



**GOBIERNO DE
MÉXICO**



Evidencia científica: Si hay diferencias entre las plantas domesticadas, las plantas modificadas genéticamente y sus parientes silvestres.

Secretaría Ejecutiva de la Comisión Intersecretarial de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados.

22 de Abril de 2019.

A lo largo de la historia, el manejo de las plantas cultivadas se ha llevado a cabo de diferentes maneras, ya sea a través de procesos tradicionales de selección humana, técnicas de fitomejoramiento o actualmente mediante biotecnología moderna mediante el uso de técnicas de ingeniería genética. De estos, los sistemas tradicionales de producción se han conformado a través de procesos de domesticación de plantas silvestres desde hace miles de años, lo cual ha significado la generación de una amplia biodiversidad que hoy en día resulta de gran interés agronómico y cuya producción es fundamental para la seguridad alimentaria. A diferencia de las prácticas tradicionales y de las técnicas de fito mejoramiento, mediante la ingeniería genética se han desarrollado plantas modificadas con genes de otras especies con el fin de conferirles características específicas, por ejemplo, la resistencia a insectos o a herbicidas. Hoy en día los principales cultivos modificados mediante biotecnología moderna son de maíz, soya y algodón, aunque existen otros.

Todos estos procedimientos de obtención de variedades de plantas conllevan cambios en el genotipo de los organismos, es decir, en su constitución genética, y cambios en el fenotipo: en el conjunto de sus rasgos visibles. Sin embargo, los cambios obtenidos, tanto en el genotipo como en el fenotipo, serán distintos dependiendo del proceso de modificación de la planta. Esto ha llevado a diferentes investigadores a estudiar las diferencias de una misma planta entre variedades silvestres, fito mejoradas y genéticamente modificadas. Por ejemplo, se han hecho estudios en cultivos de papa, soya y trigo en los que se relacionan los cambios en el genotipo y los efectos en el fenotipo, encontrándose que las consecuencias fenotípicas no siempre corresponden con los cambios genéticos específicos asociados.

"2019, Año del Caudillo del Sur, Emiliano Zapata"



En relación a ello, un grupo de investigadores de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM) en 2017 realizaron un estudio comparativo entre plantas silvestres, modificadas por fitomejoramiento y modificadas por ingeniería genética, con la intención de conocer si los diferentes procesos de modificación tenían influencia significativa en la expresión de rasgos fenotípicos específicos. Para ello, se eligieron cultivos de arroz, maíz, canola, girasol y calabaza. Todos ellos de gran interés cultural, alimenticio y económico a nivel global.

El estudio consistió en la realización de un meta-análisis con información obtenida de distintas bases de datos. Se analizó información publicada entre 1990 y 2017 de 110 artículos científicos y 10 tesis. Para el análisis se tomaron en cuenta seis rasgos fenotípicos específicos de importancia para la sobrevivencia y reproducción de las plantas: altura (cm), número de flores, días de floración, número de semillas, viabilidad de polen (%) y número de frutos. Con los datos recabados se llevaron a cabo un total de 990 comparaciones con las que fue posible hacer diferentes análisis estadísticos.

Los resultados de la investigación mostraron que las tres categorías estudiadas (*silvestre*, *modificada sin ingeniería genética* y *modificada por ingeniería genética*) presentaron diferencias fenotípicas significativas en la mayoría de los cultivos estudiados y para la mayoría de los rasgos de interés. En todos los casos, excepto en el de girasol, se encontró que existe mayor variación fenotípica en las variedades silvestres en comparación con su respectivo pariente modificado. Fue el maíz el cultivo que presentó la menor similitud fenotípica con su pariente silvestre (teocintle). Estos resultados confirman que las poblaciones de plantas silvestres y nativas constituyen el más grande repositorio de diversidad, mismo que disminuye durante los procesos de domesticación y de modificación genética. Este fenómeno ya ha sido documentado y estudiado bajo el concepto de "síndrome de domesticación".

"2019, Año del Caudillo del Sur, Emiliano Zapata"



Respecto a la expresión de las características fenotípicas específicas entre las variedades nativas y las modificadas (tanto por fito mejoramiento, como por ingeniería genética), se encontraron diferencias estadísticas significativas para casi todos los rasgos, especialmente en los casos de maíz, calabaza y arroz. Sin embargo, lo que resultó inesperado fue la clara distinción fenotípica entre la planta modificada por fito mejoramiento con aquella modificada con ingeniería genética, considerando que ninguno de los rasgos analizados coincide con los rasgos particulares conferidos por las modificaciones genéticas. Como se explicó al inicio, mediante la ingeniería genética se modifica el genotipo de un organismo para expresar una característica fenotípica específica. Por esta razón se esperaría que la única diferencia entre una misma planta modificada por ingeniería genética y su equivalente modificado por fito mejoramiento fuera únicamente ese rasgo en específico. Debido a que el mencionado estudio de 2017 no incluyó en su análisis las características esperadas por la modificación genética, se esperaría que las diferencias fenotípicas entre el cultivo fito mejorado y el genéticamente modificado fueran prácticamente inexistentes. Sin embargo, esto no sucedió, por el contrario, se hallaron importantes diferencias estadísticas para casi todas las características analizadas, particularmente, en el caso del arroz, la calabaza y el maíz.

Estas consecuencias fenotípicas no intencionales pueden ser atribuidas a distintas razones como los efectos pleiotrópicos (que un solo gen esté asociado con rasgos fenotípicos diferenciados), las interacciones entre el genoma y el ambiente, la complejidad de los procesos regulatorios del metabolismo y desarrollo de las plantas, y la posición en la que se inserta el transgen dentro del organismo receptor.

Resultados como los mostrados por esta investigación son de gran interés, pues permiten profundizar en las implicaciones del flujo génico entre variedades silvestres, nativas y variedades modificadas genéticamente, una vez que éstas han sido liberadas al ambiente. Se sabe que el flujo génico es un fenómeno difícil de controlar, por lo que resulta de gran importancia realizar mayor investigación sobre los efectos no intencionales derivados de la introgresión transgénica en variedades nativas. Esto debe contribuir a diseñar estrategias y tomar decisiones que contribuyan a la bioseguridad por el manejo de organismos genéticamente modificados.

"2019, Año del Caudillo del Sur, Emiliano Zapata"



Adicionalmente, este estudio cuestiona indirectamente el concepto de “Equivalencia Sustancial”, el cual refiere que, si un nuevo alimento o componente alimentario resulta ser sustancialmente equivalente a un alimento o componente alimentario, podrá ser tratado de la misma forma en lo respectivo a la seguridad. Esta investigación se suma a una lista creciente de evidencia que revela diferencias significativas (a nivel genómico, proteómico, metabólico, entre otros) entre las plantas convencionales y sus contrapartes modificadas genéticamente.

Hoy en día la población se enfrenta a importantes retos en el ámbito de la seguridad alimentaria. Estos retos se presentan, además, en un contexto en el que las condiciones climáticas están cambiando drásticamente. Ante ello, nuestro conocimiento sobre la preservación de la gran biodiversidad con que cuenta México, así como el desarrollo de estrategias de bioseguridad efectivas por el uso de variedades modificadas, serán fundamentales.

Referencias

- Hernández-Terán, A., Wegier, A., Benítez, M., Lira, R., Escalante, A.E. (2017). Domesticated, Genetically Engineered, and Wild Plant Relatives Exhibit Unintended Phenotypic Differences: A Comparative Meta-Analysis Profiling Rice, Canola, Maize, Sunflower, and Pumpkin. *Front. Plant Sci.* 8:2030. doi: 10.3389/fpls.2017.02030
- Mesnage R et al (2016). An integrated multi-omics analysis of the NK603 Roundup-tolerant GM maize reveals metabolism disturbances caused by the transformation process. *Scientific Reports* 6:37855. <http://www.nature.com/articles/srep37855>

"2019, Año del Caudillo del Sur, Emiliano Zapata"