotton season in the period from October 2013 to March 2014 in the municipalities of Cereté (8° 53' 11" N and 76°12' 35" W) and San Pelayo (8° 75' 39" N and 76° 09' 51" W) in the department of Córdoba-Colombia. This region presents a rainy season from May to November and a dry season from December to April, with an average annual temperature of 28 °C, precipitation of 1 380 mm, potential evapotranspiration of 1 240 and an average relative humidity of 81%.

### Data collection

Arthropods were collected in commercial batches of Bt and conventional cotton in the municipalities of Cereté and San Pelayo. The evaluated plant material was: (1) isogenic line (DP 174) tolerant to glyphosate and (2) a genotype with Bt technology (FM 9162 B2F). In each locality, four lots were available (Table 1).

### Sampling

On each batch five sampling methods were implemented according to the microhabitat (Figure 1), for soil arthropofauna the Berlesse and Pitfall method was used. In the first method the sample was taken at four sampling

cada lote, con un barreno tipo “Cup Cutter” con capacidad para extraer 1 500 g de suelo y profundizar uno 20 cm, luego se llevaron a los embudos Berlesse por 24 h, las trampas Pitfall se ubicaron en diez puntos sobre el surco y entre plantas, este método consistió en instalar a nivel del suelo un vaso plástico de 12 onzas perforado, que se fijó durante todo el ciclo del cultivo y que correspondió a la base de la trampa Pitfall. Dentro de esta base se colocó un vaso de 3.5 onzas; las colectas se iniciaron a los siete días después de emergido el cultivo (DEC), a las 24 h después de instaladas las trampas, durante 15 días consecutivos (Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica, 2000).

sites for each batch with a “cup cutter” type borehole capable of extracting 1 500 g of soil and 20 cm deepening, then carried to the Berlesse funnels for 24 h, Pitfall traps were located at ten points on the furrow and between plants, this method consisted of installing a perforated 12-ounce plastic cup at ground level, which was fixed throughout the crop cycle and corresponded to the Pitfall trap base. Inside this base a glass of 3.5 ounces was placed; the collections started seven days after the emergence of the crop (DEC), at 24 h after the traps were installed, for 15 consecutive days (Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica, 2000).

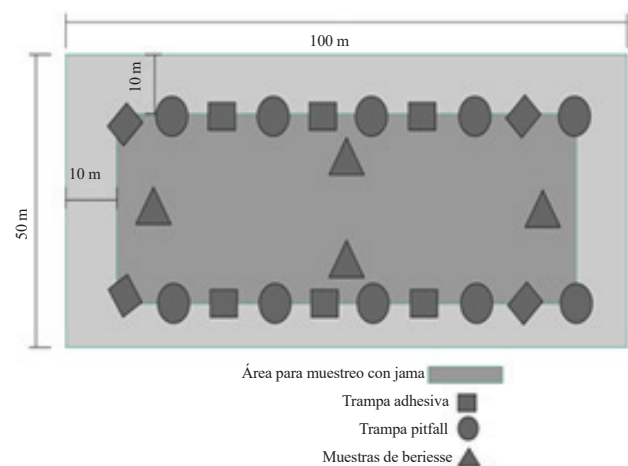
**Cuadro 1. Relación de los lotes comerciales para el algodón Bt y convencional en los municipios de Cereté y San Pelayo.**  
**Table 1. List of commercial batches for growing Bt and conventional cotton in the municipalities of Cereté and San Pelayo.**

| Tipo de cultivo | Genotipo     | Código | Localidad  | Lote   | Área (ha) | Coordenadas                |
|-----------------|--------------|--------|------------|--------|-----------|----------------------------|
| Convencional    | DP 174       | A121   | Cereté     | Lote 1 | 2         | 8°55'45" N 75°48'10.7" W   |
|                 | DP 174       | A112   |            | Lote 2 | 1.2       | 8°52'46.3" N 75°48'42.4" W |
| Transgénico     | FM 9162, B2F | A121   |            | Lote 3 | 3         | 8°58'58.2" N 75°46'09.1" W |
|                 | FM 9162, B2F | A122   |            | Lote 4 | 11        | 8°55'03.5" N 75°46'09.1" W |
| Convencional    | DP 174       | A211   | San Pelayo | Lote 5 | 1.5       | 8°57'59.6" N 75°49'21.3" W |
|                 | DP 174       | A212   |            | Lote 6 | 1         | 8°57'02.5" N 75°47'35.8" W |
| Transgénico     | FM 9162, B2F | A221   |            | Lote 7 | 1.2       | 8°57'59.6" N 75°49'21.3" W |
|                 | FM 9162, B2F | A222   |            | Lote 8 | 14        | 8°56'39.2" N 75°50'38.2" W |

Para la captura de artrópodos aéreos y en estratos herbáceos se utilizaron redes entomológicas, trampas adhesivas y trampas de luz. Para el muestreo con redes entomológicas se escogieron aleatoriamente 10 puntos en cada lote, en los cuales se realizaron diez pases dobles de jama (pdj); esto se repitió semanalmente hasta que el cultivo alcanzó una altura promedio de 1.5 m. En las trampas adhesivas se utilizaron placas plásticas amarillas (PPA) de dimensiones 20\*10 cm y con cuadrículas de 2 cm<sup>2</sup> fijadas en una vara de madera de 2.2 m de longitud, como adhesivo se untó grasa mecánica. Estas trampas adhesivas se ubicaron en diez puntos en cada lote a la altura del cultivo a partir de los siete días después de la emergencia. Por último, se instalaron en cada localidad una trampa de luz, las lecturas se realizaron durante siete días consecutivos por mes durante el desarrollo del cultivo.

### Identificación del material biológico

Las muestras colectadas fueron llevadas al laboratorio en bolsas plásticas, debidamente selladas y rotuladas, donde fueron identificadas hasta la categoría taxonómica más



**Figura 1. Esquema de distribución de métodos de muestreo.**  
**Figure 1. Distribution scheme of sampling methods.**

In order to capture aerial arthropods and in herbaceous strata, entomological networks, adhesive traps and light traps were used. For sampling with entomological networks,

específica posible con ayuda del estereoscopio (Advanced optical JSZ6S con cámara incorporada Infinity 1) y utilizando claves taxonómicas (CSIRO, 1970; McAlpine *et al.* 1981; Borror y White, 1998; McGavin 2001; Triplehorn y Johnson, 2005; Fernández y Sharkey 2006). El material biológico fue preservado en seco de acuerdo a la naturaleza de los ejemplares y se encuentran disponibles en colecciones del laboratorio de entomología de la universidad de Córdoba.

### Análisis de datos

El análisis de la diversidad de artrópodos se realizó utilizando el método propuesto por Jost (2006), mediante los números efectivos de especies, este análisis permite evaluar directamente la magnitud de cambio entre las comunidades estudiadas y expresarla en términos del número real de especies. La diversidad y el grado de recambio de especies reales se calculó a través de tres valores de  $q=0, 1$  y  $2$ , utilizando el paquete iNEXT según Chao y Jost (2012). El valor  $q=0$  es la diversidad de orden cero ( ${}^0D$ ), donde no se consideran las abundancias de las especies, por lo que equivale a la riqueza de especies,  $q=1$  es la diversidad ( ${}^1D$ ), donde todas las especies son incluidas con un peso proporcional a su abundancia en el ensamblaje, siendo el índice de diversidad ( ${}^1D$ ) el exponencial del índice de entropía de Shannon y  $q=2$  es la diversidad ( ${}^2D$ ), que es el inverso del índice de Simpson, que tiene en cuenta a las especies dominantes y excluye a las raras de acuerdo al estudio propuesto por Jost (2006); Moreno *et al.* (2011).

La completitud del muestreo se estimó mediante el análisis de coberturas estandarizadas de las muestras (IC= 95%), utilizando el paquete iNEXT. Este análisis permite obtener estimaciones de riqueza a través del número de individuos colectados teniendo en cuenta el porcentaje de error o déficit de cobertura, se generaron intervalos de confianza al 95% (Chao y Jost, 2012). Se construyeron curvas de rango-abundancia o curvas de Whittaker según Magurran (1998); Feinsinger (2003), en las que se usó el número de especies y de individuos por especie registrados en cada tipo de cultivo. La curva se graficó de acuerdo con el logaritmo de las abundancias observadas y los datos se ordenaron desde la especie más abundante a la menos abundante. Se realizaron las pruebas de comparación de muestras independientes T-student y Mann-Whitney U para verificar si existe una diferencia entre la diversidad de especies y los tipos de cultivos.

10 points were randomly selected in each lot, in which ten double passes of jama (pdj) were made; this was repeated weekly until the crop reached an average height of 1.5 m. Yellow plastic plates (PPA) of 20\*10 cm dimensions and 2 cm<sup>2</sup> squares fixed in a wooden rod of 2.2 m long were used on sticky traps, as adhesive the plate was smeared with mechanical fat. These adhesive traps were located at ten points in each lot at the height of the crop from seven days after the emergence of the crop. Finally, a light trap was installed in each location, the readings were made during seven consecutive days per month during the crop development.

### Identification of biological material

The collected samples were taken to the laboratory in plastic bags, duly sealed and labeled, where they were identified to the most specific taxonomic category possible using the stereoscope (Advanced optical JSZ6S with built-in camera Infinity 1) and using taxonomic codes (CSIRO, 1970; McAlpine *et al.*, 1981; Borror and White, 1998; McGavin 2001; Triplehorn and Johnson, 2005; Fernández and Sharkey, 2006). The biological material was preserved dry according to the nature of the specimens and are available in collections of the entomology laboratory of the University of Córdoba.

### Analysis of data

The analysis of arthropod diversity was carried out using the method proposed by Jost (2006), using effective numbers of species, this analysis allows to directly evaluate the magnitude of change among the studied communities and to express it in terms of the actual number of species. The diversity and replacement degree of real species was calculated through three values of  $q=0, 1$  and  $2$ , using the iNEXT package according to Chao and Jost (2012). The  $q=0$  value is the diversity of order zero ( ${}^0D$ ), where the abundances of species are not considered, which equals species richness,  $q=1$  is the diversity ( ${}^1D$ ), where all species are included proportionally to its abundance in the assembly, being the ( ${}^1D$ ) diversity index the exponential index of Shannon entropy and  $q=2$  is the diversity ( ${}^2D$ ), which is the inverse of the Simpson index which takes into account the dominant species and excludes rare as proposed by Jost (2006); Moreno *et al.* (2011).

Sampling completeness was estimated by analyzing standardized sample coverage (IC= 95%) using the iNEXT package. This analysis allows to obtain richness estimates

## Resultados y discusión

Se recolectaron 23 787 individuos durante la fase de muestreo, en total se registraron 240 taxones agrupados en 25 especies y 215 morfoespecies (4 identificadas hasta orden, 151 hasta familia y 60 hasta género). Para el cultivo transgénico se registró el mayor número de individuos con 12 286 (51.7%), registrando 237 taxones agrupados en 25 especies y 212 morfoespecies, para el cultivo convencional 11 501 individuos (48.3%) registrando 240 taxones agrupados en 25 especies y 215 morfoespecies. Entre los órdenes más abundantes se encuentra hemiptera representando el mayor número con 6 241 individuos, siendo 50.8% para el cultivo transgénico (CT) y para el cultivo convencional (CC) 5 513 individuos con 47.9%, seguido por el orden coleoptera con 1 660 individuos para 13.8% CT y 1591 siendo 13.5% en CC, seguido del orden hymenoptera con 1 224 individuos, lo que equivale a 10.2% para (CT) y 1 174 individuos; es decir, 10% en CC, finalmente el orden diptera registro 9.5% con 1 168 individuos en CT y 9.5% con 1 093 individuos en el CC.

En cuanto a la riqueza el orden coleoptera registró 22 familias (20%), siendo el grupo que evidenció la mayor riqueza. De esta manera la artropofauna estuvo representada en su mayoría por los grupos considerados más importantes que fueron coleópteros, hemípteros, dípteros, himenópteros, arácnidos, y lepidópteros. La diversidad entre el cultivo convencional y transgénico no fue diferente, la abundancia y riqueza de especies no mostraron diferencias significativas entre los dos tipos de cultivo, lo que coincide con lo reportado por Almada *et al.* (2011) al comparar la comunidad de arañas en cultivos de algodón Bt y convencional en el norte de Santa Fe (Argentina), no se observaron diferencias significativas entre los cultivos, solo la abundancia de arañas se incrementó en los cultivos Bt, lo que podría indicar que estos cultivos no afectaron a la población de arañas.

La alta abundancia y riqueza reportada en este estudio se pudo deber a que el cultivo de algodón tanto el convencional como el transgénico proporcionan condiciones que favorecen al establecimiento de artrópodos, teniendo en cuenta que las variaciones que se producen estarían influenciadas por la etapa del desarrollo fenológico del cultivo, las pequeñas diferencias que se evidenciaron entre los dos tipos de cultivos siendo el cultivo transgénico quien tuvo mayor abundancia se puede atribuir al menor uso de insecticidas y herbicidas comparados con el cultivo convencional, hecho que favorece a la diversidad de artrópodos en su desarrollo

through the number of collected individuals taking into account the percentage error or coverage deficit, 95% confidence intervals were generated (Chao and Jost, 2012). Range-abundance curves or Whittaker curves were generated according to Magurran (1998); Feinsinger (2003), in which the number of species and individuals per species recorded in each type of crop were used. The curve was plotted according to the logarithm of the observed abundances and data were ordered from the most abundant species to the least abundant. T-student and Mann-Whitney U comparison tests of independent samples were performed to verify if there is a difference between species diversity and crop types.

## Results and discussion

A total of 23 787 individuals were collected during the sampling phase, with a total of 240 taxa grouped in 25 species and 215 morphospecies (4 identified until order, 151 to family and 60 to genus). For the transgenic crop, the greatest number of individuals was recorded, with 12 286 (51.7%), registering 237 taxa grouped in 25 species and 212 morphospecies, for the conventional crop 11 501 individuals (48.3%) registering 240 taxa grouped in 25 species and 215 taxa morphospecies. Among the most abundant orders is Hemiptera representing the largest number with 6 241 individuals, being 50.8% for transgenic (TC) crop and for conventional crop (CC) 5513 individuals with 47.9%, followed by Coleoptera Order with 1 660 individuals for 13.8% CT and 1591 being 13.5% in CC, followed by the Hymenoptera Order with 1 224 individuals, which equals 10.2% for (CT) and 1 174 individuals; that is, 10% in CC, finally the Diptera Order recorded 9.5% with 1168 individuals in CT and 9.5% with 1 093 individuals in the CC.

As for wealth, the Coleoptera Order recorded 22 families (20%), being the group showing the greatest richness. In this way the artropofauna was represented mostly by the groups considered more important that were coleoptera, hemiptera, diptera, hymenoptera, arachnida, and lepidoptera. The diversity between the conventional and transgenic crop was not different, the abundance and species richness showed no significant differences between the two crop types, which coincides with that reported by Almada *et al.* (2011) by comparing the spider community in Bt and conventional cotton in northern Santa Fe (Argentina), no significant differences between crops

y comportamiento natural en el cultivo transgénico, lo que coincide con los reportados por diversos autores (Novillo *et al.*, 1999; Durán *et al.*, 2000; Pérez-Guerrero *et al.*, 2009; Benamú, 2010), quienes argumentan que la aplicación de insecticidas para el caso del cultivo convencional ejerce un efecto negativo sobre la disminución de la diversidad en poblaciones de artrópodos.

De acuerdo al comportamiento y hábitos alimenticios de los artrópodos presentes durante el desarrollo fenológico del cultivo, teniendo en cuenta el número de familias presentes en los dos tipos de cultivo solo se graficó las más abundantes y se observó que en ambos cultivos se expresaron de igual manera, aunque sus valores fueron diferentes, es por ello que se realizó una agrupación teniendo en cuenta el hábito alimenticio (fitófago, predador y parasitoide) se hace limitado a unas pocas familias, siendo las más comunes: Aleyrodidae, Thripidae, Cicadellidae, Aphididae, Chrysomelidae, y Agromizidae para el grupo de fitófagos, se observó una marcada diferencia entre las familias representadas en cuanto a la abundancia, siendo la más representativa la familia Aleyrodidae en ambos agroecosistemas. La prueba de Mann-Whitney no mostró diferencias significativas entre la diversidad de familias y el tipo de material genético ( $U= 188$ ,  $p= 0.7453$ ).

En cuanto al grupo de predadores la abundancia fue mayor en el cultivo transgénico, y en ambos agroecosistema se observó a las familias Formicidae, Coccinellidae, Anthocoridae, Carabidae, Staphylinidae y Syrphidae, siendo la más representativa la familia Formicidae por presentar 881 individuos; es decir, 7.7% para el cultivo convencional y para el cultivo transgénico 969 individuos lo que equivale al 7.9%. Esto se puede relacionar con el tipo de acción que los predadores ejercen sobre sus presas (fitófagos) y a la simbiosis que pueden compartir, caso de muchas especies que excretan exudados que atraen a las hormigas y que ellas a su vez le brindan protección de otras especies predatoras, en cuanto a estos resultados se puede inferir que el cultivo transgénico, dependiendo de la estrategia de manejo que se implemente ofrece una mayor variedad y disponibilidad de recursos, lo que coincide con lo reportado por Almada *et al.* (2011). La prueba de Mann-Whitney no mostró diferencias significativas entre la diversidad de familias y el tipo de cultivo ( $U= 156$ ,  $p= 0.8494$ ).

Para el grupo de los parasitoides las familias Eulophidae, Braconidae y Scelionidae presentaron la mayor abundancia en ambos cultivos, con valores más altos en el cultivo

were observed, only that the abundance of spiders increased in Bt crops, which could indicate that these crops did not affect the spider population.

The high abundance and richness reported in this study could be due to the fact that cotton cultivation, both conventional and transgenic, provides conditions that favor the establishment of arthropods, taking into account that the variations are influenced by the phenological development stage of the crop, small differences were evidenced between the two crops types, being the transgenic crop the one that had greater abundance, this can be attributed to the lower use of insecticides and herbicides compared with conventional cultivation, a fact that favors the arthropods diversity on its development and natural behavior in the transgenic crop, which coincides with those reported by several authors (Novillo *et al.*, 1999; Durán *et al.*, 2000; Pérez-Guerrero *et al.*, 2009; Benamú, 2010), who argue that the application of insecticides in the case of conventional crop exerts a negative effect on the decrease of diversity in arthropods populations.

According to the behavior and dietary habits of the arthropods present during the phenological development of the crop, taking into account the number of families present in the two crop types, only the most abundant ones were plotted and it was shown that in both crops they expressed in the same way, although their values were different, that is why a grouping was made taking into account the alimentary habit (phytophagous, predator and parasitoid) limited to a few families, being the most common: Aleyrodidae, Thripidae, Cicadellidae, Aphididae, Chrysomelidae, and Agromizidae for the phytophagous group, a marked difference was shown between the families represented in terms of abundance, being the Aleyrodidae family the most representative in both agroecosystems. The Mann-Whitney test showed no significant difference between the diversity of families and types of genetic material ( $U= 188$ ,  $p= 0.7453$ ).

As for the group of predators the abundance was higher in the transgenic crop, and in both agroecosystem the families Formicidae, Coccinellidae, Anthocoridae, Carabidae, Staphylinidae and Syrphidae were observed, being the most representative the Formicidae family accounting for 881 individuals; i. e., 7.7% for conventional crop and for the transgenic crop 969 individuals which is equivalent to 7.9%. This can be related to the type of action that predators exert on their prey (phytophagous), and to the symbiosis they can share, in the case of many species that excrete exudates that attract ants and that they in turn provide protection from

convencional en comparación con el transgénico. La prueba de t-Student no mostró diferencias significativas entre la diversidad de familias y el tipo de cultivo (t-value= 1.6394;  $p= 0.1153$ ), podemos decir que este comportamiento se debe al número de hospederos que se encuentran asociados al cultivo y por la disponibilidad de presas en cada uno, la presencia de los parasitoides puede estar ligada al complejo lepidóptera, agrupado dentro de los principales fitófagos a los cuales va dirigida la tecnología Bt, notando que los predadores se mantuvieron similares para ambos cultivos; lo que coincide con estudios realizado por Lobos *et al.* (2003), en donde argumenta que esta tendencia puede estar influenciada por la ecología nutricional, atributos biológicos como especificidad y estacionalidad, características del agroecosistema, particularidades de sus huéspedes y presas de preferencia.

Lo que también es respaldado por varios autores que en sus investigaciones afirman que las variedades transgénicas de algodón que producen toxinas del *B. thuringiensis*, tienen atributos insecticidas que pueden además de afectar a las poblaciones de las plagas objetivo de esta tecnología, influir en la dinámica de la fauna benéfica que se encuentra asociada, tal es el caso de muchos benéficos como los predadores y parasitoides a quienes se ha atribuido importancia en el control de los fitófagos asociados al cultivo considerados plagas (Novillo *et al.*, 1999; Durán *et al.*, 2000; Pérez-Guerrero *et al.*, 2009; Benamú, 2010).

La marcada diferencia en cuanto al número de individuos pertenecientes a grupos considerados como beneficiosos en el cultivo transgénico con relación al convencional nos permite creer que los cultivos genéticamente modificados favorecen la diversidad de la atropofauna fomentando una gran disminución de las aplicaciones de insecticidas y evitando la aparición de nuevas plagas que se desarrollan bajo algunas condiciones actuales lo que coincide con Whitehouse *et al.* (2005) al comparar comunidades entre cultivos Bt y convencionales, demuestra que los cultivos Bt generan efectos indirectos debido a la reducción de aplicaciones de insecticida de amplio espectro que permiten la presencia de enemigos naturales y estos controlan las plagas que puedan aparecer. Estudios propuestos afirman que la reducción de insecticidas favorece la diversidad de artrópodos y el mantenimiento de una distribución más uniforme de especies, también reportan que una mayor abundancia y riqueza de especies asociadas al cultivo depende en gran medida de la estructura de la vegetación y de la que se encuentra alrededor (Romeis *et al.*, 2004).

other predatory species, from these results it can be inferred that the transgenic crop, depending on the implemented management strategy offers greater variety and availability of resources, which coincides with that reported by Almada *et al.* (2011). The Mann-Whitney test showed no significant differences between the diversity of families and the type of crop ( $U= 156$ ,  $p= 0.8494$ ).

For the parasitoids group the Eulophidae, Braconidae and Scelionidae families showed the highest abundance in both crops, with higher values in the conventional crop compared to the transgenic. The Student-t test showed no significant difference between the diversity of families and the type of crop (t-value= 1.6394;  $p= 0.1153$ ), it can be said that this behavior is due to the number of hosts that are associated with the crop and for prey availability in each of them, the presence of parasitoids may be linked to lepidoptera complex, grouped within the main phytophagous for which Bt technology is directed to, noting that predators were similar for both crops; this is consistent with studies conducted by Lobos *et al.* (2003), where it is argued that this trend may be influenced by nutritional ecology, biological attributes such as specificity and seasonality, characteristics of the agroecosystem, particularities of its hosts and prey of preference.

Which is also backed by several authors in their research suggesting that transgenic cotton varieties that produce toxins of *B. thuringiensis*, have insecticidal attributes that may as well affect populations of target pests of this technology, and influence the dynamics of the beneficial fauna that is associated, such is the case of many that are beneficial such as predators and parasitoids who has been attributed with importance in controlling the crop associated phytophagous considered pests (Novillo *et al.*, 1999; Durán *et al.*, 2000; Pérez-Guerrero *et al.*, 2009; Benamú, 2010).

The marked difference in the number of individuals belonging to groups considered to be beneficial in the transgenic crop compared to the conventional one allows to believe that genetically modified crops favor the arthropofauna diversity, promoting a great decrease of applications of insecticides and avoiding the appearance of new pests that develop under some present conditions which matches with Whitehouse *et al.* (2005) when comparing communities between Bt and conventional crops, which shows that Bt crops generate indirect effects due to the reduction of broad spectrum insecticide applications that allow the presence of natural enemies that would control the



En cuanto a la riqueza de familias presentes en los dos tipos de cultivo la familia Formicidae fue la más representativa, seguida de Chrysomelidae, Cicadellidae y Coccinellidae con mayor número de géneros, caso contrario de las familias Agromyzidae, Aleyrodidae y Anthocoridae siendo las de menor riqueza.

Al ordenar las especies por su abundancia en cada cultivo y comparar el grupo de los fitófagos los géneros Bemisia y Frankliniella fueron los que predominaron para ambos cultivos, mientras que el género aphid presentó mayor número de individuos en el cultivo transgénico, siendo menor para el convencional, lo que en parte se puede explicar por el menor uso de insecticidas en el cultivo con tecnología transgénica. La prueba de Mann-Whitney no mostró diferencias significativas entre la diversidad de géneros y el tipo de cultivo ( $U= 638.00$ ,  $p= 0.9103$ ).

Para el grupo de los predadores los géneros en su mayoría presentaron actividad sobre el cultivo con valores de abundancia representativos para ambos (CC y CT) siendo el caso de Sthetorus, solenopsis, brachimirmex, paratrechina, dorymyrmex y orius. La prueba de Mann-Whitney, no mostró diferencias significativas entre la diversidad de géneros y el tipo de cultivo ( $U= 442.5$ ,  $p= 0.5926$ ). Para el grupo de los parasitoides se evidencia que los géneros telenomus y architas presentaron mayor abundancia en el cultivo convencional, caso contrario para euplectrus y casinaria cuya abundancia se vio reflejada con valores más altos en el cultivo transgénico. La prueba de t-Student no mostró diferencias significativas entre la diversidad de géneros y el tipo de cultivo ( $t\text{-value}= 2.4019$ ,  $p= 0.5315$ ).

Al analizar la comunidad de artrópodos presentes para los dos tipos de cultivo; convencional y transgénico mediante las curvas de rango-abundancia (Figura 2), en general se observa que la pendiente de las gráficas indican una tendencia entre las especies, las curvas estuvieron dominadas por las más comunes para el agroecosistema algodón como es el caso de *Bemisia tabaci*, *Frankliniella occidentalis*, *Sthetorus* sp., *Aphis gossypii*, *Brachimirmex* sp. y *Solenopsis* sp., que por lo general se encuentran en agregaciones características de sus grupos; las cuales fueron reportadas como abundantes en un estudio realizado por Sosa *et al.* (2015). En su trabajo sobre la diversidad de una comunidad de artrópodos en variedades de algodón transgénico, por medio del cual se concluye que los cultivos de algodón Bt y convencional albergan artrópodos sin expresar diferencias en la comunidad de estos.

potential pests that may appear. Proposed studies claim that the reduction of insecticides favors the arthropods diversity and the maintenance of a more uniform distribution of species, also report that the greater abundance and richness of species associated to the crop depends to a great extent on the vegetation structure and the one around it (Romeis *et al.*, 2004).

As for the richness of families present in the two types of crop, the Formicidae family was the most representative, followed by Chrysomelidae, Cicadellidae and Coccinellidae with greater number of genera, in contrast to the Agromyzidae, Aleyrodidae and Anthocoridae families being the least rich.

When ordering species by its abundance in each crop and comparing the phytophagous group, the Bemisia and Frankliniella genera were predominant for both crops, while Aphis gender showed more individuals in the transgenic crop, being lower for conventional, which in part might be explained by the lower use of insecticides in the crop with transgenic technology. The Mann-Whitney test showed no significant differences between gender diversity and crop type ( $U= 638$ ,  $p= 0.9103$ ).

For the predators group, most genera showed activity on the crop with abundance values representative for both (CC and CT) being the case of Sthetorus, Solenopsis, Brachimirmex, Paratrechina, Dorymyrmex and Orius. The Mann-Whitney test, showed no significant differences between gender diversity and crop type ( $U= 442.5$ ,  $p= 0.5926$ ). For the parasitoids group, Telenomus and Architas genres showed higher abundance in the conventional culture and otherwise to Euplectrus and Casinaria whose abundance was reflected with higher values in the transgenic crop. The Student-t test showed no significant differences between gender diversity and crop type ( $t\text{-value}= 2.4019$ ,  $p= 0.5315$ ).

When analyzing the arthropods community present for the two crop types; conventional and transgenic by range-abundance curves (Figure 2), it is generally observed that the slope of the graphs indicate a trend among species, curves were dominated by the most common for cotton agroecosystem such as *Bemisia tabaci*, *Frankliniella occidentalis*, *Sthetorus* sp., *Aphis gossypii*, *Brachimirmex* sp. and *Solenopsis* spp., which usually are in aggregations characteristics of their groups; which were reported as abundant in a paper by Sosa *et al.* (2015). In their paper on the diversity of arthropod community in transgenic

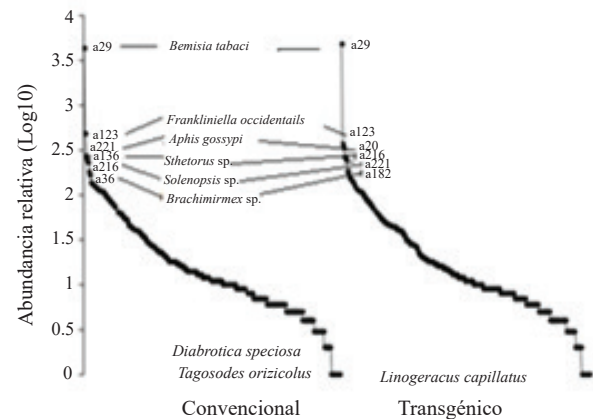
Para el caso de *Bemisia tabaci*, y *Aphis gossypii* por ser insectos gregarios y además por el crecimiento de sus poblaciones con una tendencia exponencial tienden a ser capturados en grandes cantidades de individuos, estos resultados van de la mano a los reportados por Carapia *et al.* (2013). Estudio en el cual se afirma que estas agregaciones pueden encontrarse por muchos factores como lluvias, temperaturas altas o bajas, humedad relativa, y también a efectos relacionados con la ecología del insecto. Por otra parte, la mayor abundancia de *A. gossypii* se puede ver influenciada por la presencia de orugas que se alimentan de estructuras de la planta lo que induce a la producción de terpenoides (Sosa *et al.*, 2015).

Por su parte las hormigas *Brachimirmex sp.* y *Solenopsis sp.* fueron muy abundantes ya que ellas generalmente se encuentran en colonias y están estrechamente relacionadas con la vegetación del lugar, en este caso con el cultivo de algodón por alimentación o refugio, resultados que se asemejan a los descritos por Casanova (2014), quien indica que las hormigas pueden ser benéficas al consumir semillas de malezas que pueden afectar al cultivo y también consideradas como bioindicadores de la calidad ambiental de la evaluación del estado ecológico de los ecosistemas (Sosa *et al.*, 2015).

Las especies raras o poco comunes representadas en la Figura 2, reportaron para el cultivo convencional dos especies *Diabrotica speciosa* y *Tagosodes orizicolus* y una para el cultivo transgénico *Linogeraus capillatus*, lo que pudo ser ocasionado por el impacto de las actividades humanas afectando la dinámica poblacional de las comunidades y la viabilidad de las poblaciones. Tapia *et al.* (2010) refiere, que en su estudio resalta la biología de especies raras se puede presentar a través del bajo tamaño poblacional y el impacto de las actividades humanas.

El análisis de completitud (Figura 3) por el método de la cobertura de la muestra por lotes arrojó para el cultivo convencional un valor de riqueza de  $S=218$  con un déficit de cobertura (DC) de 9.76 para el lote 1, para los lotes 2, 5 y 6 fueron de  $S=181$ , DC=10.37;  $S=185$ , DC=6.72;  $S=194$ , DC=9.09 respectivamente. Con relación a los lotes para el cultivo transgénico se obtuvo un estimativo de riqueza de  $S=185$  con un DC de 8.72 para el lote 3, y  $S=183$  con DC de 10.2 para el lote 4, para los lotes 7 y 8 los valores de riqueza obtenidos fueron de  $S=198$ , DC=7.58;  $S=174$ , DC=8.47 respectivamente.

cotton varieties, whereby it is concluded that the Bt and conventional cotton crops host arthropods without expressing differences in their community.

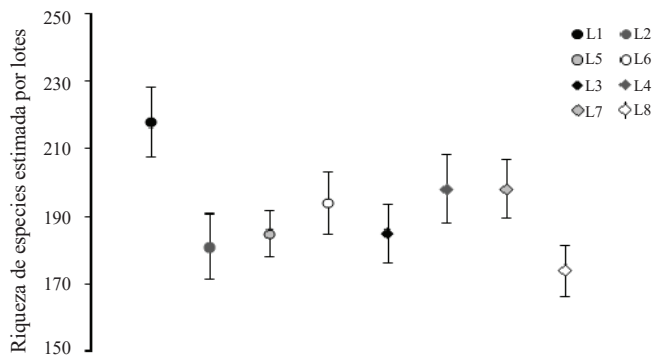


**Figura 2.** Curvas de rango abundancia de artrópodos capturados en cultivos de algodón los dos tipos de cultivo convencional y transgénico. Córdoba-Colombia, 2013-2014.

**Figure 2.** Abundance range curves of arthropods caught in cotton crops the two types of conventional and transgenic crop. Córdoba-Colombia, 2013-2014.

In the case of *Bemisia tabaci* and *Aphis gossypii* for being gregarious insects and also for the growth of their populations with exponential trend tend to be captured in large numbers of individuals, these results go hand in hand to those reported by Carapia *et al.* (2013). A paper in which it is affirmed that these aggregations can be found by many factors like rains, high or low temperatures, relative humidity, and also to effects related to the ecology of the insect. Moreover, the greater abundance *A. gossypii* can be influenced by the presence of caterpillars that feed on plant structures which induces the production of terpenoids (Sosa *et al.*, 2015).

Meanwhile *Brachimirmex sp.* and *Solenopsis sp.* ants were very abundant since they are generally found in colonies and are closely related to the local vegetation, in this case with the cotton crop for food or shelter, results that resemble those described by Casanova (2014), who indicates that ants can be beneficial since they consume weed seeds that may affect the crop and they are also considered as bioindicadores of environmental quality of ecological status of ecosystems assessment (Sosa *et al.*, 2015).



**Figura 3. Análisis de completitud para los tipos de cultivos estudiados por lotes.** (riqueza estimada 95%, IC-cobertura de la muestra= 0.95).

**Figure 3. Completeness analysis for the types of crops studied in batches.** (estimated wealth 95%, IC- sample coverage= 0.95).

La diversidad de especies para el cultivo convencional y transgénico (Figura 4) representa la misma tendencia al ser analizada la riqueza por medio de la diversidad alfa verdadera tipo <sup>1</sup>D, presentada por la riqueza de especies (<sup>0</sup>D), con un mayor número de especies efectivas en el cultivo convencional (<sup>1</sup>D= 36.39) comparado con el transgénico (<sup>1</sup>D= 33.39). Teniendo en cuenta los valores obtenidos en los diferentes órdenes de diversidad, para el orden <sup>2</sup>D se obtuvieron valores de (6.81) para el cultivo convencional y de (6.31) para el cultivo transgénico, con base a estos resultados no se evidencian diferencias con relación a los tres perfiles de diversidad entre los cultivos convencional y transgénico.

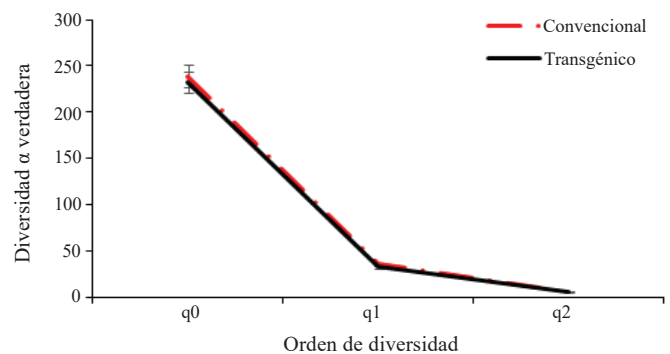
Teniendo en cuenta el grado de cambio o reemplazo en la composición de especies entre los dos tipos de agroecosistemas (Figura 5), entre ambos se presentó un valor 1.013 con q= 0. Para la diversidad beta de orden q= 1 y q= 2 fue de 1.001 comunidades efectivas. Estos resultados evidenciaron que no existen diferencias entre las especies efectivas de los dos tipos de agroecosistemas debido a que los valores son muy cercanos a 1, presentándose una similitud de las comunidades.

En cuanto al análisis de diversidad verdadera alfa y beta estos indicadores mostraron valores que no difieren significativamente entre los dos tipos de cultivo, lo que indica que para este estudio la diversidad de la artropofauna en cultivos de algodón convencional y transgénico no es diferente. Resultados que al ser comparados con otros estudios como el realizado por (Pilcher *et al.*, 1997;

Rare or unusual species showed in Figure 2, reported in conventional breeding two species *Diabrotica speciosa* and *Tasogodes orizicolus* and one for the transgenic crop *Linogeraus capillatus*, which might have been caused by the impact of human activities affecting the population dynamics of the communities and the viability of populations. Tapia *et al.* (2010) refers that on their paper is highlighted the biology of rare species that can be shown through the low population size and the impact of human activities.

The analysis of completeness (Figure 3) by the batch sample coverage method yielded for the conventional crop a wealth value of S= 218 with a coverage deficit (DC) of 9.76 for lot 1, for lots 2, 5 and 6 were S= 181, D = 10.37; S= 185, DC= 6.72; S= 194, DC= 9.09 respectively. In relation to the lots for the transgenic crop, a wealth estimate of S= 185 was obtained with a DC of 8.72 for lot 3, and S= 183 with DC of 10.2 for lot 4, for lots 7 and 8 the wealth values obtained were S= 198, DC= 7.58; S= 174, DC= 8.47 respectively.

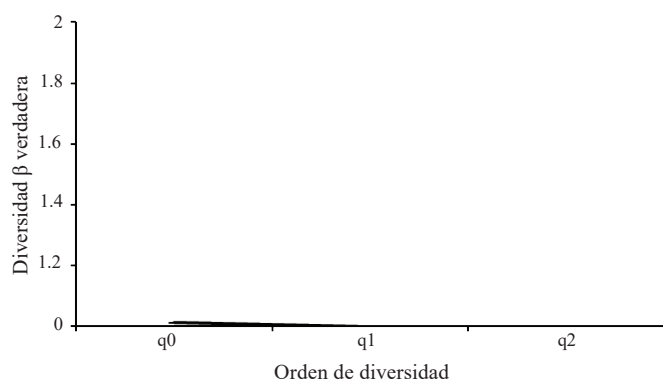
Species diversity for conventional and transgenic crop (Figure 4) represents the same trend when wealth is analyzed through alpha diversity true type <sup>1</sup>D, represented by the species richness (<sup>0</sup>D), with a larger number of effective species in the conventional crop (<sup>1</sup>D= 36.39) compared to transgenic crop (<sup>1</sup>D= 33.39). Considering the values obtained in the different orders of diversity, for the order <sup>2</sup>D values of (6.81) in conventional breeding and (6.31) for the transgenic crop were obtained, based on these results no differences related to the three diversity profiles between conventional and transgenic crops were observed.



**Figura 4. Perfiles de diversidad alfa verdadera para los artrópodos del cultivo de algodón convencional y transgénico, en Córdoba- Colombia.**

**Figure 4. Profiles of true alpha diversity for arthropods of the conventional and transgenic cotton crops in Córdoba-Colombia.**

Riddick *et al.*, 1998; Armer *et al.*, 2000) demuestran que las especies modificadas que contienen la proteína Bt son altamente selectivas y no se han encontrado efectos en la supervivencia, desarrollo y alimentación de especies de artrópodos no objetivo. Lo que contrasta con lo propuesto en estudios realizados por Hilbeck *et al.* (1999); Romeis *et al.* (2004); De Andow y Zwahlen (2006) quienes sugieren que la exposición por largo tiempo de estos organismos podría afectar la biodiversidad del suelo y en general a la funcionalidad ecológica de este ya que la toxina llega a los artrópodos por medio de los exudados de las raíces.



**Figura 5. Perfil de diversidad beta verdadera para los artrópodos del cultivo convencional y transgénico en Córdoba-Colombia.**

**Figure 5. True beta diversity profile for arthropods of the conventional and transgenic crops in Córdoba-Colombia.**

En estudios enfocados en el riesgo que puede provocar el uso de plantas transgénicas sobre la diversidad de especies de artrópodos asociadas a los cultivos realizados por Armer *et al.* (2000) no se reportaron efectos negativos, de igual forma en este estudio los resultados obtenidos coinciden con lo citado anteriormente, muchas de las especies al no tener una asociación directa con la planta no se ven afectadas, pero al tratar de hacer una generalización acerca de que este tipo de plantas no presenta algún efecto sobre los grupos de artrópodos que se encuentran asociados es muy arriesgada.

## Conclusiones

En el presente estudio la diversidad de la artropofauna asociada al agroecosistema algodón entre el cultivo convencional y transgénico no fue diferente, no se evidenció

Considering the degree of change or replacement in the species composition between the two types of agroecosystems (Figure 5), a value of 1.013 with  $q=0$  was shown. For the beta diversity of order  $q=1$  and  $q=2$  of 1.001 effective communities. These results showed that there are no differences between the effective species of the two types of agroecosystems because the values are very close to 1, showing a similarity among communities.

Regarding the analysis of true alpha and beta diversity these indicators showed values that do not differ significantly between the two crop types, indicating that for this research the diversity of arthropofauna in conventional and transgenic cotton crops is not different. Results that when compared with other researches such as that conducted by (Pilcher *et al.*, 1997; Riddick *et al.*, 1998; Armer *et al.*, 2000) show that modified species containing the Bt protein are highly selective and have no effect on the survival, development and feeding of non-target arthropod species. This contrasts with what is proposed in studies by Hilbeck *et al.* (1999); Romeis *et al.* (2004); Andow and Zwahlen (2006) suggest that long-term exposure of these organisms could affect soil biodiversity and in general the ecological functionality of soil as the toxin reaches the arthropods by means of root exudates.

In studies focused on the risk that may result from the use of transgenic plants on the diversity of arthropod species associated with crops by Armer *et al.* (2000), no negative effects were reported. In the same way, in this research, the results obtained coincide with those mentioned above. Many of the species are not affected, as they do not have a direct association with the plant, but to generalize that this type of plants does not have any effect on the associated arthropods groups is very risky.

## Conclusions

In this research, the arthropofauna diversity associated with the cotton agroecosystem in conventional and transgenic crops was not different, there was no evidence of differences between arthropod populations in the transgenic crop compared to the conventional one. The small differences that were shown are not attributed to the use of transgenic, it is possible that there are external factors that may be influencing the dynamics of arthropod groups such as the chemical control implemented by the farmers that takes

diferencias entre las poblaciones de artrópodos en el cultivo transgénico con respecto al convencional. Las pequeñas diferencias que se presentaron no se atribuyen al uso del transgénico, es posible que existan factores externos que puedan influenciar en la dinámica de los artrópodos, como el control químico que se realiza durante el desarrollo del cultivo, a fin de llevar a niveles de baja importancia económica la incidencia de artrópodos y arvenses.

## Literatura citada

- Almada, M. S.; Sosa, M. A. y Gonzales A. 2011. Araneofauna (Arachnida: Araneae) en cultivos de algodón (*Gossypium hirsutum*) transgénico y convencionales en el norte de santa fe, Argentina. *Revista biología tropical*. 60(2):611-623
- Andow, D. A. and Zwahlen, C. 2006. Assessing environmental risks of transgenic plants. *Ecology Letters*. 9:196- 214.
- Angharad, M. R.; Gatehouse, J.; Ferry, N.; Rومان, J. M. and Raemaekers, A. 2002. The case of the monarch butterfly: a verdict is returned. *Trends Genet*. 18:249-251.
- Armer, C. A.; Berry, R. E. and Kogan. 2000. Longevity of phytophagous heteropteran predators feeding on transgenic Bt-potato plants. *Entomol. Exp. Appl.* 95:329-333.
- Benamú, P. M. A. 2010. Composición y estructura de la comunidad de arañas en el sistema de cultivo de soja transgénica. Tesis de Doctorado. Universidad Nacional de la Plata, Buenos Aires, Argentina. 218 p.
- Borror, D. J. and White, R. E. 1998. A field guide to insects: America north of Mexico 19. Houghton Mifflin Harcourt. 860:371-420.
- Carapia, V. y Castilla, A. 2013. Estudio comparativo sobre la morfología *Trialeurodes vaporariorum* y *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). *Acta Biológica Mexicana (NS)*. 29(1):178-193.
- Conner, A. G. T. and Nap, P. 2003. The release of genetically modified crops into the environment. Part II. Overview of ecological risk assessment. *The Plant Journal*. 33:19-46.
- CSIRO (Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization). 1970. The insects of Australia. Melbourne University Xiii, 1029 p. ill., maps.
- Chao, C. and Jost, L. 2012. Coverage-based rarefaction and extrapolation: standardizing samples by completeness rather than size. *Ecology*. 9:2533-2547.
- Durán, J. M.; Alvarado, M.; Ortiz, E.; De la Rosa, A.; Ruiz, J. A.; Sánchez, A. y Serrano, A. 2000. Contribución al conocimiento de *Earias insulana* (Boisduval, 1833) (Lepidoptera, Noctuidae), la oruga espinosa del algodón, en Andalucía occidental. *Bol. San. Veg. Plagas*. 26:215-228.
- Feinsinger, P. 2003. El diseño de estudios de campo para la conservación de la biodiversidad. FAN (Fundación Amigos de la Naturaleza), Santa Cruz de la Sierra, Bolivia. 242 p.
- Fernández, F. y Sharkey M. J. 2006. Introducción a los Hymenoptera de la Región Neotropical. Sociedad Colombiana de Entomología y Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D. C., xxx + 894 p.
- Gatehouse, J. 2008. Biotechnological prospects for engineering insect-resistant plants. *Plant Physiol*. 146:881-887.
- place during the development of the crop, In order to bring the incidence of arthropod pests and of arthropods to levels of low economic importance.

End of the English version



- Hilbeck, A.; Moar, W. J.; Pusztai, C. M.; Filippini, A. and Bigler, F. 1999. Prey-mediated effects of Cry I Ab toxin and protoxin and Cry2A protoxin on the predator *Chrysoperla carnea*. *Entomol. Exp. Appl.* 91:305-316.
- Jost, L. 2006. Entropy and diversity. *Oikos*. 113:363-375.
- Lobos, E. 2003. Evaluación de la fauna benéfica en cultivos de algodón convencional y transgénicos con expresión de la toxina del *Bacillus thuringiensis*. INDEAS-Facultad de Agronomía y Agroindustrias-UNSE. Av. Belgrano 1912- 4200 Santiago del Estero- Argentina. [www.cnpa.embrapa.br/produtos/algodao/publicacoes/trabalhos.cba4/082.pdf](http://www.cnpa.embrapa.br/produtos/algodao/publicacoes/trabalhos.cba4/082.pdf).
- Magurran, A. 1998. Ecological biodiversity and its measurement. Princeton University Press, New Jersey. 179 p.
- McAlpine, J. F.; Peterson, B. V.; Shewell, G. E.; Teskey, H. J.; Vockeroth, J. R. and Wood, D. M. 1981. Manual of Nearctic Diptera. 1(27): 684 p.
- McGavin, G.C., 2000. Insects, spiders and other terrestrial arthropods. Dorling Kindersley Handbooks. No:5042. ISBN: 9780751307726. 160 p.
- Moreno, C. E.; Barragán, F.; Pineda, E. and Pavón, N. P. 2011. Reanálisis de la diversidad alpha: alternativas para interpretar y comparar información sobre comunidades ecológicas. *Revista Mexicana de Biodiversidad*. 82:1249-1261.
- Novillo, C.; Soto, J. y Costa, J. 1999. Resultados en España con variedades de algodón, protegidas genéticamente contra las orugas de las cápsulas. *Bol. San. Veg. Plagas*. 25:383-393.
- Pérez, G. S.; Tamajón, R.; Aldebis, H. K. y Vargas, O. E. 2009. Comunidad de arañas en cultivos de algodón ecológico en el sur de España. *Rev. Colom. Entomol*. 35:168-172.
- Pilcher, C. D.; Obrycki, J. J.; Rice, M. E. and Lewis, L. C. 1997. Preimaginal development, survival, and field abundance of insect predators on transgenic *Bacillus thuringiensis* corn. *Environ. Entomol*. 26:446-454.
- Riddick, E. W., y Barbosa, P. 1998. Impact of Cry3A-intoxicated *Leptinotarsa decemlineata* (Coleoptera: Chrysomelidae) and pollen on consumption, development, and fecundity of *Coleomegilla maculata* (Coleoptera: Coccinellidae). *Ann. Entomol. Soc. Am*. 91:303-307.
- Romeis, J.; Dutton, A. and Bigler, F. 2004. *Bacillus thuringiensis* toxin (Cry1Ab) has no direct effect on larvae of the green lacewing *Chrysoperla carnea* (Stephens) (Neuroptera: Chrysopidae). *J. Insect Physiol*. 50:175-183.
- Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica. 2000. Protocolo de Cartagena sobre seguridad de la biotecnología del convenio sobre la diversidad biológica: texto y anexos. Montreal: St. Jacques, Suite 300 Montreal, Quebec, Canadá H2Y 1N9. ISBN: 92-807-1924-6.
- Silva, C. C. A. 2005. Algodón genéticamente modificado. AGRO-BIO. Primera edición. ISBN 958-33-8396-1. 49 p.

- Singh, O. V.; Ghai, S.; Paul, D. and Jain, R. D. 2006. Genetically modified crops: success, safety assessment, and public concern. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 71:598-607.
- Sosa, M. A. and Almada, M. S. 2015. Diversity of arthropods communities in transgenic cotton varieties in Santa Fe province, Argentina. *Revista de la Facultad de Agronomía, La Plata.* 113(2):147-156.
- Tapia, C, C. A. 2010. Ecología y distribución de *Pachyphytum caesium* (Crassulaceae) especie endémica del estado de Aguascalientes. [http://www.unsj.edu.mx/investigacion/proyecto\\_habita\\_Pachyphytum.pdf](http://www.unsj.edu.mx/investigacion/proyecto_habita_Pachyphytum.pdf).
- Triplehorn, C. A and Johnson, N. F. 2005. Borror and DeLong's introduction to the study of insects. 7<sup>th</sup> edition. Thomson Brooks/ Cole, Belmont, California. 864 p.
- Whitehouse, M. E. A.; Wilson, L. J. and Fitt, G. P. 2005. A comparison of arthropod communities in transgenic Bt and conventional cotton in Australia. *Environmental Entomology.* 34:1224-1241.
- Wisniewsky, J. P.; Frangn, E. N.; Massonneau A. y Dumas C. 2002. Between myth and reality: genetically modified maize, an example of a sizeable scientific controversy. *Biochimie.* 84:1095-1103.