

Convenio de Ejecución para llevar a cabo el proyecto denominado **“Análisis genómico de especies del genero Phaseolus para el mejoramiento del frijol común (Phaseolus vulgaris), Primera Etapa”**, que celebran por una parte **Nacional Financiera, S.N.C.** en su carácter de **Fiduciaria del Fideicomiso “Fondo para la Biodiversidad”**, en lo sucesivo **“EL FONDO”**, representada por su Secretaria Técnica, la Mtra. Ana Luisa Guzmán y López Figueroa, con la intervención de la **Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad**, en lo sucesivo **“LA CONABIO”**, representada por su Coordinador Nacional, el Dr. José Aristeo Sarukhán Kermez, y por la otra parte el **Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN**, a quien en lo sucesivo se le denominará **“EL CINVESTAV”** representado por su Director de la Unidad de Genómica Avanzada, Dr. Luis Rafael Herrera Estrella, en conjunto **“LAS PARTES”**; mismo que se suscribe de conformidad con las declaraciones y cláusulas siguientes:

DECLARACIONES

I. Declara **“LA CONABIO”**, por conducto de su representante que:

- I.1 Por Acuerdo Presidencial de fecha 13 de marzo de 1992, publicado en el Diario Oficial de la Federación el 16 del mismo mes y año, modificado mediante Acuerdo publicado el 11 de noviembre de 1994, se creó **“LA CONABIO”** con el objeto de coordinar las acciones y estudios relacionados con el conocimiento y la preservación de las especies biológicas, así como promover y fomentar actividades de investigación científica para la exploración, estudio, protección y utilización de los recursos biológicos tendientes a conservar los ecosistemas del país y a generar criterios para su manejo sustentable.
- I.2 El Dr. José Aristeo Sarukhán Kermez cuenta con la capacidad legal para suscribir el presente instrumento, según lo establecido en el artículo séptimo, fracciones XII y XIV del Reglamento Interno de la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, en relación con los artículos sexto y octavo del Acuerdo de creación de dicha Comisión.
- I.3 Ha solicitado a **“EL FONDO”** apoyo para la realización de las actividades objeto del presente instrumento.
- I.4 Para los efectos legales de este instrumento, señala como su domicilio el ubicado en Liga Periférico-Insurgentes Sur número 4903, Colonia Parques del Pedregal, Delegación Tlalpan, Código Postal 14010, Ciudad de México.

II. Declara **“EL FONDO”**, por conducto de su representante que:

- II.1 Por Contrato de fecha 18 de mayo de 1993, modificado en fechas posteriores como se indica en el Convenio Modificatorio del 26 de febrero de 2010, se constituyó el Fideicomiso Fondo para la Biodiversidad en Nacional Financiera, S.N.C., en su carácter de Institución Fiduciaria, el cual está inscrito bajo el número 1077-1, cuenta con Registro Federal de Contribuyentes número NFF-930518-F76, y tiene como objeto integrar un fondo con recursos en numerario y en especie para promover, financiar y apoyar las actividades de **“LA CONABIO”**, en materia de fomento, desarrollo y administración de proyectos para la exploración, estudio, protección, utilización y difusión de los recursos biológicos tendientes a conservar los ecosistemas del país y a generar criterios para su manejo sustentable.
- II.2 La Mtra. Ana Luisa Guzmán y López Figueroa está facultada para celebrar el presente instrumento, conforme a la Escritura Pública número 144312, de fecha 11

de junio de 2010, otorgada ante la fe del Notario Público Número 151 del Distrito Federal, Lic. Cecilio González Márquez, la cual no le ha sido revocada a la fecha.

II.3 El Comité Técnico del Fideicomiso Fondo para la Biodiversidad, en su sesión de fecha 28 de octubre de 2014, con cargo a Contribución de la biodiversidad a la adaptación de cambio climático, autorizó los recursos necesarios para llevar a cabo las actividades inherentes al objeto del presente instrumento en apoyo de **"LA CONABIO"**.

II.4 Para los efectos legales de este instrumento, señala como su domicilio el ubicado en Liga Periférico-Insurgentes Sur número 4903, Colonia Parques del Pedregal, Delegación Tlalpan, Código Postal 14010, Ciudad de México.

III. Declara **"EL CINVESTAV"**, por conducto de su representante que:

III.1. Es un organismo público descentralizado con personalidad jurídica y patrimonio creado por Decreto Presidencial de fecha 17 de abril de 1961, publicado en el Diario Oficial de la Federación el 6 de Mayo del mismo año y regido por el Decreto Presidencial que mantiene su carácter de organismo público descentralizado, publicado en el Diario Oficial de la Federación el 24 de septiembre de 1982.

III.2. Tiene por objeto, "formar investigadores especialistas a nivel posgrado y expertos en diversas disciplinas científicas y tecnológicas, así como la realización de investigación básica y aplicada de carácter científico y tecnológico".

III.3. Tiene entre sus funciones "prestar servicios de asesoría de control de calidad, de enseñanza, de investigación y de elaboración y ejecución de proyectos científicos y tecnológicos a los organismos y empresas que lo soliciten".

III.4. El Dr. Luis Rafael Herrera Estrella acredita su personalidad con el testimonio de la Escritura Pública No. 160,141 de fecha 11 de Agosto del 2015, pasada ante la fe del Lic. Salvador Godínez Viera, Notario Público No. 42, de México, D.F. y se encuentra facultado para contratar y obligar a su representado.

III.5. Para los efectos legales de este instrumento, señala como su domicilio el ubicado en el Km 9.6 Libramiento Norte Carretera Irapuato-León, Código Postal 36821 Irapuato, Guanajuato, México.

III.6. Tiene la Cédula de Registro Federal de Contribuyentes (R.F.C) CIE6010281U2.

IV. Declaran **"LAS PARTES"**, por conducto de sus representantes que:

IV.1 Se reconocen la personalidad con la que se ostentan y están de acuerdo en la suscripción del presente instrumento en la forma y términos que se establecen en las siguientes:

CLÁUSULAS

Primera.- Objeto y Alcance.

"EL CINVESTAV" a través de la Unidad de Genómica Avanzada, se obliga con **"EL FONDO"** para llevar a cabo el proyecto denominado **"Análisis genómico de especies del genero Phaseolus para el mejoramiento del frijol común (Phaseolus vulgaris), Primera Etapa"**, para lo cual desarrollará las actividades y entregará los productos establecidos en el **Anexo** del presente instrumento, el cual una vez rubricado y firmado por

“EL CINVESTAV”, y por los Responsables de Seguimiento que se señalan en la cláusula Tercera, formará parte integrante del presente instrumento.

Segunda.- Pagos.

“EL FONDO” se obliga a pagar a “EL CINVESTAV” por la prestación del servicio en los términos y condiciones estipulados en este Convenio y en su **Anexo**, la cantidad de **\$1,650,000.00 (Un millón seiscientos cincuenta mil pesos 00/100 M.N.)** que cubre cualquier gasto relacionado con los servicios objeto de este Convenio. Dicha cantidad será cubierta de la siguiente forma:

1. Un anticipo de \$1,402,500.00 (un millón cuatrocientos dos mil quinientos pesos 00/100 M.N.) dentro de los cinco (05) días hábiles siguientes a la firma del presente instrumento;
2. Un pago de \$247,500.00 (Doscientos cuarenta y siete mil quinientos pesos 00/100 M.N.), dentro de los cinco (05) días hábiles siguientes a la fecha de entrega a satisfacción de “LA CONABIO”, del informe parcial establecido en el **Anexo** del presente instrumento.

Los pagos antes mencionados se efectuarán en el domicilio de “EL FONDO” o vía depósito a la cuenta que indique “EL CINVESTAV”, previa entrega del comprobante fiscal que reúna todos los requisitos fiscales.

Cualquier cantidad que no se gaste de acuerdo con el presupuesto aprobado en el Anexo deberá devolverse a “EL FONDO”.

Tercera.- Supervisión y Cumplimiento.

“EL FONDO” faculta a “LA CONABIO” para que supervise las actividades encomendadas a “EL CINVESTAV”, a fin de que verifique el cumplimiento de las obligaciones conforme a este instrumento y su **Anexo**.

“LAS PARTES” designan como responsables de seguimiento de los compromisos del presente Convenio, por parte de “LA CONABIO” y “EL FONDO” se designa a la Dra. Patricia Koleff Osorio, Directora General de Análisis y Prioridades; y por parte de “EL CINVESTAV” se designa a la C.P. Ma. Patricia López Martínez, como Responsable Administrativo y al **Dr. Alfredo Heriberto Herrera Estrella** como Responsable Técnico, quien se encargará de coordinar la realización de las actividades objeto del presente Convenio, y de atender las instrucciones que emita “LA CONABIO”, a través de su Responsable de Seguimiento.

Cuarta.- Propiedad de los Trabajos y Derechos de Autor.

“LAS PARTES” convienen que los productos que resulten como parte del cumplimiento del objeto del presente instrumento corresponderán tanto a “LA CONABIO” como a “EL CINVESTAV”, quienes contarán con plena independencia sin exclusividad, para usar o difundir de la manera que mejor les convenga dichos resultados.

“LAS PARTES” acuerdan que respecto de las obras protegidas por la Ley Federal del Derecho de Autor que se generen como parte del presente instrumento, los derechos de autor en su aspecto moral corresponderán a los autores de las mismas, en tanto que los derechos de autor en su aspecto patrimonial o conexo corresponderán tanto a “LA CONABIO” como a “EL CINVESTAV”, quienes contarán con plena independencia sin exclusividad, para usar o difundir de la manera que mejor les convenga dichos resultados. Lo anterior podrá tener excepciones o limitaciones que quedarán establecidas en los términos de referencia del **Anexo** del presente instrumento.

Quinta.- Confidencialidad.

“EL CINVESTAV”, se compromete a guardar estricta confidencialidad sobre los documentos, información, procedimientos y sistemas a que tenga acceso durante la prestación del servicio y con posterioridad al término del mismo, en el entendido de que el incumplimiento a lo dispuesto por esta cláusula obligará a “EL CINVESTAV” al pago de los daños y perjuicios ocasionados, independientemente de otras acciones civiles y/o penales a que se haga acreedora.

Sexta.- Cesión de Derechos y Obligaciones.

“EL CINVESTAV”, no podrá ceder parcial o totalmente a terceros sus derechos u obligaciones adquiridas al amparo del presente instrumento.

Séptima.- Relación Laboral.

“LAS PARTES” declaran expresamente que en ningún momento se considerará a “EL FONDO” y “LA CONABIO” como intermediarias de “EL CINVESTAV”, respecto del personal que ocupe este último para la prestación de los servicios objeto del presente Convenio. En consecuencia serán por cuenta exclusiva de “EL CINVESTAV”, el pago de salarios, indemnizaciones, riesgos profesionales o cualquier otra obligación o prestación derivada de la Ley Federal del Trabajo o de la Ley del Seguro Social, y en general de las leyes fiscales, respecto de los trabajadores, colaboradores o empleados del mismo, sin que puedan considerarse a “EL FONDO” y “LA CONABIO” por concepto alguno, como patrones directos, indirectos o sustitutos ni por el régimen de subcontratación. Así mismo, “LAS PARTES” convienen en que el presente Convenio no podrá interpretarse de manera alguna como constitutivo de cualquier tipo de asociación o de vínculo de carácter laboral ni intermediario laboral entre “EL CINVESTAV”, “EL FONDO” y “LA CONABIO”.

Octava.- Integridad y Divisibilidad.

“LAS PARTES” reconocen que el presente Convenio y su **Anexo** contienen la totalidad del acuerdo entre las partes, y supera, cancela y sustituye cualquier acuerdo, promesa, transacción, comunicación o entendimiento previo, de cualquier naturaleza, prevaleciendo lo estipulado en el presente Convenio. Así mismo, acuerdan que en caso de que alguna de sus cláusulas resulte ser ilegal, nula o no ejecutable de conformidad con cualquier ley presente o futura, las cláusulas restantes estarán vigentes y no se verán afectadas.

Novena.- Vigencia.

El presente instrumento es obligatorio para “LAS PARTES”, entrará en vigor el día de su firma y estará vigente hasta la entrega del último producto establecido en el **Anexo** del presente instrumento a satisfacción de “LA CONABIO”.

Décima.- Modificaciones.

“LAS PARTES”, acuerdan que el presente instrumento podrá ser modificado, mediante la suscripción de común acuerdo por “LAS PARTES” de un Convenio Modificatorio.

Décima Primera.- Terminación Anticipada.

“EL FONDO”, mediante notificación por escrito a “EL CINVESTAV”, emitida por lo menos con 15 (Quince) días naturales de anticipación, podrá dar por terminado de manera anticipada el presente Convenio por causas que así lo justifiquen. En tales casos, se pagarán los servicios realizados hasta la fecha de la terminación.

Décima Segunda.- Rescisión.

“LAS PARTES” convienen en que este instrumento podrá ser rescindido de pleno derecho y sin necesidad de declaración judicial, en caso de que “EL CINVESTAV” no cumpla con cualquiera de las obligaciones de las que sea sujeto en virtud de este Convenio; o no las cumpla de la manera convenida; o por infringir las disposiciones jurídicas que rigen este

cumpla de la manera convenida; o por infringir las disposiciones jurídicas que rigen este documento. Así mismo, será causa de rescisión del presente Convenio la transmisión total o parcial, por cualquier título, de los derechos derivados de este Convenio sin la aprobación expresa y por escrito de "EL FONDO".

En caso de presentarse alguno de los supuestos anteriores, "EL FONDO" lo notificará a la "EL CINVESTAV", quien contará con un plazo de 10 (diez) días hábiles contados a partir de dicha notificación para manifestar lo que a su derecho convenga, así como para aportar las pruebas que estime pertinentes. Transcurrido el término señalado, "EL FONDO", tomando en cuenta los argumentos y pruebas ofrecidas por "EL CINVESTAV" determinará de manera fundada y motivada si resulta procedente o no rescindir el presente Convenio, lo cual se notificará por escrito a "EL CINVESTAV". En caso de resultar procedente la rescisión, en la misma notificación se establecerá los términos en que ésta operará.

Si "EL CINVESTAV" no manifiesta argumento alguno dentro del término antes señalado se entenderá que ha reconocido su incumplimiento, y se procederá a notificarle la rescisión del presente instrumento y los términos en que ésta operará.

"EL FONDO" se reserva el derecho a ejercer en contra de "EL CINVESTAV" mediante la vía judicial, las acciones legales que considere necesarias para exigir la reparación de los daños y perjuicios ocasionados por el incumplimiento de los compromisos pactados en el presente Convenio con motivo de su rescisión.

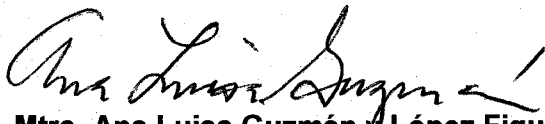
"LAS PARTES" manifiestan su conformidad para que en caso de rescisión del presente Convenio, corresponderán a "LA CONABIO" y "EL FONDO", la propiedad de los trabajos entregados durante la vigencia del mismo y hasta la fecha de su rescisión, así como la titularidad de los derechos de autor en su aspecto patrimonial.

Décima Tercera.- Interpretación y Controversias.

Este Convenio es producto de la buena fe, por lo que todo conflicto que resulte de su ejecución, interpretación, cumplimiento y todo aquello que no esté expresamente establecido en el mismo, se resolverá de mutuo acuerdo, y en el caso de no lograrse un acuerdo entre "LAS PARTES", éstas se someterán a la jurisdicción de los tribunales federales competentes en la Ciudad de México, renunciando desde este momento al fuero que les pudiera corresponder en razón de sus respectivos domicilios presentes o futuros.

Leído que fue el presente instrumento y enteradas "LAS PARTES" de sus términos y alcances legales, lo firman por duplicado en la Ciudad de México, a los 9 días del mes de septiembre de 2016.

"EL FONDO"


Mtra. Ana Luisa Guzmán y López Figueroa
Secretaria Técnica del Fideicomiso Fondo
para la Biodiversidad

"EL CINVESTAV"


Dr. Luis Rafael Herrera Estrella
Director de la Unidad de Genómica
Avanzada del CINVESTAV IPN

"LA CONABIO"



Dr. José Aristeo Sarukhán Kermez
Coordinador Nacional

**Responsable Técnico de "EL
CINVESTAV"**



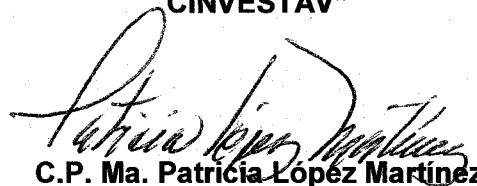
Dr. Alfredo Heriberto Herrera Estrella

**Responsable de seguimiento de "LA
CONABIO" y de "EL FONDO"**



Dra. Patricia Koleff Osorio
Directora General de Análisis y
Prioridades

**Responsable Administrativo de "EL
CINVESTAV"**



C.P. Ma. Patricia López Martínez

La presente hoja de firmas corresponde al **Convenio de Ejecución** para llevar a cabo el proyecto denominado **"Análisis genómico de especies del genero Phaseolus para el mejoramiento del frijol común (Phaseolus vulgaris), Primera Etapa"**, que celebran por una parte **Nacional Financiera, S.N.C.** en su carácter de **Fiduciaria del Fideicomiso Fondo para la Biodiversidad**, con la intervención de la **Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad**, y por otra parte el **Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN**, a los 9 días del mes de septiembre de 2016.

Anexo del Convenio de Ejecución que celebran por una parte **Nacional Financiera S.N.C.** en su carácter de **Fiduciaria del Fideicomiso Fondo para la Biodiversidad**, con la intervención de la **Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad** y por otra parte el **Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional**, de fecha 9 de septiembre de 2016.

Generalidades.

ANÁLISIS GENÓMICO DE ESPECIES DEL GENERO PHASEOLUS PARA EL MEJORAMIENTO DEL FRIJOL COMÚN (*PHASEOLUS VULGARIS*), PRIMERA ETAPA.

Institución u organización: Centro de Investigación y de Estudios Avanzadas (CINVESTAV).

Dependencia: Unidad de Genómica Avanzada (LANGEBIO).

Domicilio: Km 9.6 Libramiento Norte Carretera León, 36821 Irapuato, Guanajuato.

Teléfono: 52 462 166 3000.

Responsable técnico del proyecto: Dr. Alfredo Heriberto Herrera Estrella.

Teléfono: 52 462 166 3041; 52 462 166 3010 **Correo electrónico:** alfredo.herrera@cinvestav.mx

Grupo taxonómico primera etapa: *Phaseolus vulgaris* L. y *Phaseolus acutifolius*.

Grupo taxonómico programa completo: *Phaseolus vulgaris* L., *Phaseolus acutifolius*, *Phaseolus coccineus*, *Phaseolus lunatus*, *Phaseolus dumosus*, *Phaseolus parvifolius* y *Phaseolus albescens*.

Región geográfica: México

Monto total solicitado primera etapa: \$1,650,000.00 (Un millón seiscientos cincuenta mil pesos 00/100 M.N.)

Duración del proyecto primera etapa: 12 meses.

Resumen.

El frijol en México se considera un producto estratégico en el desarrollo rural y social del país, con una gran tradición productiva y de consumo, y que cumple diversas funciones tanto de carácter alimentario como para el desarrollo socioeconómico. Existen 570 mil productores dedicados al cultivo de frijol, la superficie cultivada promedio del frijol es de 2.3 millones de hectáreas por año, ocupando el segundo lugar en importancia dentro de la superficie sembrada total a nivel nacional, sólo después del maíz. Los principales países productores del mundo llegan a obtener un rendimiento de hasta 1.86 ton/ha, mientras que en México se obtienen rendimientos promedio inferiores a una ton/ha. Entre los factores que limitan su producción en el país se encuentran las enfermedades, las cuales causan pérdidas en el rendimiento que van desde un 25 hasta un 50%. Sin embargo, la principal limitante en su producción, la constituye la escasa disponibilidad de agua. Por ejemplo, durante el año 2011, debido a la sequía que afectó a las principales entidades productoras, la cosecha de frijol se redujo a 45.3% y la producción cayó 50.9% con relación a 2010 (SAGARPA, 2012).

La fuente de información para el desarrollo futuro de programas de mejoramiento de

cultivos y por tanto para la alimentación humana, reside en la enorme diversidad genética que existe entre las especies vegetales silvestres y cultivadas. Por ello, para resolver esta problemática pretendemos aprovechar el hecho de que México cuenta con algunos de los reservorios de biodiversidad silvestre y domesticada más importante para la preservación del patrimonio biológico y de la seguridad alimentaria de la humanidad.

Así, proponemos explorar la diversidad genética existente en diferentes especies del genero *Phaseolus* para el desarrollo de nuevas variedades de *Phaseolus vulgaris* (frijol común). Con estos resultados se podrá acelerar la incorporación de información genética derivada de especies silvestres en especies cultivadas. Así se podrían usar caracteres de tolerancia a la carencia de agua, a altas temperaturas o a enfermedades, presentes en la gran variedad de especies silvestres.

Palabras clave.

Frijol, genoma, mejoramiento, cambio climático.

Introducción.

La Biodiversidad de México es crítica para sus habitantes y para toda la humanidad. El enorme patrimonio biológico de México y los cambios acelerados a los cuales esta siendo sometida transforman a nuestro país en una fuente de oportunidades. México cuenta con algunos de los reservorios de biodiversidad silvestre y domesticada más importante para la preservación del patrimonio biológico y de la seguridad alimentaria de la humanidad. Los especialistas estiman que en México podrían existir 36,000 especies de plantas. Esto significa que el 9% de las plantas del mundo están en México. De estas especies, al menos 10,000 son endémicas, es decir que sólo habitan en nuestro país.

Una manera efectiva de conocer y hacer un uso adecuado de esa diversidad es determinar la información genética de la que se deriva, como se ha modificado esta información (genoma) a través de la evolución y por el manejo por el hombre desde su domesticación y por miles de años. Así como la capacidad de intercambio de material genético entre especies silvestres y cultivadas.

La protección y manejo adecuado de la biodiversidad, lejos de ser un lujo, son fundamentales para el bienestar humano. La fuente de información para el desarrollo futuro de programas de mejoramiento de cultivos y por tanto para la alimentación humana, reside en la enorme diversidad genética que existe entre las especies vegetales silvestres y cultivadas.

El análisis de la información genética de especies silvestres y cultivadas nos permitirá identificar genes que son de gran importancia para la producción de nuevas variedades. Podremos entonces hacer mejoramiento convencional o por ingeniería genética para incrementar la producción de cultivos de importancia alimentaria, que permitan alimentar a la creciente población humana. Se podría identificar y llevar a cabo o acelerar la incorporación de información genética derivada de especies silvestres en especies cultivadas. Así, por ejemplo, se podrían usar caracteres de tolerancia a la carencia de agua, a altas temperaturas o a enfermedades.

Este proyecto se ha dividido en tres etapas con la finalidad de lograr los objetivos propuestos. En la presente propuesta se plantean los objetivos correspondientes a la Etapa 1, la cual tendría una duración de 12 meses. En la cual se proyecta establecer secuencias genómicas de referencia de *P. vulgaris* y *P. acutifolius*.

En las dos etapas subsecuentes se propone secuenciar genomas completos de las especies antes referidas, dada su importancia a nivel agronómico y potencial impacto

económico. Secuenciaremos hasta generar genomas de referencia (60X; tecnología PacBio Sequel) las otras cuatro especies domesticadas por el hombre: *P. coccineus* L. (frijol ayocote), *P. lunatus* L. (frijol comba), *P. dumosus* (frijol gordo) y *P. acutifolius* Gray (frijol tepari). Adicionalmente secuenciaremos como genoma de referencia a *P. parvifolius*, la cual al igual que *P. coccineus* presenta tolerancia a diferentes tipos de estrés biótico y abiótico, para que pueda usarse para fines de mapeo genómico. Así mismo, secuenciaremos *P. albescens*, una especie que puede ser cruzada con *P. vulgaris*.

Antecedentes.

Diversidad genética en el género *Phaseolus*.

El cultivo de frijol (*Phaseolus*) es uno de los más antiguos del mundo. Desde que fue domesticado, el frijol combinado con el maíz ha constituido la base de la alimentación de los mexicanos. Esta leguminosa se ha cultivado en América durante miles de años (Brick y Burgener, 2007) debido a su disponibilidad y al hecho de que es una excelente fuente de proteínas, hidratos de carbono, fibra, y minerales. Se considera que en total existen alrededor de 75 especies (Delgado-Salinas *et al.*, 2006), siendo México el mayor reservorio de especies del género (Figura 1). Entre ellas, destacan cinco especies que el hombre ha domesticado: *P. vulgaris* L. (frijol común), *P. coccineus* L. (frijol ayocote), *P. lunatus* L. (frijol comba), *P. dumosus* (frijol gordo) y *P. acutifolius* Gray (frijol tepari).

Los estados de la República mexicana con mayor diversidad de especies silvestres de *Phaseolus* son Jalisco, con 24 especies, de las cuales tres son endémicas; Durango con 22 especies, pero ninguna de ellas endémica; Oaxaca con 20 especies, de las cuales tres son endémicas y Chiapas con 15 especies, pero sólo una endémica; en cambio, Nuevo León que cuenta con diez especies, cuatro de ellas sólo ocurren dentro de su territorio (Delgado-Salinas, 2012).

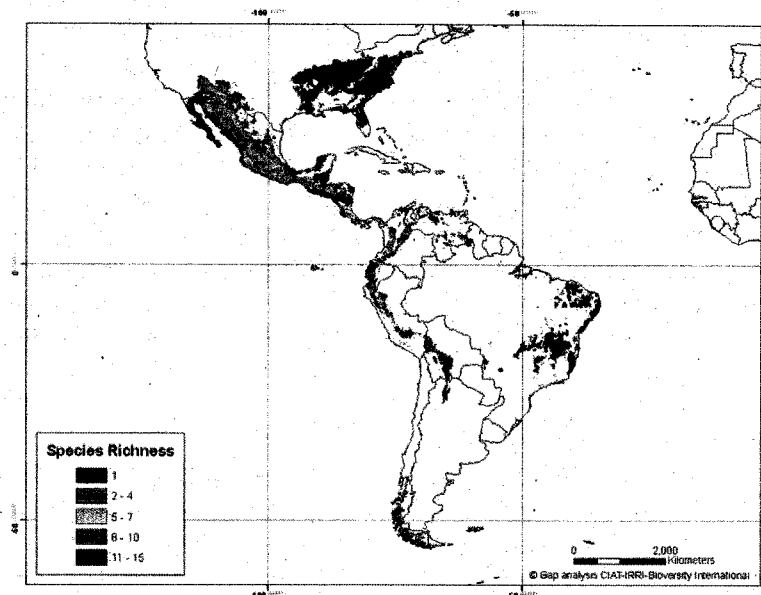


Figura 1. Distribución de la riqueza de especies del género *Phaseolus*. Fuente: <http://gisweb.ciat.cgiar.org/GapAnalysis/>

Como resultado de la domesticación, el frijol silvestre experimentó importantes cambios morfológicos y fisiológicos entre los que destacan el cambio en el hábito de crecimiento (trepador en silvestres contra crecimiento arbustivo en plantas domesticadas), gigantismo de la hoja, vaina y semilla, pérdida de la dispersión espontánea de las semillas, así como la aparición de variedad de tamaños, formas y colores de las semillas, todas éstas, características valiosas para el agricultor (Sonnante *et al.*, 1994; Gepts y Debouck, 1991;

Gepts, 1998). Sin embargo, este proceso conlleva la pérdida de diversidad genética.

Dentro de los frijoles cultivados para consumo humano, podemos distinguir a los frijoles criollos y a los mejorados. El frijol criollo surge de manera natural como resultado del proceso evolutivo de domesticación e históricamente ha sido sembrado por los campesinos en forma local en casi todos los estados de la República, manteniendo una amplia variedad en la morfología y color de las semillas. Por otro lado, el frijol mejorado es producto del mejoramiento genético dirigido por el hombre para obtener las características de su interés, ya sea conferir resistencia a ciertos patógenos, tales como virus, hongos y bacterias, o incrementar rendimiento, tamaño de la semilla, permeabilidad, etc.

Importancia socioeconómica.

Según estudios de la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO), el frijol es la leguminosa más importante destinada al consumo humano directo en todo el mundo. Este cultivo es producido en América Latina, África, el Medio Oriente, China, Europa, Estados Unidos y Canadá. En América Latina, es un alimento tradicional e importante, especialmente en Brasil, México, América Central y el Caribe. El rendimiento promedio mundial de frijol en el período 2000-2009 se situó en 1.27 toneladas por hectárea (ton/ha). De los principales países productores del mundo, sólo Estados Unidos y China obtuvieron un rendimiento superior, de 1.86 y 1.53 ton/ha, respectivamente. Países como Indonesia, Brasil, India, Myanmar y México, obtuvieron un rendimiento promedio inferior al promedio mundial, es decir, de menos de una ton/ha. El crecimiento del consumo mundial de frijol se ha mantenido a una tasa de 1.8% en promedio anual para el periodo de 2000-2007, es decir, en la misma magnitud que el crecimiento de la producción. Para el año 2009, el consumo mundial de esta leguminosa se situó en 15.9 millones de toneladas, cifra superior en 3.8% respecto al año anterior.

En México, el frijol ha formado parte importante de la cultura gastronómica, ya que en muchas ocasiones la proteína vegetal es la única opción de consumo debido principalmente a la economía de gran parte de la población, llegando a constituir hasta el 15% de la dieta en las zonas más marginadas (el maíz aporta hasta el 65%). La combinación frijol-maíz logra el aporte de hasta el 70% de las calorías requeridas y el 50% del requerimiento de proteínas (Castellanos *et al.*, 1997). Además, la combinación potencializa el valor nutritivo de la proteína ingerida ya que el frijol aporta aminoácidos esenciales (lisina y triptófano) deficientes en maíz y éste a su vez aporta los aminoácidos azufrados (metionina y cisteína) deficientes en el frijol (Reyes-Moreno y Paredes-López, 1993). El frijol contiene también una gran cantidad de compuestos nutracéuticos que varían dependiendo de la especie y color, tales como fibra, inhibidores de proteasa, ácido fítico, polifenoles y taninos (Espinosa-Alonso *et al.*, 2006).

Situación del cultivo del frijol en México.

El frijol en México se considera un producto estratégico en el desarrollo rural y social del país, con una gran tradición productiva y de consumo, y que cumple diversas funciones tanto de carácter alimentario como para el desarrollo socioeconómico. El frijol se cultiva en casi todas las regiones del país y condiciones de suelo y clima (Figura 2). Oficialmente existen 570 mil productores dedicados al cultivo de frijol, que generaron alrededor de 382 mil empleos permanentes en el año 2004, según datos de la SAGARPA. De acuerdo con esta misma institución, la superficie cultivada promedio del frijol es de 2.3 millones de hectáreas por año, con una producción anual de 0.9 a 1.3 millones de toneladas, de las cuales 67% proviene de pequeños agricultores. Por lo anterior, el frijol ocupa el segundo lugar en importancia dentro de la superficie sembrada total a nivel nacional, sólo después del maíz. La producción de frijol se encuentra concentrada en entidades federativas como son: Zacatecas, Sinaloa, Durango, Chiapas, Chihuahua, Nayarit, y San Luis Potosí, que se caracterizan por sus climas propicios para el cultivo de esta leguminosa.



Figura 2. Regiones productoras de frijol en México, 2000-2010 (Fuente: SIAP)

Mejora genética: Hibridación y uso de genotipos silvestres.

La protección y manejo adecuado de la biodiversidad, lejos de ser un lujo, son fundamentales para el bienestar humano. La fuente de información para el desarrollo futuro de programas de mejoramiento de cultivos y por tanto para la alimentación humana, reside en la enorme diversidad genética que existe entre las especies vegetales silvestres y cultivadas, que puede aprovecharse a través de hibridaciones o cruzas para, poco a poco, introducir rasgos de interés morfoagronómico en nuevas variedades.

El frijol domesticado junto con sus correspondientes silvestres, constituyen el denominado acervo genético 1 dentro del cual, las hibridaciones son viables y frecuentes. Hibridaciones inter-especie han sido también descritas en miembros del grupo Vulgaris (acervo genético 2) entre *P. coccineus*, *P. vulgaris*, *P. constaricensis*, *P. dumosus* (Blair *et al.*, 2006); hibridaciones entre especies evolutivamente menos relacionadas (acervo genético 3) requieren rescate de embriones y sólo se han logrado entre *P. vulgaris* con *P. parvifolius* y *P. acutifolius*; finalmente, en el acervo 4, cruzas de *P. vulgaris* con *P. lunatus* no han sido posibles, aunque es posible obtener híbridos de *P. lunatus* y *P. polystachius*. Las hibridaciones aquí descritas se limitan, hasta el momento, a unas cuantas especies exploradas. Sin embargo, la posibilidad de eventos de entrecruzamiento y flujo genético de otras especies hacia variedades cultivadas, sigue abierta.

Dado que los frijoles silvestres son capaces de crecer en un amplio rango de condiciones ambientales, además de estar expuestos a infecciones por virus, bacterias y hongos que son normalmente muy agresivos para cultivos mejorados, la cruce de especies dentro del género resulta sumamente interesante para introducir rasgos de interés comercial y agronómico. Algunos casos exitosos, fundamentalmente relacionados a la adquisición de resistencia se describen en la tabla 1. Desafortunadamente, otros rasgos de tolerancia a estrés abiótico o rendimiento han sido más difíciles de introducir. Estos resultados apuntan hacia la importancia del uso de frijoles silvestres, así como de especies hermanas a *P. vulgaris* en la búsqueda de rasgos de interés agronómico.

Un ejemplo exitoso del uso de esta diversidad biológica en cultivos de gran importancia lo encontramos en el arroz, donde la simple cruce de una sola especie silvestre de arroz, *Oryza nivara*, ha provisto de protección contra el virus del enanismo de los pastos en casi todas la variedades de arroz en Asia los últimos 36 años.

Problemática.

Entre los factores bióticos que limitan la producción en el país se encuentran las enfermedades conocidas como pudriciones de raíz y la antracnosis, las cuales causan

pérdidas en el rendimiento que van desde un 25 a más del 50%. *Rhizoctonia solani*, *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, *F. solani* f. sp. *phaseoli*, *Sclerotium rolfsii* y *Pythium* spp., se han reportado entre los principales hongos causantes de pudriciones de raíz. *Colletotrichum lindemuthianum* es el hongo causante de la antracnosis del frijol. Este patógeno muestra una gran diversidad, en el mundo se han reportado más de 100 patotipos de este hongo, de los cuales tan sólo en México se han reportado 50. Otras enfermedades importantes son: mancha angular (*Phaeoisariopsis griseola*), mustia hilachosa (*Rhizoctonia solani*), roya (*Uromyces appendiculatus*), tizón bacterial común (*Xantomonas campestris* pv *phaseoli*) y virus del mosaico común (BGMV).

Sin embargo, la principal limitante en su producción, la constituye sin duda la escasa disponibilidad de agua, fenómeno que se agudiza en regiones con bajo régimen pluvial como Zacatecas, Durango y Chihuahua. Durante el año 2011, el ciclo primavera-verano fue un periodo crítico para el cultivo del frijol debido a la gravísima sequía que afectó a las principales entidades productoras: la cosecha de frijol se redujo en 58.9% en Zacatecas, 72.3% en Chihuahua y 81.9% en Durango. De acuerdo con la información preliminar de la SAGARPA, ese año la superficie cosechada de frijol en México se redujo a 45.3%, 40.2% del área sembrada fue prácticamente destruida, los rendimientos medios disminuyeron a 10.7% y la producción cayó 50.9% con relación a 2010.

Si bien el hombre ha satisfecho la demanda de alimento mediante el incremento de producción a través del uso de mejoramiento genético, fertilizantes, pesticidas, agua y el empleo de una mayor extensión de tierras de cultivo, estos recursos escasean día con día rápidamente. Considerando además el excesivo aumento de la población y que se estima para el año 2030 un incremento de 50%, será un gran reto abastecer de alimento a toda la población mundial. Por otro lado, considerando que las tierras de cultivo disminuirán, así como los recursos naturales (agua, fertilidad del suelo, etc.), es urgente adoptar sistemas de producción y agricultura más eficientes y sostenibles.

México es reconocido como centro primario de domesticación y diversidad genética del frijol (Gepts y Debouck, 1991, Figura 1). La diversidad de poblaciones silvestres del frijol, así como de otros parientes silvestres del género *Phaseolus*, son un importante reservorio genético, ya que muchas de ellas cuentan con genes de tolerancia a factores ambientales adversos (frío, sequía, calor, enfermedades y plagas). A pesar de ello, estas poblaciones están muy poco representadas en los Bancos de Germoplasma y subutilizados en programas de mejoramiento. Algunas poblaciones de frijol silvestre han desaparecido por completo y en otras se ha reducido significativamente el número de individuos, con la consecuente deriva genética. El aumento de las amenazas a los hábitats naturales y de los sistemas de cultivo, hacen imprescindible coleccionar, conservar y caracterizar la diversidad inter- e intraespecífica de los parientes silvestres con el fin de mitigar los estreses bióticos y abióticos provocados por el cambio climático.

¿Cómo acelerar los programas de mejoramiento de frijol?

Puesto que no contamos con herramientas biotecnológicas o de ingeniería genética que nos permitan manipular de manera eficiente las plantas de frijol, se vuelve indispensable agilizar los programas de mejoramiento. Una manera efectiva de lograrlo es a través del estudio de la información genética de las variedades y especies de frijoles con que México cuenta, como se ha modificado esta información (genoma) a lo largo de la evolución y por el manejo por el hombre desde su domesticación, así como la capacidad de intercambio de material genético entre más especies silvestres y cultivadas. El análisis profundo de esta información genética nos permitirá identificar genes y marcadores moleculares de gran importancia para la producción de nuevas variedades, que sean tolerantes a la carencia de agua, a altas temperaturas o a enfermedades.

En los últimos años, los programas de mejoramiento se han visto beneficiados por la aplicación de técnicas de genética molecular, como es la mejora asistida por marcadores (MAS), generalmente tipo SNP (del inglés Single Nucleotide Polymorphism, polimorfismo de un solo nucleótido), y que requiere que previamente se haya realizado la identificación, etiquetado y mapeo de loci de QTLs de interés (Miklas et al., 2006). De forma general, las ventajas de la MAS incluyen una reducción en el tiempo y esfuerzo, y una mayor eficiencia (Dwivedi et al., 2007; Jena y Mackill, 2008). Para el empleo de la MAS se requiere la existencia de un mapa de ligamiento genético, es decir, representaciones gráficas que muestran el orden de los genes en un cromosoma y donde dicho orden está basado en las frecuencias de recombinación entre los genes.

Recientemente se ha propuesto el uso de la "selección genómica", basada en la estimación de efectos simultáneos de todos los loci, haplotipos y marcadores genéticos disponibles directamente sobre el fenotipo de la planta (Pérez de Castro et al., 2012). Por tanto, generar información acerca de las variantes de secuencia y polimorfismos (SNPs) de variedades cultivadas, mejoradas y silvestres, permitirá diseñar modelos que asocien rasgos morfoagrogenómicos a datos genotípicos de manera directa y a gran escala. Actualmente, las herramientas de genotipificación masivas permiten acelerar la detección de variantes de secuencia en un gran número de individuos a bajo costo. A pesar de que ya contamos con dos genomas de frijol común secuenciados, uno del acervo Mesoamericano, y otro del Andino, con las nuevas tecnologías de secuenciación masiva disponibles, se deben generar verdaderos genomas de referencia.

Objetivo general.

Elucidación del genoma de especies del género *Phaseolus* para su utilización en el descubrimiento de genes novedosos y la introgresión de caracteres de interés agronómico en nuevas variedades comestibles.

Objetivo particular.

Establecer una secuencia genómica de referencia para dos especies del género *Phaseolus*.

Métodos.

Estrategia.

1. Generación de genomas de referencia.

A pesar de que contamos con dos genomas de genotipos cultivados de *P. vulgaris*, planteamos secuenciar con mejor tecnología la línea BAT93, para obtener un verdadero genoma de referencia que nos dé total certidumbre para su utilización en programas de mejoramiento genético. Se usará tecnología de lecturas largas (PacBio Sequel), ya que se espera obtener un mucho mejor ensamblado, mismo que es esencial para ligar al mapa genético y obtener información muy útil en el mejoramiento. En este caso ligaremos la secuencia física del genoma a mapas genéticos con mucha facilidad, ya que contamos con datos de genotipificación por secuenciación masiva de (Huang et al. 2009; GBS) un conjunto de 60 líneas F5 de una cruce avanzada BAT93 x Jalo EEP558, y existen 827 secuencias marcadoras en bases de datos públicas. Además de contar también con la secuencia del genoma de Jalo EEP558. Esto nos permitirá corregir el ensamblado y asignar las secuencias a los 11 cromosomas del frijol común. Adicionalmente se propone secuenciar el genoma completo de *P. acutifolius* dada su importancia a nivel agronómico. Secuenciaremos con una profundidad sesenta equivalentes del genoma, asumiendo un tamaño aproximado de 600 Mbp (60X).

2. Desarrollo de marcadores moleculares a gran escala.

Los polimorfismos y variantes de secuencia determinados por estrategias de secuenciación masiva dentro del género, podrán aprovecharse como marcadores en programas de

mejora, análisis de diversidad genética, identificación de cultivares, análisis filogenéticos, caracterización de recursos genéticos y asociación con caracteres agronómicos. A mediano plazo, dichos marcadores permitirán la elaboración de mapas de ligamiento genético saturados que sean fácilmente utilizados por los mejoradores previo a la liberación de nuevos cultivares al mercado.

Materiales y métodos.

Secuenciación de Genomas. Para la secuenciación de los genoma de referencia usaremos tecnología PacBio RS Sequel, que resuelve moléculas sencillas en tiempo real, produce fragmentos de hasta 60 kb, elimina problemas con secuencias repetida, y por tanto resulta en un ensamblado más sencillo de llevar a cabo y de mejor calidad. Con esta tecnología buscaremos una cobertura de 60 equivalentes del genoma (60X).

Análisis de polimorfismos de un solo nucleótido.

Los SNPs serán llamados usando el comando "mpileup" de SAMtools (0.1.18) (Li et al. 2009), "bcftools" con el resultado de "mpileup" y subsecuentemente filtrados usando "vcfutils varFilter". Los SNPs falsos provocados por alineamientos erróneos serán corregidos usando el propio "mpileup". A partir de los archivos bam, construiremos la secuencia consenso para cada uno de las accesiones usadas usando el comando "mpileup" y "bcftools".

Determinación de eventos de Introgresión.

Para determinar el flujo de genes entre diferentes especies de *Phaseolus*, o dentro de diferentes accesiones de la misma especie, usaremos el estadístico ABBA-BABA usado para comparar humanos con Neandertales (Green et al., 2010).

Lista de Resultados y Productos de la primera etapa.

Entregables Primera Etapa.

- Secuencia de dos genomas de referencia de especies de *Phaseolus*, incluido *P. vulgaris*;
- Base de datos con toda la información genómica obtenida;
- Las metodologías empleadas para la generación de datos moleculares y su análisis de manera detallada;
- El tipo de datos moleculares usados;
- Los datos moleculares y fenotípicos generados;
- El análisis a partir de los datos generados en el proyecto como se especifica en el mismo;
- y
- La presentación de los resultados en al menos un Congreso, ya sea como ponencia o por medio de cartel.

Calendario de actividades.

Programa de actividades Primera Etapa.

ACTIVIDAD	Cuatrimestre 1	Cuatrimestre 2	Cuatrimestre 3
Obtención de materiales			
Informe parcial (mes 6)			

Secuenciación de Genomas de referencia de <i>P. vulgaris</i> y <i>P. acutifolius</i>			
Ensamblado de genomas de <i>P. vulgaris</i> y <i>P. acutifolius</i>			
Identificación de SNPs			
Entrega de productos e informe final (mes 12)			

Indicadores de éxito.

Primera etapa.

- Secuencias genómicas de referencia de *P. vulgaris* y *P. acutifolius*.

Presupuesto primera etapa.

Calendario Financiero	
Partida	Costo (miles de pesos)
Gasto Corriente	
Artículos, materiales y útiles Diversos	\$1,200,000
Personal (posdoctorante)	\$360,000
Pasajes	\$20,000
Viáticos	\$20,000
Total Gasto Corriente	\$1,600,000
Gasto Inversión	
Equipo de computo	\$50,000
Total gasto de inversión	\$50,000
Gran Total	\$1,650,000

Justificación del presupuesto.

Gasto corriente primera etapa: \$1,600,000.00 (Un millón seiscientos mil pesos 00/100 M.N.)

- **Artículos, materiales y útiles diversos.** Incluye material desechable de uso cotidiano como puntas para micropipetas, tubos 1.5ml para microcentrifuga, tubos falcon (20 y 50ml) para extracciones de DNA a gran escala, papel absorbente, macetas, medios de cultivo para plantas MS. Reactivos y kits para extracción de ácidos nucleicos, enzimas y reactivos para llevar a cabo experimentos de PCR (taq DNA polimerasa, nucleótidos, iniciadores) **y lo mas costoso de todo pago de servicios de secuenciación, que consumirá 80-90% de los costos de este rubro.** Material de cristalería (vasos de precipitados, matraces, probetas) necesario para la preparación de soluciones. Todo este material es indispensable para poder llevar a cabo los experimentos y se necesita durante todas las etapas de realización del proyecto.
- **Personal** (posdoctorante).
- **Pasajes y Viáticos.** Se utilizarán estos recursos para participación en reuniones de trabajo con el resto de los miembros del consorcio.

Gasto de inversión primera etapa: \$50,000.00 (Cincuenta mil pesos 00/100 M.N.)

Tarjetas de memoria para un servidor. Se requiere para llevar a cabo el ensamblado de genomas, análisis filogenéticos, e identificación de SNPs. El servidor con el que contamos requiere un upgrade para llevar a cabo algunos de este tipo de análisis en el servidor, lo cual es más eficiente.

Lista de participantes.

Cinvestav-Campus Guanajuato. Dr. Alfredo Herrera Estrella, Dra. Martha Rendón Anaya, IBQ Pedro Martínez, y un estudiante de maestría, por definir.

Referencias

1. Blair MW et al. (2006) Microsatellite marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theor. Appl. Genet.*, 113:100-109.
2. Brick, M.A. y P. Burgener. "Colorado Beans News. Origin and World Production" <www.csuag.com/cbn> vol. 20(1), (2007): 7.
3. Broughton WJ, Hernández G, Blair M, Beebe S, Gepts P, Vanderleyden J. (2003) Beans (*Phaseolus* spp.) – model food legumes. *Plant Soil.*, 252: 55-128.
4. Castellanos JZ, Guzmán-Maldonado SH, Jiménez A, Mejía C, Muñoz-Ramos JJ, Acosta-Gallegos JA, Hoyos G, López-Salinas E, González ED, Salinas-Pérez R, González-Acuña J, Muñoz-Villalobos JA, Fernández-Hernández P, Cázares B. (1997). Preferential habits of Mexican consumers of common beans (*Phaseolus vulgaris* L). *Arch. Lat. Nutr.*, 27: 163-167.
5. Delgado-Salinas, A. O.; Bibler, R. and Lavin, M. 2006. Phylogeny of the genus *Phaseolus* (Leguminosae): A recent diversification in an ancient landscape. *Syst. Bot.*, 31:779-791.
6. Delgado-Salinas, A. O. 2012. La historia natural del frijol (*Phaseolus*). In: el frijol. Un regalo de México al mundo. Fundación Herdez. www.fundacionherdez.com.mx. 17-18 pp.
7. Dohm JC, Minoche AE, Holtgräwe D, Capella-Gutiérrez S, Zakrzewski F, Tafer H, Rupp O, Sørensen TR, Stracke R, Reinhardt R, et al. 2014. The genome of the recently domesticated crop plant sugar beet (*Beta vulgaris*). *Nature*, 505: 546-549.
8. Dwivedi, S.L. et al. 2007 "The molecularization of public sector crop breeding: Progress, problems, and prospects". *Adv. Agron.*, 95:163-318.
9. Espinosa-Alonso LG, Lygin A, Widholm J M, Valverde ME, Paredes-Lopez O. 2006 Polyphenols in wild and weedy Mexican common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) *J. Agric. Food Chem.*, 54: 4436-4444.

10. Gepts P. 1998. Origin and evolution of common bean: past events and recent trends. *Hort. Sci.*, 33:1124-1130.
11. Gepts, P. y D.G. Debouck. "Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)". En: *Common beans: Research for crop improvement*. A.v. Schoonhoven y O. Voysest (Eds.) CIAT-C.A.B. International, Wallingford, Oxon, UK, 1991, pp. 7-53.
12. Green, R. E., Krause, J., Briggs, A. W., Maricic, T., Stenzel, U., Kircher, M., & Mullikin, J. C. 2010. A draft sequence of the Neandertal genome. *Science*, 328: 710-722.
13. Huang X, Feng Q, Qian Q, Zhao Q, Wang L, Wang A, Guan J, Fan D, Weng Q, Huang T, et al. 2009. High-throughput genotyping by whole-genome resequencing. *Genome Res.* 19: 1068-1076.
14. Jena, K.K. y D.J. Mackill. 2008. Molecular markers and their use in marker-assisted selection in rice. *Crop Sci.*, 48:1266-1267.
15. Li H, Handsaker B, Wysoker A, Fennell T, Ruan J, Homer N, Marth G, Abecasis G, Durbin R. 2009. The Sequence alignment/map (SAM) format and SAMtools. *Bioinformatics*, 25: 2078-2079.
16. Miklas, P.N., J.D. Kelly, S.E. Beebe y M.W. Blair. 2006. Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: from classical to MAS breeding. *Euphytica*, 147:105-131.
17. Pérez-de-Castro AM1, Vilanova S, Cañizares J, Pascual L, Blanca JM, Díez MJ, Prohens J, Picó B. 2012. Application of genomic tools in plant breeding. *Curr. Genomics*, 13:179-95.
18. Reyes-Moreno C, Paredes-López O. 1993. Hard-to-cook phenomenon in common beans- A review. *Crit. Rev. Food Sci. Nutr.*, 33:227-286.
19. Sonnante G, Stockton T, Nodari RO, Becerra Velásquez VL, Gepts P. 1994. Evolution of genetic diversity during the domestication of common-bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theor. Appl. Genet.*, 89:629-635.

TÉRMINOS DE REFERENCIA

1. El desarrollo del proyecto deberá cumplir con lo señalado en la Ley General del Equilibrio Ecológico y la Protección al Ambiente, en la Ley General de Vida Silvestre, en la Norma Oficial Mexicana NOM-126-SEMARNAT-2000 para la realización de actividades de colecta y demás disposiciones legales aplicables.
 2. El responsable de un proyecto que recibe apoyo de "LA CONABIO" asume, como parte de los compromisos que adquiere, la responsabilidad de tramitar y conseguir los permisos de las autoridades correspondientes, que por ley o reglamentos vigentes se requieran para recolectas, capturas o manipulaciones de organismos o para trabajo de campo en áreas protegidas. En su caso, deberá constatar que los permisos no son necesarios en el desarrollo de su proyecto.
- a) **Tipo de proyecto:** Genómica.
- b) **Resultados e información que se espera genere el proyecto:**
- Secuencia de dos genomas de referencia de especies de *Phaseolus*, incluido *P. vulgaris*;
 - Base de datos con toda la información genómica obtenida;
 - Las metodologías empleadas para la generación de datos moleculares y su análisis de manera detallada;
 - El tipo de datos moleculares usados;
 - Los datos moleculares y fenotípicos generados;
 - El análisis a partir de los datos generados en el proyecto como se especifica en el mismo;

- y
- La presentación de los resultados en al menos un Congreso, ya sea como ponencia o por medio de cartel.

a) Información adicional:

1. **“EL CINVESTAV”** y el responsable del proyecto se comprometen a entregar el primer informe parcial y el informe final, así como los resultados y productos del proyecto, en los meses indicados en el calendario de actividades de este Anexo.
2. **El primer informe parcial y el informe final** deben incluir una breve introducción del proyecto, los objetivos a lograr por cada etapa del proyecto, una descripción detallada de los métodos utilizados y del sitio de estudio y los resultados obtenidos (incluyendo los avances en la base de datos), destacando los avances correspondientes a las entregas de los informes. Conforme el proyecto vaya avanzando, en informes posteriores, se deberán incluir otras secciones como resultados, discusión y conclusiones. Además se deben entregar los productos de acuerdo con los instructivos que para cada caso tiene establecidos **“LA CONABIO”** (donde aplique o exista) y los avances conforme a los indicadores de avance o éxito.
3. Después del primer informe parcial del proyecto, **“EL CINVESTAV”** a través de la Unidad de Genómica Avanzada deberá enviar respuesta por escrito a las acciones solicitadas por **“LA CONABIO”** en la revisión anterior.
4. El responsable del proyecto de **“EL CINVESTAV”** a través de la Unidad de Genómica Avanzada se compromete a entregar a **“LA CONABIO”** el **informe final** en un archivo digital, como un documento completo que incluya un resumen, una breve introducción y antecedentes del proyecto, sus objetivos, los métodos usados, descripción del área de estudio y un análisis detallado de los datos y resultados obtenidos, así como una discusión, conclusiones del trabajo y referencias bibliográficas, así como la recomendación de trabajos futuros en el tema en cuestión.
5. El responsable del proyecto de **“EL CINVESTAV”** a través de la Unidad de Genómica Avanzada se compromete a entregar junto con el informe final la información que se genere en el proyecto sobre:
 - las metodologías empleadas para la generación de datos moleculares y su análisis de manera detallada,
 - el tipo de datos moleculares usados,
 - los datos moleculares y fenotípicos generados,
 - el análisis a partir de los datos generados en el proyecto como se especifica en el mismo.Dicha información deberá entregarse en un formato electrónico y que, en dado caso, permita replicar los análisis realizados en el futuro, o bien, deberá ser depositada en repositorios de datos especializados (ver punto 11).
6. El responsable del proyecto y **“EL CINVESTAV”** a través de la Unidad de Genómica Avanzada, aceptan otorgar a **“LA CONABIO”** una Licencia de uso no exclusiva de las fotografías resultado del proyecto. En caso de que el material gráfico no sea de la autoría del responsable, éste se compromete a conseguir con el autor de las fotografías la Licencia de uso no exclusiva para **“LA CONABIO”**. En ambos casos, la Licencia deberá entregarse junto con el informe final de acuerdo con el **“Formato de Licencia de uso no exclusiva de fotografías e ilustraciones digitales”** (uno por cada autor), que se ubica

en el sitio web de “**LA CONABIO**”: www.conabio.gob.mx.

7. Toda la información resultado del proyecto se incorporará al Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad (SNIB), y los datos estarán disponibles para consulta pública no restringida, con excepción de aquellos datos originales no publicados, que al momento de entregarse estén marcados **individualmente** como restringidos, justificando la duración y el motivo de dicha restricción.

8. Cuando la restricción se derive de que el investigador está trabajando sobre los datos para publicar un análisis, esa restricción durará hasta **un año** contado a partir de la fecha de entrega del informe final. Si antes de dicho plazo el autor publica acerca de los datos, deberá comunicarlo de inmediato a “**LA CONABIO**” y ésta podrá poner a disposición del público en general la información.

9. En el **informe final** deberá especificarse claramente la forma en que se deben dar los créditos correspondientes por el uso de información resultado del proyecto, tomando en cuenta y respetando la propiedad intelectual de cada parte de la misma. Cualquier omisión o violación de derechos al respecto será atribuible al responsable del proyecto.

10. El informe parcial, así como el informe final deberá estar firmado por el responsable del proyecto y el informe final por los corresponsables.

11. Una vez publicados los resultados del proyecto en revistas científicas, los datos genéticos (Secuencia de dos genomas de referencia de especies de *Phaseolus*, incluido *P. vulgaris*) correspondientes a la primera etapa del proyecto, serán depositados en repositorios de datos curados (por ejemplo, TSA, GEO, SRA o DataDryad) de acceso libre. El repositorio seguirá las recomendaciones de manejo y publicación de datos de White, E. P. *et al.* Nine simple ways to make it easier to (re)use your data. *Ideas Eco Evo* 6, (2013), de <http://datadryad.org/pages/faq> u otras que en su momento especifique “**LA CONABIO**”. Se entregará un paquete organizado de archivos de datos y/o rutas a donde se depositen los datos, así como los análisis realizados por el proyecto y los metadatos de los archivos y variables asociados. Se incluirá un archivo “LEEME” donde se describirá cada archivo (o conjunto de archivos).

12. El responsable del proyecto de “**EL CINVESTAV**” a través de la Unidad de Genómica Avanzada, se compromete a compartir la información generada por su investigación derivada del desarrollo del Proyecto denominado “**Análisis genómico de especies del genero Phaseolus para el mejoramiento del frijol común (*Phaseolus vulgaris*)**” en los casos que así lo requiera “**LA CONABIO**”.

13. El responsable del proyecto de “**EL CINVESTAV**” a través de la Unidad de Genómica Avanzada y “**EL CINVESTAV**”, se comprometen a no publicar la información que le sea compartida por “**LA CONABIO**”, salvo autorización expresa de dicha institución.

14. El proyecto se llevará a cabo de acuerdo con el presupuesto especificado en el Anexo de este instrumento; no se podrá hacer ningún cambio ni en el presupuesto, ni en el calendario de actividades planteados en el proyecto aprobado, sin previa autorización por escrito de “**LA CONABIO**” y con su debida justificación por parte de “**EL CINVESTAV**” a través de la Unidad de Genómica Avanzada.

15. Cualquier cambio en el presupuesto aprobado, responsables y participantes, y calendario de actividades, así como en los productos establecidos en el anexo del presente instrumento, que se requiriera durante la realización del proyecto, necesita ser autorizado por escrito previamente por “**LA CONABIO**”. Cualquier cantidad que no se gaste de

acuerdo con el presupuesto aprobado deberá devolverse a **"EL FONDO"**.

16. "LA CONABIO" podrá solicitar a **"EL CINVESTAV"** a través de la Unidad de Genómica Avanzada, una relación explícita de los gastos realizados así como copia de los comprobantes de dichos gastos, en cualquier momento durante el desarrollo del proyecto y hasta un año después de aceptado el informe final global del mismo.

17. "LA CONABIO" podrá usar la información resultado del proyecto, para fines científicos, académicos, de divulgación y de promoción de actividades en pro de la biodiversidad, siempre y cuando otorgue los créditos correspondientes al responsable del proyecto y sus colaboradores, para lo cual el responsable del proyecto cuenta con la autorización de los propietarios intelectuales de cada parte de la obra. Así mismo, la información pertinente contenida en la obra se incorporará al Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad (SNIB) de **"LA CONABIO"**, y se usará para los propósitos de dicho sistema.

18. El responsable se compromete a dar el crédito correspondiente a **"LA CONABIO"** y a otras entidades que **"LA CONABIO"** así indique, en las publicaciones científicas derivadas directamente de este proyecto, y a entregar a **"LA CONABIO"** por lo menos una copia de dichas publicaciones para incorporarlas al Centro de Documentación donde estarán a disposición del público en general.

