



Los cultivos transgénicos y los paradigmas científicos de los que emergen a la luz de los derechos de la naturaleza

Genetically modified crops and the scientific paradigms from which they emerge in the light of the rights of nature

Elizabeth Bravo

Elizabeth Bravo es PhD en Ecología de Microorganismos por la Universidad de Aberystwyth. Licenciada en Biología por la PUCE. Docente de la Universidad Politécnica Salesiana. Miembro de Acción Ecológica.
mariaelizabethbravovelasquez@gmail.com

Fecha de recepción: 3 de abril de 2014

Fecha de aceptación: 11 de septiembre de 2014

Resumen

En este trabajo se analizan los paradigmas científicos bajo los cuales se desarrollaron los cultivos genéticamente modificados, y cómo se viola los derechos de la naturaleza al alterar la estructura del ADN y con ello las funciones de los organismos manipulados; lo que deviene en impactos en los ciclos biológicos y en los procesos evolutivos. Se utiliza el texto incorporado en la Constitución del Ecuador sobre derechos de la naturaleza, para analizar violaciones que ocurren en la etapa de manipulación y de producción comercial de los cultivos transgénicos.

Palabras clave: derechos de la naturaleza, determinismo genético, cultivos transgénicos, mantenimiento de los ciclos vitales.

Abstract

In this work the scientific paradigms in which the genetic modified organisms were developed are analysed, and how the right of nature are violated, since in the process of developing then, the DNA structure is altered and consequently, the functions of the manipulated organisms, with impacts on the biological cycles and the processes of evolution. The Constitution of Ecuador on rights of nature is the base to analyse violations occurring at the stage of commercial production and handling of GM crops.

Key words: Rights of nature, genetic determinism, GM crops, maintenance of life cycles.

El objetivo de este artículo es revisar los derechos de la naturaleza a la luz del desarrollo y liberación comercial de organismos genéticamente modificados, especialmente de los cultivos transgénicos, partiendo del sistema científico interpretativo que inspiró su desarrollo: las teorías de Darwin sobre el origen de las especies por selección natural. Aunque la idea de transformar la naturaleza ha sido una inquietud que ha acompañado a la humanidad desde sus albores, fueron las teorías de Charles Darwin las primeras ampliamente aceptadas por la sociedad científica oficial, y que fue capaz de transformar el rumbo de las ciencias de la vida a lo largo del Siglo XX.

Por otro lado, el análisis de los derechos de la naturaleza es hecho a la luz del texto de la Constitución del Ecuador que dice:

La naturaleza o Pacha Mama, donde se reproduce y realiza la vida, tiene derecho a que se respete integralmente su existencia y el mantenimiento y regeneración de sus ciclos vitales, estructura, funciones y procesos evolutivos (Artículo 71).

El texto constitucional va más allá del derecho a la simple existencia de una especie; ubica a la naturaleza en un contexto ecosistémico y evolutivo, pero además cultural cuando señala

que las personas y comunidades tienen derecho a beneficiarse de las riquezas naturales para la consecución del buen vivir [1].

El paradigma bajo el cual surgen los transgénicos

Los organismos genéticamente modificados son el resultado del rumbo que tomaron las ciencias biológicas en el Siglo XIX, en plena época victoriana, cuando el mundo científico asumiera las teorías de Darwin sobre la evolución de las especies a través de la selección natural y la sobrevivencia de los más aptos, como un dogma irrefutable. Esta aceptación en el Siglo XX se consolida a través de la teoría sintética o neo darwinismo.

En su libro “Ingeniería Genética, Sueño o Pesadilla”, la bióloga británica Mae Wan Ho (2001) describe cómo surge la teoría sintética o Neo Darwinismo a partir de la fusión entre el darwinismo y las leyes de la genética de Mendel, el teorema fundamental de la selección natural de Fisher, que asume que cada gen actúa de forma independiente, la aplicación de estas leyes en la genética de poblaciones de manera matemática, y la teoría de la mutación genética aleatoria como la fuente de variación y de evolución. Esencialmente, la síntesis moderna introdujo la conexión entre: la unidad de la evolución (los genes) con el mecanismo de la evolución (la selección).

Darwin para proponer su teoría de la selección natural se inspiró en el ensayo de Malthus sobre el principio de la población, publicado en 1798, donde se plantea que ningún incremento en la disponibilidad de los alimentos para la supervivencia humana básica podría compensar el ritmo geométrico con el que crece la población, por lo que las guerras y el hambre jugarían un papel fundamental para la supervivencia del más apto. A pesar de que las teorías de Malthus han sido desacreditadas [2], es bajo esta concepción que se promueven los cultivos transgénicos: para alimentar a una población cada vez más creciente. Es bajo estas teorías que se desarrollaron las ciencias agrícolas y médicas a lo largo del Siglo XX.

Uno de los postulados del darwinismo es que la fuerza que mueve la evolución es la competencia entre seres que luchan por sobrevivir, en la que ganan sólo los más aptos. Esta idea perdura hasta nuestros días, aunque cada vez es más evidente que las relaciones de cooperación (como mutualismo y el comensalismo) dinamizan la evolución de manera mucho más frecuente de lo que se pensaba (Moya y Peretó, 2011). De acuerdo a Maynard Smith y Szathmáry (1999) los grandes saltos evolutivos han sido el resultado de la cooperación: el origen de los cromosomas, el paso de células bacterianas a células eucarióticas, el surgimiento de células fotosintéticas, el desarrollo de organismos multicelulares y la conquista de las plantas de la tierra cuando se asociaron con hongos micorrizas, entre otros ejemplos.

Otro de los postulados del neo - darwinismo es que las mutaciones ocurren al azar. El medio ambiente es el gran seleccionador de estas mutaciones, pero no las induce. Al respecto, Cairns y sus colegas (1988) hicieron una revisión sobre el origen de las mutaciones y concluyeron que en la naturaleza “todo puede ocurrir” y añaden que en ciertos sistemas biológicos la información genética puede fluir libremente del ARN al ADN, la estabilidad del genoma puede alterarse bajo condiciones de estrés, y ser recuperada cuando esas condiciones se acaban. Ellos añaden que hay momentos cuando las células son capaces de generar gran variabilidad en distintos lugares del genoma; consideran que la inclusión del concepto de que las mutaciones sólo pueden ocurrir al azar, se debe al triunfo de la biología molecular, que surgió de la mano de un reduccionismo [3] que explicaba el comportamiento de la biosfera basándose en las leyes de la física, lo que no representa la complejidad de la vida.

Las ciencias moleculares se inician en la década de 1970, pero tuvieron su origen mucho antes, cuando dos funcionarios de la Fundación Rockefeller, Max Mason y Warren Weaver, usando los fondos de la Fundación, sientan las bases de estas nuevas prácticas para la biología, que según Nodari (2011), eran profundamente reduccionistas y deterministas, y que convirtieron a esta nueva disciplina en la “química del gen”.

A mediados del Siglo XX, Francis Crick (1970) propone el “dogma central de la biología molecular” que sostiene que todos los procesos biológicos están determinados por los genes, que toda proteína es el resultado de la expresión de un gen. De acuerdo a este dogma, la información contenida en una molécula de ADN es transcrita en una molécula de ARN mensajero, que a su vez es traducida a una proteína, todo esto de manera lineal. De tal manera que si en un monocultivo de maíz surge una plaga (generalmente como resultado del modelo industrial de producción), el problema se solucionaría insertando al maíz genes para que produzca sus propios insecticidas capaces de combatir la plaga.

Pero hay muchos aspectos que el dogma central no responde. ¿Es el ADN el único material hereditario que determina los rasgos que diferencian a un organismo de otro y que se transmite de generación en generación? Con el estudio del genoma humano se llegó a identificar unos 32.000 genes (International Human Genome Sequencing Consortium, 2001) y al menos 150 mil ARN mensajeros (que van a codificar proteínas). ¿A qué se debe esta diferencia? Una manera de explicarla es que un alto porcentaje de genes tienen la capacidad de codificar múltiples proteínas [4], lo que pone en entredicho el dogma: un gen – una proteína.

Por otro lado, se ha encontrado que las moléculas de ARN no siempre son fieles reproducciones de las instrucciones genéticas contenidas en el ADN; éstas son algo más que simples plantillas para construir proteínas (Hesman, 2010) y juegan un papel fundamental en el control de la expresión génica [5], es decir en la forma como la información contenida en el ADN va a sintetizar una proteína.

Con las investigaciones de la epigenética [6] se ha encontrado que, en la síntesis de proteínas, influyen una gran cantidad de factores, incluyendo el ambiente celular y externo. Antes se pensaba que la mayor parte de estas modificaciones se borraban de una generación a otra, pero cada vez hay más evidencias de que estos cambios se conservan en la herencia, como ha sido ya comprobado con ratas [7], bacterias y plantas [8] (Richards et al., 2012). Las modificaciones epigenéticas abarcan una gran variedad de mecanismos que actúan en

el paso de ADN a ARN, de ARN a proteína y luego de la síntesis de la proteína. El estrés también puede desencadenar cambios epigenéticos [9]. En su revisión sobre el rol de la epigenética en la evolución, Richards et al. (2012) señalan que las modificaciones epigenéticas producidas por el estrés [10] pueden permanecer durante toda la vida de un organismo, como una especie de memoria molecular, e inclusive pasar a las siguientes generaciones iniciándose cambios evolutivos.

Reflexionando sobre estos temas, Elena Álvarez Buylla (2002) se pregunta si somos apenas un saco de proteínas, y añade que aun cuando las proteínas son el componente más importante de los seres vivos, “están arregladas en estructuras dinámicas espacio – temporales, que resultan en patrones también dinámicos y complejos”. Usando como ejemplo la manera en que se forma la estructura floral de las plantas, ella señala que es importante saber dónde y cuándo se activan ciertos genes, pero no es suficiente. Es importante entender cómo ocurre la acción local de ciertos genes y cuáles son las consecuencias dinámicas de dicha acción. Concluye que la información de los genes es importante para entender los mecanismos de desarrollo, pero también las dinámicas auto - organizadas que se generan a partir de las interacciones de los genes”.

Máximo Sandín (2013) de la Universidad Autónoma de Madrid hace una crítica a la visión reduccionista de la ciencia que inspiró a la ingeniería genética, y señala:

La información genética, no está en los genes, sino que es producto de una red que comunica unas secuencias con otras, y con una enorme cantidad de proteínas en el contexto del ambiente... La Naturaleza no es un campo de batalla y la vida no está formada por maquinarias de relojería a las que se puedan cambiar sus piezas, sino por una red compleja de interacciones en la que juegan un papel fundamental la capacidad de cooperación y la consciencia ecológica (Sandín, 2013).

Ejemplos de la aplicación de las corrientes de pensamiento que miran a la naturaleza como una batalla entre poblaciones biológicas que luchan por sobrevivir, fue el desarrollo de las tecnologías que dieron lugar a los antibióticos (para combatir a las bacterias), los

plaguicidas (para combatir a insectos y plantas invasivas) y hacia finales del Siglo XX, la ingeniería genética, que nos prometió dar respuesta a los principales problemas del agro y la salud pública. Pero dado que estas tecnologías se desarrollaron con una visión reduccionista, la industria agro- biotecnológica ha sido capaz de colocar en el mercado sólo dos tipos de rasgos transgénicos: los de resistencia a insectos (conocidos como cultivos Bt), y los tolerantes a herbicidas (especialmente al glifosato), cultivos que a casi dos décadas de su liberación a campo a nivel comercial, han generado más problemas que los que se suponía iban a solucionar.

La violación de los derechos de la naturaleza y la manipulación de los genes

La Constitución del Ecuador, a más de declarar al Ecuador libre de cultivos y semillas transgénicas [11] prohíbe los organismos genéticamente modificados que atenten contra la salud y que sean perjudiciales para la soberanía alimentaria o los ecosistemas (Art. 15), o que puedan alterar de manera definitiva el patrimonio genético nacional [12]. Establece que la naturaleza tiene derecho al mantenimiento de su estructura y funciones, de sus ciclos biológicos y evolutivos.

A continuación se hace un análisis de cómo la transgénesis viola estos derechos.

Manipulación genética: cambios en la estructura del ADN

La esencia de la manipulación genética consiste en alterar la estructura de la molécula del ADN [13]. Usando herramientas de biología molecular, se inserta en el genoma de un organismo (por ejemplo del maíz), genes provenientes de bacterias y virus muy infecciosos los que a través de la evolución han diseñado mecanismos para insertarse en el genoma de otros organismos. Estos organismos son el resultado de 3,5 mil millones de años de historia evolutiva.

En una manipulación genética típica se incorpora un “casete de expresión” que está formado por un *gen marcador*, obtenido de bacterias, que puede ser de resistencia a antibióticos o a herbicidas. El *promotor* es ADN “constitutivo” que regula la transcripción del ADN transgénico en ARNm. El *transgen* que se desea insertar, que puede provenir de otra especie (por ejemplo los genes de la bacteria *Bacillus thuringensis* en plantas de maíz) o del mismo organismo (como los trabajos que se están haciendo en la Politécnica del Litoral con banano) [14].

Todos los cambios descritos, violan el derecho que tiene la naturaleza de mantener su estructura; en este caso representada por la molécula de ADN.

Alteraciones en las funciones de los organismos transformados genéticamente.

Con la transgénesis se está alterando la estructura de la naturaleza a nivel molecular, y con ello las *funciones* de los organismos que reciben el cambio genético. Estos cambios pueden ser no intencionales e intencionales.

Como resultado de la transformación del ADN se producen cambios funcionales *no intencionales* en los organismos manipulados genéticamente. Con frecuencia surgen fenómenos no deseados, llamados “efectos pleyotrópicos” y “efectos de posición”. El primer efecto describe cambios raros e inesperados de varias características moleculares, como resultado de la inserción de un gen. Estos cambios generalmente se dan a nivel del metabolismo celular, lo que podría conducir a cambios fenotípicos. A través del “efecto de posición” un gen puede expresar características diferentes y generar “efectos colaterales” no intencionales y adicionales si se encuentra en organismos o contextos diferentes.

Estos efectos han sido reportados desde que se inició la producción comercial de transgénicos. Por ejemplo ya Inose y Kousako (1995) reportaron en levaduras transgénicas manipuladas para mejorar la fermentación de alcohol, una formación elevada de metilglioxal, un compuesto mutagénico tóxico que está ausente o en mínimas cantidades en

levaduras no transgénicas enzimáticas. Los autores explican que debido a la transgénesis, se ha producido alteraciones en la ruta metabólica de la glucólisis.

Los investigadores han comprobado que un simple gen puede crear decenas o incluso cientos de proteínas diferentes según cómo la célula lee su información genética, y cómo las proteínas estén agrupadas o modificadas químicamente. En un estudio reciente hecho en Brasil (Agapito et al., 2013) se evaluó las proteínas que se expresan en el maíz híbrido brasileño que contiene el evento transgénico MON810 (P32R48YG) y se lo comparó con un maíz híbrido casi -isogénico no transgénico (P32R48), los que fueron cultivados en dos locaciones diferentes. Los autores encontraron que el medio ambiente influyó en la expresión de las proteínas en los maíces transgénicos; ellos encontraron 32 proteínas expresadas de manera diferente en las plantas transgénicas y no transgénicas, las que estaban relacionadas con el metabolismo energético y de los carbohidratos, el procesamiento de la información genética y la respuesta de las plantas a situaciones de estrés. El por qué se producen estos cambios a nivel proteico, aún no es muy bien entendido.

De manera *intencional* la industria biotecnológica ha puesto en el mercado semillas transgénicas que han sido manipulados para que produzcan proteínas que le otorga a la planta resistencia a herbicidas, o para que sintetice una toxina con propiedades insecticidas. De esta manera la propia planta “controla” las poblaciones de algunas plagas agrícolas. Además de la función que tienen los cultivos de producir almidones o aceites, ahora producen proteínas transgénicas. Casi el 99% de los cultivos transgénicos que se cultivan comercialmente en el mundo tienen estas características. Más adelante, se analiza con más detalle este tipo de transgénicos.

Hay otras plantas transgénicas que aún no han sido comercializados, que han sido transformadas en biofábricas de productos industriales y farmacéuticos. Estos cultivos han sido ensayados por muchos años en Estados Unidos, Puerto Rico, Chile y otros países [15]. Uno de los cultivos mejor conocidos es el arroz de la empresa Ventria que expresa las

proteínas humanas lactoferrina y lisozima, ambas presentes en la leche materna. Estas plantas han sido diseñadas para el tratamiento de infantes que sufren deshidratación y diarrea [16]. Se ha experimentado con la inserción de genes de algas que le otorgan al maíz la capacidad de transformar más eficientemente el almidón en etanol, con el fin de facilitar su función de productor de agrocombustibles.

Estos son apenas algunos ejemplos de cómo la manipulación genética viola el derecho que tiene la naturaleza (en este caso, las plantas de maíz, soya o de arroz) de mantener sus procesos fisiológicos naturales, para convertirla en productora de principios activos útiles para la industria.

Cambios en los ciclos evolutivos

La transgénesis viola el derecho que tiene la naturaleza de mantener los *ciclos evolutivos*. Como se ha descrito antes, los procesos evolutivos son muy complejos por lo que es difícil predecir o demostrar efectos en los ciclos evolutivos a largo plazo. Hay sin embargo algunos estudios que señalan que estos cambios son posibles. Un equipo de científicos austríacos alimentaron varias generaciones de ratas de laboratorio con base al maíz transgénico de Monsanto [17]. Ellos reportaron que, después de tres generaciones de ratones con la misma dieta, había aumentado o disminuido la expresión de 1.016 genes, afectando a cientos de proteínas, lo que se reflejó en alteraciones en determinados procesos fisiológicos (Velimirov et al., 2008). Estas alteraciones son hereditarias, y por lo mismo juegan un rol en los procesos evolutivos.

Por otro lado podría darse un proceso de contaminación genética ya sea a través de transferencia horizontal de genes [18], o a través del flujo genético entre plantas transgénicas y no transgénicas, o con sus parientes biológicos, lo que ya ha sido reportado en algunos países de América Latina para el caso del maíz [19].

De acuerdo a *Yamakake* (2013), la contaminación del maíz nativo en México puede tener impactos a largo plazo. Dado que el maíz nativo está en un constante proceso de hibridación (por razones biológicas y culturales), con el paso del tiempo, un maíz nativo contaminado genéticamente podría apilar varias copias del transgén. Esto es mucho más grave si se toma en cuenta que los nuevos transgénicos pueden apilar varios genes, como es el caso del maíz Smartstax [20], que contiene 6 transgenes Bt y 2 genes de resistencia a herbicidas.

Por su naturaleza artificial, los transgenes no se encuentran co-adaptados con el ambiente genético, lo que puede afectar en diferentes grados la estabilidad de las poblaciones. En una variedad nativa con varios transgenes, el proceso de co-adaptación podría tomar mucho tiempo, y antes de lograrse podrían sucumbir ante los desequilibrios ocasionados por esta contaminación. Si la transgénesis pone en peligro al maíz nativo, y al ser éste parte de un sistema de producción como es la milpa, cualquier afectación al maíz, pondría también en peligro a las 4 especies de fréjol, las 5 especies de calabaza y las casi 60 especies quelites [21] que conforman la milpa. La afectación de la milpa pondrá en peligro todas las prácticas culturales relacionadas.

Violación de los derechos de la naturaleza por la liberación de transgénicos al ambiente

Una vez que las semillas transgénicas son liberadas al medio ambiente, van a producirse varios impactos en los *ciclos biológicos y evolutivos de las comunidades* biológicas que se encuentran tanto en el agro-ecosistema como en ecosistemas adyacentes. En el mundo existe millones de hectáreas sembradas con dos tipos de rasgos transgénicos: los que le otorgan a la planta resistencia a plagas (cultivos Bt) y los que la hacen resistente a herbicidas.

Los cultivos Bt (que producen sus propios insecticidas) no sólo van a afectar a las plagas, sino a otros insectos benéficos que son polinizadores, agentes de control biológico,

dispersores de semillas o que son alimento de otras especies en la cadena trófica o *ciclo de alimentos*. Esto ha sido ya observado en zonas donde se producen cultivos transgénicos a gran escala: han empezado a declinar las poblaciones de abejas, que a más de su importancia en la economía en las poblaciones locales, juegan un papel muy importante en la polinización de las plantas (Ramírez et al., 2008). Así como las abejas, desaparecen también otras especies de insectos que actúan como agentes de control biológico o que juegan roles importantes en el equilibrio ecológico.

Se han registrado también alteraciones en las poblaciones de hongos micorrizas [22] asociadas a las raíces de maíz Bt, afectando la salud del suelo (Cheeke et al., 2012), alterando los ciclos biológicos de las poblaciones microbiológicas que ahí se desarrollan.

Los cultivos con resistencia al herbicida glifosato producen dos tipos de impactos: los ligados a la transgénesis y los generados por el paquete tecnológico asociado (que está fuertemente basado en el uso del herbicida). El glifosato interfiere en *el ciclo metabólico del ácido shiquímico*, a partir del cual se producen muchos compuestos aromáticos que dan protección a las plantas y a los microorganismos. Los cultivos con resistencia a glifosato interfieren también en esta ruta metabólica, es por eso que una vez en el medio ambiente, los suelos en los que se desarrollan estos cultivos son pobres en algunas bacterias benéficas (como las *Pseudomonas*, que ayudan a la absorción de algunos micro elementos como el Mn) (Kremer et al., 2009) y promueven la proliferación de hongos patógenos por ejemplo del género *Fusarium* o *Phythium* (Krysko-Lupicka y Sudol, 2008). En el caso de las plantas leguminosas (como la soya), estos hongos afectan gravemente a las bacterias fijadoras de nitrógeno, elemento fundamental en el propio metabolismo de la soya (King, 2001; Reddy et al., 2003).

La transgénesis y el paquete tecnológico que se aplica, interfiere negativamente tanto en los *ciclos del nitrógeno y manganeso*, como en el funcionamiento de las cadenas tróficas de los agroecosistemas.

La mayor parte de los cultivos transgénicos son al momento resistentes a herbicidas (pues al momento las empresas “apilan” en una misma planta, genes de resistencia a herbicidas e insectos). La ventaja productiva de estos cultivos es que el agricultor que adopta esta tecnología se ahorra en mano de obra para el deshierbe de especies invasivas (que generalmente significa el rubro más alto en los gastos de producción), y pasa a hacer un control químico con la ayuda de maquinaria agrícola pesada o mediante aspersiones aéreas. Por eso, los cultivos con resistencia a glifosato sólo tienen sentido en grandes extensiones, lo que explica su expansión de manera exponencial, a costa de la desaparición de bosques y otros ecosistemas naturales, así como de la sustitución de cultivos para la soberanía alimentaria (Secretaría del Ambiente y Desarrollo Sustentable de Argentina, 2008). El uso continuo de glifosato produce daños irreversibles en la vegetación natural de las zonas aledañas a los cultivos, a los microorganismos del suelo, a animales tanto silvestres como domésticos, así como a los trabajadores que participan en las actividades agrícolas y las poblaciones que viven en las zonas de influencia de los cultivos, violándose el derecho que tiene la naturaleza a su existencia y regeneración, y de las comunidades a beneficiarse de ella.

El uso masivo y constante de glifosato en este tipo de cultivo transgénico ha generado el surgimiento de super-malezas. Por ejemplo, en Estados Unidos se han registrado más de 4 millones de hectáreas infestadas por super-malezas con resistencia a glifosato (Bermejo, 2012). Por eso muchos agricultores en Estados Unidos están abandonando los cultivos resistentes a herbicidas y volviendo a sembrar semillas convencionales. Lo que se propone ahora es introducir cultivos transgénicos resistentes a herbicidas mucho más fuertes y nocivos como el 2,4D (uno de los compuestos del Agente Naranja).

En el caso de los cultivos Bt, se están presentando problemas con la emergencia de super plagas, pues los insectos se están haciendo resistentes a las toxinas transgénicas constituyéndose en un problema difícil de controlar, como ya ocurre en algunos estados de Brasil (Do Globo Rural, 31 de marzo de 2013).

Es decir, estamos frente a una nueva generación de plantas invasivas y plagas agrícolas que han desarrollado la capacidad de adaptarse a los cambios que se produjeron en el ambiente a partir de la liberación de semillas transgénicas de manera masiva. Estos son cambios evolutivos cuyos impactos a largo plazo son poco predecibles.

Conclusiones

El desarrollo de los cultivos transgénicos es el resultado del camino que tomó la investigación biológica cuando adoptó la teoría de la evolución de las especies por selección natural y la sobrevivencia de los más aptos. En esta ciencia se gestó toda una tecnología agrícola y médica a lo largo del Siglo XX, dando lugar a los antibióticos, herbicidas y pesticidas, y finalmente a los organismos genéticamente modificados.

El desarrollo de los transgénicos se basó en un reduccionismo genético que establece que las características de los organismos están determinadas por los genes, y supone que cada uno de ellos actúa por separado. Es también bajo esta concepción que las autoridades regulatorias de los países realizan análisis de riesgos para la aprobación de los nuevos transgénicos, analizando de manera aislada rasgo por rasgo, descontextualizado del medio natural y cultural en el que estos cultivos van a liberarse. Es tal vez por esta misma razón que, con apenas menos 20 años de historia, los cultivos biotecnológicos están fallando en los lugares donde se han adoptado masivamente.

Es bajo esta ciencia reduccionista se sustentan una ciencia y tecnología que están al servicio del capital corporativo, violando las leyes naturales y los derechos de la naturaleza.

En esta revisión hemos visto como, a partir de cambiar la estructura del ADN (que es la primera violación a un derecho de la naturaleza), se altera de manera intencional y no intencional las funciones de los organismos que reciben la modificación genética. Los efectos no intencionales son el resultado del desconocimiento que aún se tiene de cómo funcionan algunas leyes que rigen la herencia y la evolución de las especies.

La adopción masiva de millones de hectáreas con cultivos transgénicos están afectando los ciclos biológicos y evolutivos, no sólo de estos organismos, sino de las comunidades que forman parte del agroecosistema donde se desarrollan.

La problemática descrita no sólo viola derechos de la naturaleza, sino que además nos afecta a nosotros como sociedad y como seres biológicos. Como sociedad nos enfrenta a un modelo de producción de alimentos que es controlado por un pequeño número de empresas y por lo mismo nos hace perder soberanía alimentaria; y nos afecta como seres biológicos, por los impactos que emergen en las distintas fases de manipulación y producción de los cultivos genéticamente modificados.

Notas

[1] Artículo 74.

[2] La producción de alimentos está aumentando desde los años 1950, y ha superado el crecimiento de la población. En 1960 se producía en el mundo 2.300 calorías/ persona/día (distribuida desigualmente). En 1994 pasó a 2.710 calorías /persona/día, suficientes para una correcta nutrición de toda la población humana. Para 1986 se podría haber alimentado a 6.000 millones de personas (si los alimentos se distribuyeran equitativamente). Ahora, la producción supera a las necesidades básicas de la humanidad (Bravo, 2010).

[3] El reduccionismo como método científico consiste en descomponer las partes constituyentes de un todo, de aislarlo de su medio ambiente interno y externo, y aun así explicar fenómenos complejos y proponer soluciones a problemas globales (Nodari, 2011).

[4] Kashyap y Tripath (2008) hacen una revisión de la literatura existente sobre distintas formas de corte del ARN mensajero después de la transcripción, para explicar este fenómeno.

[5] Ver por ejemplo el papel que juega el ARN de interferencia en la regulación génica en Heinemann et al. (2013).

[6] La epigenética estudia los cambios heredables que se producen sin que se altere la secuencia del ADN.

[7] Por ejemplo, cuatro generaciones de descendientes varones de ratas transitoriamente expuestas a disruptores endocrinos mostraron una actividad reducida de la espermatogénesis, lo que se correlacionó con la metilación del ADN alterado en la línea germinal (Anway et al., 2005).

[8] Elena Álvarez Buylla (2002) estudió el rol de la epigética en el patrón de desarrollo floral. Por su parte, Cubas et al. (1999) encontraron que el cambio de simetría floral bilateral a radial en *Linaria vulgaris* estaba asociada con cambios en la metilación en un gen.

[9] Ver por ejemplo Verhoeven et al. (2010).

[10] Puede tratarse de estrés hídrico, presencia de contaminantes, entre otros.

[11] (Art. 401), (Art. 73).

[12] Artículo 15 y 73.

[13] Una nueva generación de transgénicos actúan a nivel del ARN de interferencia. Este es el caso del fréjol transgénico de Embrapa resistente al virus del mosaico dorado.

[14] Ver Bravo (2014).

[15] Un estudio sobre los posibles impactos de estos cultivos pueden ser encontrados en: Union of Concern Scientists (2004).

[16] Aunque su comercialización no ha sido aun autorizado en ningún país, en el año 2002 se evaluó este arroz de manera ilegal con infantes en hospitales públicos de Perú (Freese, 2007).

[17] El maíz NK 603 x MON 810, resistente a glifosato y productor de sus propios insecticidas.

[18] Se refiere al intercambio genético con organismos no relacionados filogenéticamente, especialmente con microorganismos, aunque también se ha reportado transferencia horizontal con organismos superiores. Las plantas transgénicas tienen todo el aparataje molecular para que se produzca transferencia horizontal de genes.

[19] Contaminación genética de parientes silvestres y variedades tradicionales de maíz ha sido reportado desde 2001 en México (Chapela y Quist, 2001), Perú (Gutiérrez, 2007), Uruguay (Galeano et al., 2010).

[20] Maíz transgénico desarrollado de manera conjunta por Monsanto y Dow.

[21] Forrajes comestibles de los géneros *Amarathus* y *Chenopodium*.

[22] Que juegan un rol importante en el ciclo de algunos nutrientes, como el fósforo.

Referencias citadas

Agapito, Sara, Miguel Guerra, Odd Wikmar, Rubens Nodari (2013). “Comparative proteomic analysis of genetically modified maize grown under different agroecosystems conditions in Brazil”. *Proteome Sciences*, No. 11, pp. 46.

Álvarez Buylla, Elena (2002). “La diversidad de las formas vegetales. Variaciones sobre un mismo tema”. *Ciencias*, No. 65, pp. 18 – 28.

Anway, Matthew, Andrea Cupp, Mehmet Uzumcu y Michael Skinner (2005). “Epigenetic transgenerational actions of endocrine disruptors and mate fertility”. *Science*, Vol. 308, pp.1466–1469.

Asamblea Nacional Constituyente (2008). “Constitución del Ecuador”.

Bermejo, Isabel (2012). “La ‘Rebelión de las plagas’. La aparición de resistencias a herbicidas e insecticidas amenaza a los cultivos modificados genéticamente”. *Ecologista*, No. 74, pp. 32 – 35.

Bravo, Elizabeth (2014). “Banano transgénico en el agro ecuatoriano”. En Acosta, Alberto y Esperanza Martínez, (comp.) *Transgénesis. Inconciencia de la ciencia..* Quito: Abya Yala, pp. 267 – 282.

Bravo, Elizabeth (2010). “Características de la crisis alimentaria crónica”. *Estudios Ecologistas*, No. 6, pp. 46 – 60.

Cairns, John, Julie Overbaugh y Stephan Millers (1988). “The Origen of mutants”. *Nature*, Vol. 335, pp. 142 - 145.

Chapela, Ignacio y David Quist (2001). "Transgenic DNA introgressed into traditional maize landraces in Oaxaca, Mexico". *Nature*, Vol. 414, pp. 541-543.

Cheeke, Tannya, Todd Rosensteil, Mitchell Cruzan (2012). "Evidence of Reduce Arbuscular Mycorrhizal Fungal Colonization in Multiple Lines of Bt Maize". *American Journal of Botany*, No. 99, Vol. 4, pp. 7000 – 707.

Crick, Francis (1970). "Central Dogma of Molecular Biology". *Nature*, No. 227, pp. 561-563.

Cubas, Pilar, Vincent Coral y Enrico Coen (1999). "An epigenetic mutation responsible for natural variation in floral symmetry". *Nature*, No. 401, pp. 157–161.

Velimirov, Alberta, Claudia Binter, Jürgen Zentek (2008). *Biological effects of transgenic maize NK603xMON810 fed in long term reproduction studies in mice*. Austria, Institute fur Ernährung.

Galeano, Pablo, Claudio Martínez, Fabiana Ruibal, Laura Franco y Guillermo Galván (2010). "Cross-fertilization between genetically modified and non-genetically modified maize crops in Uruguay". *Environ. Biosafety Research*, No. 9, pp. 147 – 154.

Freese, Bill (2007). *A Grain of Caution: A Critical Assessment of Pharmaceutical Rice*. Washington, Centre for Food Safety.

Gutiérrez, Antonietta (2007). *Detección de eventos transgénicos en campos cultivados de maíz. Resumen Ejecutivo*. Lima: Universidad Nacional Agraria La Molina.

Heinemann, Jack, Sara Agapito y Judy Carman (2013). A comparative evaluation of the regulation of GM crops or products containing dsRNA and suggested improvements to risk assessments. *Environment International*, No. 55, pp. 43–55.

Hesman, Saey (2010). "Central dogma of genetics maybe not so central". *Science News*. Disponible en <https://www.sciencenews.org/article/central-dogma-genetics-maybe-not-so-central> (visitada el 15 de enero 2014).

Ho, Mae Wan (2001). *Ingeniería genética: ¿sueño o pesadilla?*, Barcelona: Gediasa.

Inose, Tomoto y Murata Kousako (1995). "Enhanced accumulation of toxic compound in yeast cells having high glycolytic activity: a case study on the safety of genetically engineered yeast". *International Journal of Food Science & Technology*, No. 30, Vol. 2, pp. 141-146.

International Human Genome Sequencing Consortium (2001). "Initial sequencing and analysis of the human genome". *Nature*, No. 409, pp. 860-921.

Kashyap, Luv y Parul Tripath (2008). "Alternative Splicing. How one gene can make many proteins". *Bioscience Explained*, No. 4, Vol. 1, pp. 1 – 10.

King, Andy, Larry Purcell y Earl Vories (2001). "Plant growth and nitrogenase activity of glyphosate – tolerant soybean in response to glyphosate applications". *Agronomy Journal*, No. 93, No. 1, pp. 179 – 186.

Krysko-Lupicka, Teresa y Teresa Sudol (2008). "Interactions between glyphosate and autochthonous soil fungi surviving in aqueous solution of glyphosate". *Chemosphere*, Vol. 71, No. 7, pp. 2601 – 2605.

Kremer, Robert y Nathan Means (2009). "Glyphosate and glyphosate-resistant crop interactions with rhizosphere microorganisms". *European Journal of Agronomy*, No. 31, pp. 153 – 161.

“Lagartas atacan plantaciones de milho transgênico no Paraná e no DF” (2013), Globo Rural. 31 de marzo. Sección de Economía – Agronegocios.

Malthus, Thomas (1846). *Ensayo sobre el principio de la población*. Madrid: Establecimiento Literario y Litográfico de D. Lucas González y Co.

Maynard Smith, John y Szathmáry Eörs (1999). *Ocho hitos de la evolución. Del origen de la vida a la aparición del lenguaje*. Barcelona: Tusquets Editores.

Moya, Andrés y Juli Peretó (2011). *Simbiosis. Seres que evolucionan juntos*. Madrid: Editorial Síntesis.

Nodari, Rubens (2011). “Ciência precaucionaria como alternativa ao reducionismo científico aplicado à biologia molecular” En: *Transgenicos para quem?. Agricultura ciência sociedade*. pp. 39 – 62. Magda Zanori y Gilles Ferment (organizadores) Brasília: Nead Debate.

Ramírez, Ricardo, Nicolás Desneux, Axel Decourtye, Anthonie Chaffiold y Pham-Delègue (2008). “Does Cry1Ab protein affect learning performances of the honey bee *Apis mellifera* L. (Hymenoptera, Apidae)?”. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, No. 70, pp. 327–333.

Reddy, Krishna y Robert Zablutowicz (2003). “Glyphosate – resistant soybean response to various salts of glyphosate and glyphosate accumulation in soybean nodules”. *Weed Science*, No. 51, pp. 496 -502.

Richards, Christina, Verhoeven, Koen y Bossdorf Oliver (2012). “Evolutionary Significance of Epigenetic Variation”. *Plant Genome Diversity*, Vol. 1, pp. 257 – 274.

Sandín, Máximo (2013). ¿Qué son los genes? Disponible en:

<http://www.somosbacteriasyvirus.com/quesonlosgenes.pdf> (visitada el 10 de febrero de 2014).

Secretaría de Ambiente y Desarrollo Sustentable (2008). *El avance de la frontera agropecuaria y sus consecuencias*. Buenos Aires, Argentina.

Union of Concern Scientists (2004). *A Growing Concern. Protecting the Food Supply in an Era of Pharmaceutical and Industrial Crops*. Washington.

Verhoeven Koen, Jeroen Jansen, Peter van Dijk, Biere Arjen (2010). “Stress-induced DNA methylation changes and their heritability in asexual dandelions”. *New Phytologist*, Vol. 185, No. 4, pp. 1108–1118.

Yamakake, Kato (2013) “Acumulación de transgenes en el maíz nativo: su impacto en la biodiversidad del maíz”. Ponencia presentada en la Pre-Audiencia Científica “Cultivos transgénicos: El caso de México con énfasis en el maíz”, noviembre 13, México DF, México.