

LIBERACIÓN COMERCIAL DE MAÍZ TRANSGÉNICO Y ACUMULACIÓN DE TRANSGENES EN RAZAS DE MAÍZ MEXICANO

COMMERCIAL LIBERATION OF TRANSGENIC MAIZE AND TRANSGENE ACCUMULATION IN MEXICAN MAIZE LANDRACES

Antonio Turrent Fernández^{1*}, José A. Serratos Hernández², Hugo Mejía Andrade¹ y Alejandro Espinosa Calderón¹

¹Campo Experimental Valle de México, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Km 18.5 carretera Los Reyes-Lechería. 53200, Texcoco, Edo. de México. Tel. (595) 95 42877, Ext. 113; Fax (595) 95 42835. ² Coordinación Académica, Universidad Autónoma de la Ciudad de México. Av. División del Norte número 906. Col. Narvarte, Delegación Benito Juárez. 03020, México, D. F.

*Autor para correspondencia (aturrent@cablevision.net.mx)

RESUMEN

Se analizan aspectos del mejoramiento genético autóctono de maíz (MGAM), la biología reproductiva de la especie, la tecnología actual del ADN recombinante (TADNR) y la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados (LBOGM), para inferir sobre la posible acumulación de transgenes en más de 50 razas nativas de maíz (RNM), a consecuencia de una eventual liberación comercial del maíz genéticamente modificado (MGM) en México. Se destacan las diferencias entre la primera oleada de MGM, importada de E.E. U.U. como grano y una segunda "oleada" de MGM adaptada a México. Los hábitos reproductivos del maíz lo hacen proclive a la difusión de alelos entre sus poblaciones, mientras que las prácticas del MGAM propician el cruzamiento por la ruta "semilla-polen". En la etapa comercial actual de la TADNR no sería posible controlar el locus de inserción, por lo que los 50 eventos transgénicos independientes (ETI) del mercado mundial de semillas de MGM estarían dispersos en el espacio cromosómico. Tal dispersión haría posible que los ETI sean concentrables, por cruzamiento, en un solo genotipo. También es posible que con la liberación comercial de MGM, los ETI fluyan y se acumulen en el genoma residente de las más de 50 RNM. Se ignora si hay umbral(es) deletéreo(s) de acumulación de transgenes, más allá del cual se dañe la diversidad del maíz nativo; por tanto, el Principio Precautorio habría de prevalecer sobre cualquier otra consideración. La investigación pertinente habría de ser llevada a cabo bajo estrictas normas de bioseguridad, y sus resultados e implicaciones entendidas, antes de proceder a la liberación comercial de MGM al campo mexicano.

Palabras clave: Mejoramiento genético autóctono de maíz, eventos transgénicos independientes, ADN residente.

SUMMARY

Aspects of autochthonous maize breeding (AMB), reproductive biology, current status of recombinant DNA technology (RDNA), and the Mexican Law of Biosafety of Genetically Modified Organisms are analyzed in order to infer on the consequences of the likely accumulation of transgenic DNA in the genomes of the more than 50 native races of maize, as a collateral effect of commercial release of genetically modified maize (GMM) in México. Differences

between a first wave of GMM that was imported as grain from USA and a prospective second "wave" of GMM are discussed. Reproductive habits of maize that help the flow of new alleles into its populations as well as AMB practices that will enhance intercrossing between maize races and GMM are discussed. The lack of control of the insertion locus in commercial transformation of maize is a documented fact; hence, 50 independent transgenic events (ITE) available worldwide in the seed market are probably scattered throughout the chromosomal space. Such condition makes it possible that all ITE could be stacked into one plant genotype through sexual hybridization. Those independent events could potentially flow and accumulate in the more than 50 Mexican native races of maize. It is not known whether there is a threshold of irreversible damage beyond which the diversity of native maize is provoked; hence, the Precautionary Principle should prevail over any other type of consideration. We conclude that relevant research should be conducted and implications understood previous to any commercial release of GMM in México.

Index words: Autochthonous maize breeding, independent transgenic events, resident DNA.

INTRODUCCIÓN

Después de que Quist y Chapela (2001) encontraron transgenes en las semillas de algunas variedades nativas de maíz colectadas en el municipio de Ixtlán en Oaxaca, varios investigadores llevaron a cabo nueve estudios, no todos publicados, que en algunos casos detectaron la presencia de proteína y ADN transgénico en el maíz de varios estados de la República Mexicana (Mercer y Wainwright, 2008; Piñeyro-Nelson *et al.*, 2008). Mercer y Wainwright (2008) resaltan las dificultades asociadas con la detección de ADN transgénico cuando su frecuencia es de 1 % o menor; sin embargo, recomiendan investigar métodos para reducir la frecuencia de transgenes que logran infiltrarse a las razas nativas de maíz (RNM), tales como desespigar los bordos de parcelas posiblemente

transformadas contiguas a cultivos de RNM; también reiteran las recomendaciones de la Comisión para la Cooperación Ambiental hacia México en el sentido de extender la moratoria a la siembra de maíz transgénico y matar el germen del maíz importado de países productores de maíz transgénico (CEC, 2004).

No obstante, la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados (LBOGM), (Anónimo, 2005) y su Reglamento (Anónimo, 2008), contemplan la liberación comercial de maíz genéticamente modificado (MGM) en México. Varios investigadores han hecho predicciones de los posibles impactos de esta liberación sobre las RNM (Bellón y Berthaud, 2004; Kato, 2006; Mercer y Wainwright, 2008). Bellón y Berthaud (2004) enlistan efectos posibles de la interacción genética entre el maíz genéticamente modificado (MGM) y las RNM, que implican desde incrementar la biodiversidad de las RNM hasta la posible acumulación de ADN transgénico en las RNM, si bien omiten sus ponderaciones respectivas. Aunque no lo hacen explícito, los artículos de Bellón y Berthaud (2004) y de Mercer y Wainwright (2008) se enfocan prioritariamente a las condiciones que prevalecerían en la etapa temprana de la liberación comercial de MGM en México. A la vez, Kato (2006) advierte sobre posibles aberraciones cromosómicas producto de la acumulación de ADN, que causarían semiesterilidad y otras anomalías fenotípicas que inducen malformaciones y reproducción defectuosa en los individuos.

Las condiciones para la interacción genética entre MGM y las RNM podrán cambiar radicalmente en etapas avanzadas de la liberación comercial de MGM, debido a que: a) El flujo de MGM será continuo, creciente y de gran cobertura geográfica, según se deduce de la LBOGM y su Reglamento; b) A diferencia de la primera “oleada” de MGM, la segunda sí estaría adaptada por lo menos a los agroecosistemas mexicanos más productivos, lo que la haría transmisor más eficaz de ADN transgénico (Whitney *et al.*, 2006); c) Ha aumentado a 50 el número de eventos transgénicos independientes disponibles en el mercado mundial de semillas transgénicas, tan sólo en los maíces comestibles (Agbios, 2009); d) La LBOGM y su reglamento no incluyen restricción alguna sobre cuántos y cuáles loci transgénicos son permisibles en el espacio genómico del maíz; e) Las prácticas del mejoramiento genético autóctono facilitan la dispersión; f) Ciertos rasgos de la biología reproductiva del maíz; y g) La etapa actual de desarrollo de la tecnología del ADN recombinante.

Las medidas previstas en la LBOGM y su reglamento para acotar la interacción genética entre el MGM y las RNM se enfocan a la ruta del polen, e ignoran la ruta

“semilla-polen” característica del MGAM. En este ensayo se explora la posibilidad de que en la etapa avanzada de liberación comercial del cultivo de MGM, la presencia hasta ahora infrecuente de ADN transgénico se transforme en acumulación progresiva e irreversible en las razas nativas de maíz.

FACTORES QUE FAVORECEN LA ACUMULACIÓN DE TRANSGENES EN LAS RAZAS NATIVAS DE MAÍZ

El mejoramiento genético autóctono del maíz

Las casi 200 generaciones de habitantes de Mesoamérica que han transcurrido desde la domesticación del maíz hace unos 6250 años (Matsuoka *et al.*, 2002; y Piperno y Flannery, 2001) heredaron los recursos fitogenéticos de maíz y una cultura de mejoramiento genético continuo. Esta cultura ha operado históricamente en el espacio territorial mexicano y ha sido factor de la diversificación del maíz nativo (Wellhausen *et al.*, 1952; Pressoir y Berthaud, 2004).

Varios investigadores de la etnobotánica, y en particular Efraím Hernández Xolocotzi, estudiaron el binomio maíz-agricultor en México (Hernández X., 1987 y 1993; Ortega *et al.*, 1991; Ortega, 2003); ellos dieron a conocer las prácticas que conforman lo que aquí se denomina mejoramiento genético autóctono de maíz (MGAM). Entre estas prácticas están: a) Mantener diferenciados varios tipos de maíz en sus predios (color, textura de grano, ciclo de desarrollo, razas) para varios usos específicos; b) Intercambiar selectivamente sus semillas entre vecinos; c) Introducir semillas de maíces alopátricos, a veces desde grandes distancias, y mezclarlas con las propias para favorecer su cruzamiento (ruta “semilla-polen”) y así introducir nuevos alelos que amplían la diversidad en la población; d) Observar el desempeño de las plantas en campo donde son expuestas a los agobios bióticos y abióticos de su parcela; y e) Someter las mazorcas y semillas a selección visual en el granero, según su uso específico, con intervención de la mujer.

El MGAM mantiene a las RNM en un sistema abierto y dinámico, que aprovecha las fuentes de diversidad disponibles para el mejoramiento genético continuo. Tal procedimiento facilita la entrada de nuevos alelos a las poblaciones de maíz nativo, y los alelos que producen ventajas selectivas en apoyo del grano idealizado por el grupo étnico que lo aprovecha, se fijarán en las poblaciones de maíz y se dispersarán en las comunidades. Este mecanismo podría operar en pro de la dispersión de transgenes. La alta presión durante el proceso de selección de la semilla, del orden de una en cada 285 semillas (Cleveland

et al., 2005) actuaría como filtro en la fijación de los alelos deseables.

El manejo del maíz en aislamiento dentro del predio— esto es, un sistema cerrado— con fuerte presión de selección, es inadecuado para los productores nativos de maíz, porque conduce a la pérdida de vigor de su semilla. El campesino conoce este efecto y por ello aplica el MGAM regularmente (Hernández X., 1987, 1993; Louette *et al.*, 1997; Louette y Smale, 2000). El MGAM se usa en los asentamientos de los 62 grupos étnicos de México. Los pequeños productores mestizos también practican las reglas del MGAM en sus recursos genéticos.

La interacción genética entre maíces nativos y materiales genéticos alopátricos ha acompañado al desarrollo de la diversidad genética en México desde tiempos inmemoriales. Por ejemplo, Wellhausen *et al.* (1952) ubican el desarrollo de la raza Cónico como producto del cruzamiento de las razas aún cultivadas, Cacahuacintle (traída de América del Sur) y la raza nativa antigua Palomero Toluqueño. En época más reciente hay evidencia de interacción genética entre las RNM y los maíces mejorados genéticamente por el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) y sus predecesores (Castillo y Goodman, 1995). En este caso, los alelos deseables infiltrados a las RNM contribuyeron a un mayor rendimiento de grano y adaptación a mayores densidades de población. Este proceso ocurrió entre las décadas de los 1950's y los 1980's, cuando la empresa paraestatal Productora Nacional de Semillas (PRONASE) multiplicó la semilla mejorada por el INIFAP y la distribuyó a los productores de maíz de las regiones fértiles del país.

La desaparición de la PRONASE en los años 1990's interrumpió este flujo específico, pero no la interacción genética con las RNM. El predominio posterior en México de maíces mejorados por los consorcios multinacionales (CMN) modificó las reglas del mercado de semillas mejoradas de maíz, a partir de la década de los 1990's. Es ahora este tipo de maíz el portador predominante de nuevos alelos. Su contribución a la variabilidad de las RNM incluye: 1) Resistencia al acame de tallo y de raíz en monocultivo; 2) Menor porte de planta; 3) Mayor índice de cosecha; y 4) Susceptibilidad a ciertos patógenos en regiones específicas (Pérez-Camarillo y Bobadilla-Meléndez, 2006). El incremento en la diversidad de los maíces nativos (nuevos alelos), propiciado por el MGAM ocurre sin alterar el número de genes del genoma. Hasta ahora, los alelos introducidos son parte del repertorio de la especie *Zea mays* L. ssp. *mays*.

El auge de la biotecnología y sus productos, y la siembra de MGM a escala comercial en México será una situación novedosa y súbita para el genoma de la especie. Cada transgene —hay 50 eventos transgénicos independientes (ETI)— será una nueva adición al genoma de las RNM, con consecuencias desconocidas. Los planes corporativos de los CMN que ahora ocupan el lugar de la extinta PRONASE, incluyen la sustitución total o parcial de sus híbridos de maíz común por MGM propios, después de su liberación a escala comercial.

Aspectos de la biología reproductiva del maíz

El maíz es una planta monoica porque tiene diferenciados y separados ambos sexos en el mismo tallo: la espiga ubicada en la parte terminal del tallo, es el aparato reproductivo masculino, y el jilote es el aparato reproductivo femenino que se ubica entre la mitad y los dos tercios del tallo. Temprano en la etapa reproductiva ocurre la meiosis en ambos aparatos reproductivos, como parte del proceso de formación de los granos de polen en la espiga y de los óvulos en el jilote. Durante la antesis, las anteras derraman su polen, que se mantiene viable de 10 a 30 min antes de deshidratarse (Kiesselbach, 1980). Típicamente, menos de 5 % de los óvulos son fecundados por el polen propio, debido en parte a que las 8 a 10 hojas superiores interponen una barrera física entre la espiga y el jilote; en su gran mayoría, los granos de polen que fertilizan al jilote provienen de plantas vecinas (Kiesselbach, 1980). Esta estrategia de la especie la hace proclive a la difusión de nuevos alelos hacia dentro de sus poblaciones.

El genoma de la especie *Zea mays* L. ssp. *mays* incluye 10 cromosomas que colectivamente se estima contienen unos 50 mil genes (Walbot y Petrov, 2001). La ubicación de esos genes en los 10 cromosomas es bastante estable y globalmente invariante en la especie. Cada cromosoma está compuesto por dos cromátidas unidas longitudinalmente y que provienen una de cada progenitor. Los genes iguales de las cromátidas están alineados uno frente al otro. Cuando los alelos de estos genes difieren entre sí —mismo gene pero alelos diferentes— en ocasiones uno funciona como “recesivo” y otro como “dominante” en su expresión. Durante la meiosis, las cromátidas no-hermanas de los cromosomas homólogos intercambian su ADN alrededor del quiasma. La fracción de una cromátida ubicada arriba del quiasma se une a la fracción de la cromátida ubicada abajo, mientras en la otra cromátida ocurre lo complementario.

La ubicación de los quiasmas en las cromátidas no es uniforme a lo largo del cromosoma, y aumenta su frecuencia en las regiones conocidas como “hot spots”

(Jeffreys y Neumann, 2002). El polen producido —hasta 25 millones de granos de polen en cada planta de maíz— y unos 500 óvulos por planta, provienen de eventos independientes de recombinación, producto de la ubicación particular de los quiasmas en cada cromosoma. Durante la polinización ocurre una doble fecundación mediante la cual uno de los núcleos generativos del grano de polen se fusiona con la oosfera, para dar lugar al embrión (2n), en tanto que el segundo núcleo generativo se une con los núcleos polares de la célula central del saco embrionario para formar el núcleo triploide del endospermo (Friedman, 1998). Estos procesos, proclives a la dispersión de alelos dentro de una población, también lo serán para la dispersión de transgenes hacia el interior de las poblaciones de las RNM, como se verá más adelante.

Aspectos de la tecnología del ADN recombinante

Las construcciones o casetes transgénicas presentes en el mercado actual de MGM tienen los siguientes componentes: a) Dos fragmentos de ADN que señalan el inicio (región promotora) y el fin (región terminadora), donde el promotor constitutivo 35S derivado del virus del mosaico de la coliflor es el más usado; b) El gene estructural que codifica la proteína del carácter transgénico; y c) El gene de selección, cuya función es marcar las células de los embriones de maíz que han sido transformadas para luego ser aisladas y crecidas en condiciones de cultivo de tejidos y así regenerar plantas.

La función de la construcción transgénica es inducir a la planta a producir una proteína específica, pero colateralmente también la proteína codificada por el gene marcador y el gene de selección, dentro del entorno funcional del ADN residente de la misma planta. El cuatrinomio formado por el promotor constitutivo 35S, el gene estructural, el gene marcador y el gene de selección, está activado permanentemente en todas las células de la planta, sin pausa, y en paralelo a la acción del ADN residente. En su acción, este cuatrinomio ocupa el mismo espacio y recursos de la célula (ribosomas, aminoácidos, energía, etc.) que el ADN residente.

Hay varios métodos para insertar la construcción o casete transgénico en el genoma del maíz, y entre los más usados están el método biolístico y el agrolístico, éste con mediación de la bacteria *Agrobacterium tumefaciens* (Hoisington *et al.*, 1998; Hansen *et al.*, 1997, Koprek *et al.*, 2001; Gelvin, 2003). Wang *et al.* (2009) hacen una detallada descripción de estos métodos. En ninguno de ambos métodos es posible controlar *a priori* la ubicación del inserto transgénico en el espacio cromosómico. El método biolístico es el más usado en las transformaciones

comerciales de maíz, aunque con mayor frecuencia produce copias redundantes del inserto transgénico. El locus del casete y en su caso de sus copias, es investigado y conocido con gran precisión *a posteriori*.

El auge de la biotecnología aplicada a la agricultura, explica la disponibilidad de 50 eventos transgénicos independientes (ETI) tan sólo de maíz transgénico comestible, en el mercado mundial de semilla de maíz. En conjunto, los 50 ETI, más sus copias redundantes, se encuentran dispersos en el espacio cromosómico del maíz. Este hecho en sí no es causa de alarma, porque hasta ahora cada híbrido de maíz funciona con un ETI, o con dos o tres que han sido acumulados por cruzamiento. Los CMN diseñaron esta estrategia para el productor que adquiere semilla transgénica cada ciclo de cultivo, y que procesa o vende todo el grano producido. En cambio, la misma dispersión de los ETI en el espacio cromosómico, sí puede ser causa de alarma para los productores que producen su propia semilla y la cruce de manera inadvertida con diferentes MGM. Las progenies sucesivas acumularían los insertos transgénicos por herencia mendeliana, como se discute más adelante.

Dos oleadas de maíz transgénico en el campo mexicano

Es pertinente resaltar la importante diferencia entre la primera oleada y la segunda oleada de MGM en México. La primera oleada es de grano transgénico producido en los E.E. U.U. que usado como semilla produce plantas no adaptadas a los agroecosistemas mexicanos. Típicamente son susceptibles a las enfermedades locales del follaje, de la raíz, la mazorca y la espiga, a la sequía y a las altas temperaturas, a la alta nubosidad y elevada humedad relativa de las sierras. Esta primera oleada fue introducida a los procedimientos del MGAM, probablemente a partir del grano internado por programas gubernamentales de ayuda a áreas deprimidas. El resultado de esta introducción es una alta dispersión geográfica de ADN transgénico en el territorio mexicano, si bien con baja frecuencia en las poblaciones de maíz nativo. Este factor de flujo transgénico operó sólo cinco años en el campo mexicano, de 1997 a 2002 (Mercer y Wainwright, 2008).

La segunda oleada de MGM estará integrada por híbridos transgénicos adaptados a México. Serán versiones transformadas de los mismos híbridos o sus similares, que en su modalidad de maíz no transgénico desarrollaron y comercializan con éxito los CMN en Sinaloa, Jalisco y otros estados. La interacción entre las RNM y ambas oleadas de MGM podrá ser diferente. Al principio, la segunda oleada produciría progenies con las RNM que exhibirían heterosis (debido a la gran diferencia

genotípica de los ADN residentes del MGM y las RNM). El efecto de heterosis más el que añada el inserto transgénico en su caso, podrían dar ventajas competitivas a las plantas transformadas sobre las plantas nativas no transformadas. Esta segunda oleada de híbridos transgénicos tendría, por tanto, mayor probabilidad de infiltrar sus transgenes en las RNM que la primera oleada (Whitney *et al.*, 2006).

Entre los MGM de la segunda oleada que estarían disponibles para comercialización en México, se incluye híbridos que podrán resistir a una, dos o tres plagas de importancia económica en México: gusano cogollero [*Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith)], doradilla (*Diabrotica* spp.), gallina ciega [*Phyllophaga crinita* (Bur)]¹. Esta resistencia más la heterosis conferirían ventajas competitivas a sus progenies con respecto a las plantas no transformadas, lo que conduciría a la introgresión de sus transgenes.

Sin embargo, la historia no acabaría ahí; con el maíz, coevolucionaron en México sus enemigos naturales y los enemigos de éstos, entre los que hay especies de parasitoides (F. Bahena; com. Personal²), y entomopatógenos como *Bacillus thuringiensis*. Es probable que la diversidad de las RNM tenga contrapartes en la diversidad genética de sus plagas y en los enemigos naturales de éstas. Así, el híbrido transgénico resistente a *S. frugiperda* que los consorcios multinacionales programan comercializar en México, inevitablemente tendría una vida útil finita, como ha ocurrido con el combate con agroplaguicidas. Esto es así porque en la diversidad genética de *S. frugiperda* de Mesoamérica difícilmente habría susceptibilidad universal a la proteína específica inducida en el MGM. Ese híbrido transgénico sería eventualmente sustituido por otro(s). A la introgresión con el ETI ya obsoleto, que para entonces será basura genética en el genoma residente de la RNM, seguirá otra con el o los nuevos híbridos. Las RNM acumularían los insertos transgénicos en su genoma, secuencial y progresivamente.

Se anuncian cuidados escrupulosos en el Proyecto Maestro de Maíz para impedir la interacción entre el MGM y las RNM durante la etapa experimental, prevista

por la LBOGM. Empero, estos cuidados no serán aplicados en las etapas posteriores de escalamiento. Sería impráctico en la escala comercial incinerar residuos de MGM, desfasar fechas de siembra, cercar con malla metálica, etc. Sólo se podrían imponer medidas que limiten la interacción genética no deseada por la ruta del polen, tales como distancias entre siembras de MGM y las RNM, según lo dicta la misma ley, más otras complementarias como el desespigamiento de los bordos de la parcela con MGM, eliminación de plantas espontáneas de maíz y otras. Estas medidas pueden ser suficientes en un contexto en el que todos los productores procesan o venden el grano cosechado, y adquieren su semilla en cada ciclo. En cambio, en México las RNM ocupan 70 % de la superficie dedicada a maíz, y siempre siembran con semilla auto producida. En este caso la interacción genética entre el MGM y las RNM ocurriría por la ruta semilla-polen, y podría burlar las prácticas de protección del maíz nativo previstas en la LBOGM y en su reglamento. No se podrá impedir la acción de los productores-seleccionadores de mazorca que, en la búsqueda de nuevos alelos para sus razas nativas, tomarían mazorcas también de las siembras de MGM, atraídos por su arquetipo de planta y vigor, y las mezclarían con la semilla propia.

A la mezcla de semillas de MGM y RNM y siembra según las prácticas del MGAM, seguirán la selección de la semilla y mazorca para las siembras subsiguientes, y el intercambio de semillas entre vecinos. Una construcción transgénica —con una sola copia— portada en un grano de polen que polinice a un óvulo de una planta de maíz nativo creará un embrión hemicigótico; es decir, el inserto transgénico aparecería solamente en la cromátida aportada por el progenitor transgénico. En virtud de la doble fecundación, el grano tendrá la morfología del maíz nativo, por lo que esta semilla podrá pasar el proceso de selección y producir una planta mestiza transformada que porte 50 % del ADN residente del MGM y 50 % del maíz nativo, más el inserto transgénico. Esta planta podrá expresar vigor híbrido y competir ventajosamente con las plantas no transformadas a su alrededor. Tal desempeño se deberá al ADN residente *per se* del híbrido transgénico, además del comportamiento derivado del transgene que porta.

Durante la meiosis, el intercambio de ADN entre cromátidas producirá muchas combinaciones de ambos ADN residentes, desplegadas en 25 millones de granos de polen y en 500 óvulos por planta, de los cuales 50 % portarán el casete transgénico. Aunque los granos producidos por estas plantas sean descartados en el proceso de selección de mazorca y semilla, su polen transgénico habría polinizado plantas vecinas nativas, y propiciaría la formación de granos mestizos con predominancia

¹ SENASICA, Servicio Nacional de Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (2006) Oficio núm. BOO.126 del 2 de Febrero de 2006. Respuesta del Dr. Javier Trujillo Arriaga, Director en jefe de SENASICA a Gustavo Ampugniani, Coordinador de Campaña de Ingeniería Genética, Greenpeace, México, D. F. Comunicación Personal. México, D. F.

² Fernando Bahena (2007) Investigador del Campo Experimental de Uruapan. INIFAP-CIRPAC. Morelia, Michoacán.

morfológica del tipo de maíz nativo y por tanto, seleccionables como semilla. Dos serían los genotipos posibles de los progenitores: sin y con casete transgénico (si se ignoran ambos ADN residentes). El cruzamiento entre estas plantas hermanas transformadas originará genotipos que al nivel de cromátida serán sin-sin, sin-con, con-sin y con-con: un genotipo libre de transgénicos, dos genotipos hemigotes y uno homocigote transgénico. Porciones de las progenies habrán sido transformadas por la vía sexual y mantendrán su inserto transgénico en el mismo locus que el progenitor transgénico. El intercambio de semillas entre productores de la misma comunidad, facilitará la penetración del ADN transgénico en la población de la RNM manejada.

Un segundo grano de polen transgénico que portara el mismo u otro casete transgénico pero en locus diferente al recién descrito, que polinizara un óvulo de una planta nativa, y posteriormente su progenie se entrecruzara libremente con la progenie del primer caso, produciría 16 genotipos posibles al nivel de cromátida (si se ignoran los ADN residentes); habría entonces 2^{2L} genotipos posibles, donde L es el número de casetes transgénicos en loci diferentes. Los genotipos tendrían 0, 1 ó 2 insertos transgénicos, en condiciones hemigótica u homigótica. Una fracción de la progenie habrá acumulado ambos loci transgénicos que originalmente estaban separados en dos progenitores transgénicos. Acumular ambos loci transgénicos también implica acumular dobles raciones de promotores y de genes marcadores y de selección en el ADN residente.

La interacción en la misma población de maíz nativo con 50 eventos transgénicos, ya sea de manera simultánea o a través de pocas o muchas generaciones de exposición a esos eventos —todos ellos en “loci” diferentes— generaría 2^{100} genotipos posibles, casi igual a 10^{30} , definidos por el número de casetes transgénicos en sus cromátidas, si se ignora a los respectivos ADN residentes. De la lista de genotipos, los habría con cero, con uno, con dos, y hasta con 50 casetes transgénicos, tanto en condición hemigótica como homigótica.

Este proceso de acumulación de casetes transgénicos en la población originalmente nativa, sería propiciado por la presencia abundante de MGM, la actividad de los productores-colectores de mazorcas, el intercambio de semillas entre vecinos y por los hábitos reproductivos del maíz. La fracción de la progenie que acumule 50 casetes transgénicos en condición homigótica será muy pequeña, pero la fracción que acumule 25 o más transgenes en condiciones hemigótica u homigótica, sería la mitad del total. Se habría alcanzado así la etapa de acumulación irreversible de ADN transgénico. Si el umbral deletéreo

de acumulación fuera 25, hasta la mitad de la población de la RNM sería inviable y por ese camino se afectaría la diversidad genética de la RNM (Kato, 2006).

Turrent *et al.* (2009) sugieren investigar el efecto de este proceso de acumulación sobre RNM, con dos objetivos: a) Un plan de cruzamientos para crear poblaciones de RNM con cargas genéticas transgénicas desde 0 a 32 o bien, 0 a 64 ETI; y b) Procesos de evaluación fenotípica y genómica de los transformandos. Estos estudios permitirían cotejar la hipótesis del umbral deletéreo de acumulación de transgenes. Habría de aplicarse el Principio Precautorio, mientras exista el actual nivel de desconocimiento, para instrumentarlo con la moratoria al cultivo de maíz transgénico a campo abierto y dando muerte al germen del grano importado, esto último según recomendación de la Comisión para la Cooperación Ambiental (CEC, 2004).

Como se ha analizado en este ensayo, el estado actual de la tecnología del ADN recombinante (TADNR) aplicada comercialmente, carece de atributos para contener la dispersión del ADN transgénico por ambas vías, polen y semilla-polen en México. Es necesario esperar a que haya desarrollos tecnológicos futuros que garanticen esa contención, antes de liberar comercialmente el cultivo de maíz transgénico en México. Ejemplo de tales desarrollos es la inserción del ADN transgénico en el ADN extra nuclear (cloroplastos y mitocondria) en vez del nuclear, como atributo que hace a la herencia materna el único medio para la dispersión del ADN transgénico. Esta variante de la TADNR es actualmente objeto de intenso desarrollo tecnológico, por su potencial para resolver la dispersión de transgenes vía polen, aunque no la de la vía semilla (Daniell, 2007).

CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

El mejoramiento genético autóctono del maíz —practicado por los grupos étnicos de México desde tiempos inmemoriales— y la siembra a escala comercial de maíz transgénico adaptado a una parte de los agroecosistemas mexicanos, son factores de interacción genética entre el maíz genéticamente modificado y las razas nativas de maíz, que podrán conducir a la acumulación progresiva de ADN transgénico en aquéllas, con efectos hasta ahora desconocidos y que invocan la aplicación del Principio Precautorio.

Se recomienda por ello posponer la liberación de la siembra de maíz genéticamente modificado en México, hasta conducir la investigación que específicamente esclarezca el efecto de la acumulación progresiva de ADN transgénico que sobre las más de 50 razas nativas de

maíz, investigación habría de ser financiada con fondos públicos y realizada en microcosmos bioseguros.

BIBLIOGRAFÍA

- Agbios (2009)** GM Database. Information on GM Approved Products. Merrickville, Ontario, Canada. Disponible en: <http://agbios.com/dbase.php> (Julio de 2009).
- Anónimo (2005)** Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados. Diario Oficial de la Federación, publicado el 18 de Marzo de 2008. Presidencia de la República. México, D. F.
- Anónimo (2008)** Reglamento de la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados. Diario Oficial de la Federación, publicado el 19 de Marzo de 2008. Presidencia de la República. México, D. F.
- Bellon M R, J Berthaud (2004)** Transgenic maize and the evolution of landrace diversity in Mexico. The importance of farmers' behavior. *Plant Physiol.* 134:883-888.
- Castillo G F, M M Goodman (1995)** Investigaciones acerca del flujo entre maíz mejorado y maíz criollo. *In: Flujo Genético entre Maíz Criollo, Maíz Mejorado y Teocintle: Implicaciones para el Maíz Transgénico.* J A Serratos, M Willcox, F Castillo (eds). INIFAP, CIMMYT, CNBA. El Batán, Edo. de México. pp:72-80.
- CEC, Commission for Environmental Cooperation (2004)** Maize and Biodiversity: The Effects of Transgenic Maize in Mexico. CEC, Montreal, Canada. <http://www.cec.org/files/PDF/Maize-and-Biodiversity-en.pdf> pp:26-30 (Julio de 2009).
- Cleveland D A, D Soleri, F Aragon, J Crossa, P Gepts (2005)** Detecting (trans) gene flow to landraces in centers of crop origin: lessons from the case of maize in Mexico. *Environ. Biosaf. Res.* 4:197-208.
- Daniell F (2007)** Transgene containment by maternal inheritance: Effective or elusive? *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 104:6879-6880.
- Friedman WE (1998)** The evolution of double fertilization and endosperm: an historical Perspective. *Sex Plant Reprod.* 11:6-16.
- Gelvin S (2003)** *Agrobacterium*-mediated plant transformation: the biology behind the "gene-jockeying" tool. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 67:16-37.
- Hansen G, R D Shillito, D Chilton (1997)** T-strand integration in maize protoplasts after codelivery of a T-DNA substrate and virulence genes. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 94:11726-11730.
- Hernandez X E (1987)** Experiencias leading to a greater emphasis on man in ethnobotanical studies. *Econ. Bot.* 41:6-11.
- Hernandez X E (1993)** La agricultura tradicional como una forma de conservar el germoplasma de los cultivos *in situ*. *In: Biología, Ecología y Conservación del género Zea.* B F Benz (comp). Universidad de Guadalajara. Guadalajara, Mex. pp:243-256.
- Hoisington D, GM Listman, ML Morris (1998)** Varietal development: applied biotechnology. *In: Maize Seed Industries in the Developing Countries.* M L Morris (ed). Lynne Publishers, CIMMYT. Boulder, Colorado, USA. pp:77-102.
- Jeffreys A, R Neumann (2002)** Reciprocal crossover asymmetry and meiotic drive in a human recombination hot spot. *Nature Gen.* 31:267-271.
- Kato Y A (2006)** Variedades transgénicas y el maíz nativo en México. *Agric. Soc. Des.* 1:101-109.
- Kiesselbach T A (1980)** The structure and reproduction of corn. Reprint of the 1949 Res. Bull. No. 161 from the Agric. Exp. Sta. University of Nebraska Press. Lincoln, NE. 93 p.
- Koprek T, S Rancel, D McElroy, J D Lou Werse, R E Williams-Carrier, P E Lemaux. (2001)** Transposon-mediated single-copy gene delivery leads to increased transgene expression stability in barley. *Plant Physiol.* 125:1354-1362.
- Louette D, A Charrier, J Berthaud (1997)** In situ conservation of maize in Mexico: genetic diversity and maize seed management in a traditional community. *Econ. Bot.* 51:20-38.
- Louette D, M Smale (2000)** Farmers' seed selection practices and traditional maize varieties in Cuzalapa, Mexico. *Euphytica* 113:25-41.
- Matsuoka Y, Y Vigoroux, MM Goodman, J Sanchez, E Buckler, JA Doebley (2002)** Single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 99:6080-6084.
- Mercer K L, J D Wainwright (2008)** Gene flow from transgenic maize to landraces in Mexico: an analysis. *Agric. Ecosyst. Environ.* 123:109-115.
- Ortega R, J J Sanchez, F Castillo, J M Hernández (1991)** Estado actual de los estudios sobre maíces nativos de México. *In: R Ortega P, G Palomino H, F Castillo G, V A González H, M Livera M (eds). Avances en el Estudio de los Recursos Fitogenéticos de México.* pp:161-185.
- Ortega P R (2003)** Diversidad de maíz en México: Causas, Estado Actual y Perspectivas. *In: Sin Maíz no hay País. Culturas Populares.* CONACULTA, México, D. F. pp:123-154.
- Pérez-Camarillo J, M Bobadilla-Meléndez (2006)** Carbón de la Espiga de Maíz. Resultados de los Ciclos Agrícolas P.V. 2002 y 2003. Folleto Informativo Núm. 1. SAGARPA, INIFAP. Pachuca, Hidalgo, México. 12 p.
- Piñeyro-Nelson A, J Van Heerwaarden, H R Perales, J A Serratos-Hernández, A Rangel, M B Hufford, P Gepts, A Garay-Arroyo, R Rivera-Bustamante, E R Álvarez-Buylla (2008)** Transgenes in Mexican maize: molecular evidence and methodological considerations for GMO detection in landrace populations. *Mol. Ecol.* 18:750-761.
- Piperno D R, KV Flannery. (2001)** The earliest archaeological maize (*Zea mays* L.) from highland Mexico: new accelerator mass spectrometry dates and their implications. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 98:2101-2103.
- Pressoir G, J Berthaud (2004)** Population structure and strong divergent selection shape phenotypic diversification in maize landraces. *Heredity* 92:95-101.
- Quist D, I Chapela (2001)** Transgenic DNA introgressed into traditional maize landraces in Oaxaca, México. *Nature* 414:541-543.
- Turrent-Fernández A, J A Serratos-Hernández, H Mejía-Andrade, A Espinosa-Calderón (2009)** Propuesta de cotejo de impacto de la acumulación de transgenes en el maíz (*Zea mays* L.) nativo mexicano. *Agrociencia* 43:257-265.
- Walbot V, D A Petrov (2001)** Gene galaxies in the maize genome. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 98:8163-8164.
- Wang K, B Frame, Y Ishida, T Komari (2009)** Maize genetic transformation. *In: Handbook of Maize: Genetics and Genomics.* J Bennetzen, S Hake (eds). Springer, New York, N.Y. pp: 609-640.
- Whitney K D, R A Randell, L H Rieseberg (2006)** Adaptive introgression of herbivore resistance traits in weedy sunflower *Helianthus annuus*. *Am. Nat.* 167: 794-807.
- Wellhausen E J, L M Roberts, E Hernandez X (1952)** Races of maize in Mexico. Bussey Inst. Harvard Univ. Cambridge. 210 p.