

Hibridación entre plantas transgénicas y plantas silvestres: límites del riesgo ambiental

Hybridization between transgenic and wild plants: environmental risk

*Alejandro Chaparro Giraldo*¹

RESUMEN

Plantas resistentes a enfermedades a insectos o a herbicidas, mejoradas en su calidad nutricional o que resisten mas tiempo de almacenamiento, son productos de la ingeniería genética que están siendo comercializados. A pesar de estos beneficios, existen criticas debido a los riesgos ambientales, que según algunas organizaciones ambientalistas, están asociados con las plantas transgénicas u organismos genéticamente modificados (OGM). Este trabajo revisa el problema de la transferencia vertical (planta/planta) de genes en el contexto de las OGM. Se han reportado la producción de híbridos entre plantas transgénicas y parientes silvestres relacionados, pero ello no significa peligro ambiental per se, el riesgo esta en función de las especies vegetales involucradas, el transgene utilizado y el ecosistema donde están las plantas localizadas. El análisis de bioseguridad debe hacerse caso por caso. Existen métodos biotecnológicos y convencionales para la contención del flujo génico, y disminuir el riesgo de escape de transgenes.

Palabras clave: Plantas transgénicas, riesgo ambiental, bioseguridad, flujo génico.

ABSTRACT

Genetically modified products are widely commercialized in agricultural production. These include resistant plants to diseases, insects or herbicides, plants with capacity for longer storing times or better nutritional quality. However, there are some concerns and critics from environmental organizations on the risk associated to transgenic plants or organisms genetically modified (OGM). This review discusses the vertical gene transfer (plant/Plant) within the OGM context. Although transgenic hybrids have been reported between transgenic plants and their wild relatives, the extent of the environmental risk has not been evaluated per se. The risk depends on the plant species involved, the transgenes, and the ecosystem where the plants are located. Studies on biosafety assessment must be evaluated case by case. Biotechnology and conventional methods allow to control gen flow and decrease the risk of gene transfer among species.

Key words: Transgenic plants, enviromental risk, biosafety, gene flow.

INTRODUCCIÓN

Las plantas transgénicas son organismos vegetales genéticamente modificados (OGM) a través de técnicas combinadas de cultivos de tejidos y biología molecular. Se han introducido a genomas vegetales, genes de muy diverso

origen (tabla 1). Los propósitos de estas transformaciones genéticas han sido muy variados. OGM resistentes a herbicidas, resistentes a insectos, resistentes a enfermedades, mejorados en la calidad nutricional o en la capacidad de almacenamiento son producidos para la agricultura. Plantas modificadas para que produzcan moléculas que se usan en terapias para el tratamiento de enfermedades humanas, como anticuerpos y vacunas. Organismos vegetales a los que se han introducido genes que biodegradan metales pesados y pueden ser sembrados en suelos contaminados para su recuperación. El uso de la ingenie-

¹ Ph.D. Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia. E-mail: chapagir@ciencias.ciencias.unal.edu.co

Tabla 1. Ejemplos de caracteres modificados por transgenes y los organismos de donde fueron aislados (modificado de Dale, 1993)

Carácter	Gene	Fuente del gene
Resistencia a insectos	<i>cry</i>	<i>Bacillus thuringiensis</i>
Resistencia a herbicidas	<i>bar</i>	<i>Streptomyces higroscopicus</i>
Resistencia a virus	<i>CP</i>	Virus PLRV, PVX, PVY, CMV
Color de flor	<i>chs antisentido</i>	<i>Petunia hibrida</i>
Resistencia a hongos	Quitinasa	<i>Serratia marcescens</i>
Albúmina	Albumina humana	<i>Homo sapiens</i>
Encefalinas	Leu-encefalina	Gene artificial

ría genética de plantas también es intensivo en la ampliación del conocimiento profundo de fenómenos biológicos, como el proceso de florecimiento, las relaciones entre las plantas y los organismos (insectos, virus, hongos, bacterias), la producción de fitohormonas, el estrés oxidativo, el direccionamiento de proteínas a organelas celulares, etc.

Las potencialidades del uso de las OGM vegetales son enormes y, por ello mismo, es necesario estar atentos frente a los posibles riesgos biológicos que involucren, para que los beneficios recibidos no resulten costosos. Uno de los tipos de riesgo que se discute es la transferencia de genes desde las plantas transgénicas hacia las poblaciones silvestres, lo cual genera alteraciones ecológicas, como efecto de las denominadas “supermalezas”.

¿Difieren las plantas transgénicas de los materiales mejorados convencionalmente?

Una cuestión clave en la discusión es: ¿existen diferencias fundamentales entre materiales vegetales producidos por mejoramiento clásico y aquellos producidos por técnicas moleculares? La mayoría de OGM vegetales destinados a la producción agrícola modifican variedades comercialmente exitosas, agregándoles una cualidad determinada sin alterar las demás características físicas. En un campo de soya, son indistinguibles una planta transgénica de una planta no transgénica. Esta afirmación también es válida en su comportamiento sexual. La planta transformada continúa emitiendo polen viable y relacionándose con las mismas plantas con las cuales mantiene flujo de genes por hibridación. La excepción existe cuando las plantas son modificadas específicamente en su carácter sexual y se

orienta el proceso a la producción de plantas androestériles, que producen polen no viable. Existe consenso entre los científicos sobre que, en general, los cultivos transgénicos comerciales muestran igual fertilidad que los no transgénicos (Raybould & Gray 1994).

Se ha demostrado que cuando un gene introducido, o transgene, es integrado como una copia simple en el genoma vegetal, su herencia corresponde a la herencia monohíbrida mendeliana clásica. Cuando los transgenes son integrados en copias múltiples, muestran patrones complejos de herencia, reducen los niveles de expresión y tienden a ser silenciados. Los mejoradores buscan patrones simples de herencia, alta expresión y evitan el silenciamiento génico. Como resultado, los materiales transgénicos liberados y los que se busca liberar son cultivos con un bajo número de copias del transgene, que muestran segregación mendeliana. La población vegetal con caracteres genéticamente modificados puede ser modelada usando datos y procedimientos similares a los empleados por la genética clásica (Raybould & Gray 1994). En análisis de segregación, de 161 diferentes plantas transgénicas, 55% segregaron para una copia, 20% para dos copias, 6% para tres copias y 4% para cuatro copias (Dale *et al.* 1993).

La Academia Nacional de Ciencias (NAS) y el Consejo Nacional de Investigación (NRC) de Estados Unidos, en análisis separados, llegaron a la misma conclusión: no existe diferencia conceptual entre modificación genética de plantas y microorganismos por métodos clásicos o por técnicas moleculares que modifiquen el DNA o transfieran genes (citado por Miller *et al.* 1993). Los fenotipos, características físicas de un organismo, están determinados por la expresión génica y no por cómo se introducen los

genes. Los organismos expresan genes que confieren resistencia a antibióticos, sin importar si los genes son introducidos por selección natural o por manipulación del DNA. Algunos van más allá y afirman que los métodos basados en la manipulación del DNA son más precisos que los métodos convencionales, e incluso sus resultados son más predecibles (Miller *et al.* 1993). Tal afirmación se basa en la caracterización detallada del transgene, tanto en la secuencia como en el producto, y en el conocimiento preciso del fenotipo de la planta transformada. Desconoce, sin embargo, los resultados de interacciones complejas entre el transgene y el ambiente cromosómico donde éste se inserte. Estas interacciones pueden determinar efectos pleiotrópicos o epistáticos cuyos resultados son impredecibles. A pesar que la inserción del transgene en el genoma vegetal parece ser aleatoria, observaciones empíricas sobre el material transgénico liberado muestran muy poca evidencia de efectos pleiotrópicos y no es evidente que éstos, cuando se presentan, tengan algún efecto genérico adverso en el comportamiento de las plantas modificadas (Dale *et al.* 1993).

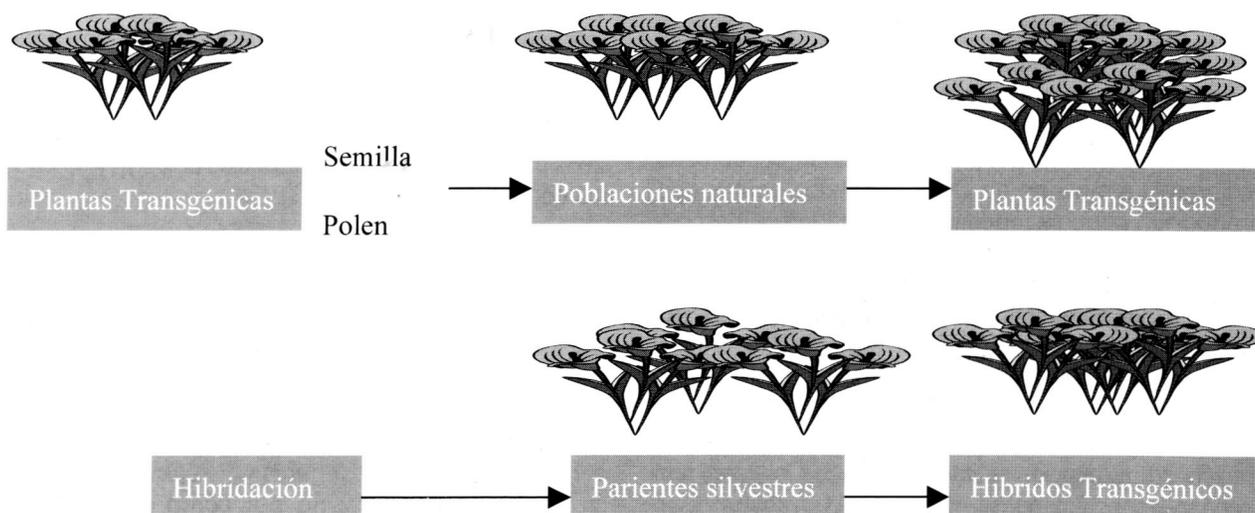
Límites del riesgo de la hibridación

Las “supermalezas”, es decir plantas con propiedades modificadas de invasión de ecosistemas, pueden acontecer si persisten OGM después del cultivo, si se establecen como poblaciones naturales fuera de las tierras agrícolas, si el transgene es transferido a otro cultivo o a una especie silvestre por hibridación sexual, y el híbrido (o el producto de la introgresión) puede convertirse en maleza (figura 1).

Es improbable que la modificación genética cambie la velocidad a la que se hibriden cultivos con sus parientes silvestres, o la gama de especies con las que son sexualmente compatibles. La modificación podría alterar el valor adaptativo del híbrido, y esto originaría mayor persistencia, más rápidas velocidades de expansión o aumento de la habilidad para invadir nuevos hábitats. Ahora bien, las especies cultivadas pueden ser divididas entre cultigenes facultativos y cultigenes obligados. Los primeros no difieren genéticamente de sus parientes silvestres y son recientemente domesticados; los segundos, por el contrario, difieren mucho de sus parientes silvestres y están bien domesticados. El segundo grupo es el blanco preferido de las modificaciones genéticas. El evento de hibridación puede ocurrir con más facilidad en cultigenes facultativos que en cultigenes obligados (Raybould & Gray 1994).

La extensión del riesgo depende, entre otros aspectos, de cómo actúan en el híbrido los genes introducidos. Según algunos investigadores, muchos de los caracteres introducidos mediante el mejoramiento convencional (enanismo, ausencia de dormancia en la semilla, etc.) son caracteres que pueden originar disminución de la adaptación en especies silvestres. Por el contrario, muchos caracteres transferidos por ingeniería genética

En conclusión, no es evidente que los principios que gobiernan la expresión transgénica y determinan la dispersión del transgene en poblaciones de plantas sean esencialmente diferentes de aquellos que operan sobre genes nativos. Aunque los métodos moleculares permiten introducir diferentes clases de genes, los caracteres modificados en el cultivo pueden mostrar el mismo comportamiento de los modificados por mejoradores convencionales. Por tanto es esencial retomar el conocimiento sobre evolución de plantas cultivadas y la experiencia de un siglo de fitomejoramiento para analizar lo que pueda suceder con las OGM vegetales.



(tolerancia a sequía, resistencia a herbicidas, a salinidad, a enfermedades e insectos) pueden conferir ventajas adaptativas en plantas silvestres (Ellstrand & Hoffman 1990). Esta afirmación parece no ser muy válida cuando se sabe que algunos de estos caracteres han sido modificados en plantas a través de metodologías convencionales y metodologías moleculares, como el caso de la resistencia a herbicidas (Fisher & Pabón 1995; Chaparro et al. 1995). Convendría hacer una subdivisión de los transgenes, entre aquellos que confieren fenotipos que ya existen, son equivalentes a los presentes en cultivos o especies silvestres, y aquellos que son completamente nuevos o se encuentran únicamente en plantas sujetas a una fuerte presión de selección (Rogers & Parkes 1995).

El análisis de riesgo de transferencia génica entre especies vegetales debe hacerse de acuerdo con varias cuestiones: emisión, dispersión y deposición de polen transgénico; introgresión del transgene dentro de especies silvestres; estabilidad de la expresión y expansión del transgene en especies silvestres; y efectos ecológicos del transgene en la nueva población hospedera (Eventhis & Zadocks 1991).

La adopción comercial de cultivos transgénicos trae un nuevo problema: el movimiento de polen no es la única forma de escape de transgenes. Los bancos de semilla o material vegetativo que se mantienen en el suelo, luego de la cosecha del cultivo, pueden constituirse en reservorios de transgenes, mantenerse algún tiempo y luego germinar y producir polen viable (Kareiva et al. 1994).

¿Es riesgosa en sí misma la existencia de híbridos transgénicos?

Es claro que existe la posibilidad de la existencia de híbridos transgénicos producidos por efecto de la transferencia de polen desde OGM hacia especies silvestres. De hecho ya han sido reportados: *Brassica napus* transgénica (resistente a herbicidas) x *B. oleracea*; *B. napus* transgénica x *Sinapsis arvensis* (Kerlan et al. 1992); *Brassica napus* transgénica x *Hirschfeldia incana* (Lefol et al. 1996). Inclusive se ha propuesto usar genes reporteros en estudios de flujo génico, en ensayos de transferencia de genes entre plantas de la misma especie (Paul et al. 1995). Pero la existencia de híbridos transgénicos no implica que este se vaya a convertir en una "supermaleza".

La significación del escape de transgenes varía con la biología del cultivo donador, la especie silvestre receptora y el gene introducido. En términos del cultivo donador,

el mayor riesgo podría provenir de cultivos que tengan poca domesticación y, por causa de ello, mínima diversidad ecológica y reproductiva de los progenitores silvestres. En términos de la especie silvestre receptora, el mayor riesgo está asociado a aquellas que ya sean malezas agresivas. En términos del gene introducido, depende si éste ofrece una ventaja adaptativa clara o, por el contrario, es desventajoso. La ventaja selectiva del carácter introducido puede ser suficiente para que el híbrido sea superior a las plantas silvestres puras. El híbrido puede persistir a través de la reproducción asexual, una forma común de propagación en las malezas, o el híbrido por retrocruce hacia las malezas dirige el carácter transgénico para ingresar en la población mediante el proceso denominado introgresión. La selección natural eliminaría los genotipos que contengan combinaciones génicas negativas para la adaptación. Casos de incremento en la agresividad de malezas por causa de flujo génico de cultivos relacionados han sido bien documentados. El riesgo creado por la hibridación cultivo/maleza no es único de la ingeniería genética. El impacto ecológico de la hibridación cultivo/maleza puede depender más de la biología del cultivo, del pariente silvestre y del gene transferido que del método de transferencia génica (Ellstrand & Hoffman 1990).

Por ejemplo, el carácter de resistencia a herbicidas puede ser ventajoso en condiciones agrícolas donde la presión de selección favorece a las plantas resistentes. No se entiende cómo esta característica puede constituir una ventaja adaptativa en ecosistemas naturales donde no hay aplicación de herbicidas y no existe esta presión de selección. Ahora bien, la expresión del transgene en ausencia de selección puede imponer un costo energético a la planta, pero la evidencia sugiere que esto no sucede. Se propone que, en este caso, el transgene puede funcionar como un gene neutral en poblaciones naturales (Raybould & Gray 1994).

La principal característica de una "supermaleza" es su mayor capacidad de invadir ecosistemas. Con el propósito de estimar este carácter, se realizó un estudio con tres líneas de *B. napus*, dos transgénicas (resistente a herbicidas y resistente a antibióticos) y una línea no transgénica. Estos materiales vegetales fueron sometidos a 12 ambientes distintos, determinados por tres sitios climáticamente diferentes y cuatro hábitats en cada sitio (húmedo versus seco, soleado versus sombreado). En cada ambiente fueron establecidos tratamientos definidos por la presencia/ausencia de fitófagos vertebrados o invertebrados, hongos patógenos y vegetación perenne preestablecida. Para medir la capacidad de invasión se utilizó el parámetro λ , que para especies anuales como *B. napus* está determinado por la siguiente ecuación:

$$\lambda = (1 - d_1 - g) + g(1 - d_2) F$$

donde d_1 es la proporción de semillas que mueren en un año, g es la proporción de semillas que germinan en la primavera de un año, d_2 es la proporción de semillas que mueren en el invierno entre el primer y el segundo año; y F es el número medio de semillas producidas por semillas que germinaron. Cuando la tasa de invasión, es infinita $\lambda > 1$; si la tendencia es a la extinción, $\lambda < 1$. A pesar de variaciones sustanciales en la sobrevivencia y producción de la semilla, y en el crecimiento de las plantas entre los sitios y a través de todo el experimento, no se encontró evidencia que caracteres transgénicos de resistentes a herbicidas o resistencia a antibióticos incrementen la capacidad de invasión de *B. napus*. En algunos casos en los que se encontraron diferencias significativas (sobrevivencia de semillas), las líneas transgénicas fueron menos invasivas y menos persistentes que la línea no transformada (Crawley et al. 1993).

Del resultado anterior no se deduce que, en general los OGM vegetales exhiban una baja capacidad de invasión, sino que la resistencia a herbicidas (fosfotricina) y la resistencia a antibióticos (kanamicina), conferidas por los genes *bar* y *nptII* respectivamente, no alteran la capacidad de invasión de *B. napus*.

Trabajos similares con papa, maíz y remolacha azucarera transformados con genes que confieren resistencia a la kanamicina, tolerancia a herbicidas (glifosato y glufosinato) y tolerancia a herbívoros (toxina Bt y lectina de arveja) fueron realizados bajo una amplia gama de condiciones ambientales. No se encontraron evidencias de incremento en la capacidad de invasión. Los resultados indican que el uso de esta particular tolerancia a insectos herbívoros no confiere una ventaja de las OGM en hábitats naturales. Sin embargo, la gama de transgenes probados es muy pequeño, en un tiempo relativamente corto; por tanto las conclusiones presentadas no son definitivas (Rogers & Parkes 1995)

El análisis de lo que puede suceder con caracteres que determinen genotipos resistentes a estrés, muestra otra fase del problema. La expansión del uso de cultivos en los que se hayan introducido estos caracteres tiene el potencial para aumentar la sobrevivencia de tales plantas en condiciones adversas o limitantes. Si estos caracteres son transferidos o introgresados a poblaciones naturales, muy probablemente el efecto sea incrementar su valor adaptativo, constituyéndose en una vía para aumentar la capacidad de invasión de la especie silvestre hibridada o introgresada. Con relación a caracteres como el mejoramiento de la calidad nutricional, la relación con el incremento del valor adaptativo no es evidente. La mejor

aproximación al estudio de la relación entre el carácter transgénico y sus efectos sobre la capacidad de invasión en OGM, o híbridos, es investigar caso por caso (Rogers & Parkes 1995).

El análisis de flujo génico debería considerar también el examen de cómo diferentes patrones de cultivo y paisajes (ambientes) influyen en la dispersión del polen. Este enfoque es opuesto y complementario al simple reporte de datos de flujo génico bajo un conjunto de condiciones ambientales determinadas (Kareiva et al. 1994).

En general, la posibilidad de que un híbrido transgénico pueda convertirse en "supermaleza" va a estar en función de los genotipos vegetales involucrados y la característica codificada por el transgene. Existen dos condiciones extremas. En la más riesgosa, el OGM se establece en un ecosistema en el que existen parientes silvestres y el transgene puede conferir ventajas significativas. En el otro extremo, si el OGM es colocado en un ecosistema en el que no existen parientes silvestres y el transgene no confiere ninguna ventaja comparativa, el riesgo es casi inexistente.

¿Existen métodos de contención del escape de transgenes?

Se ha propuesto una serie de estrategias para reducir el riesgo de escapes de transgenes hacia poblaciones naturales, entre las cuales se incluyen aislamiento por distancia, métodos culturales de aislamiento, métodos genéticos de aislamiento y contención luego del escape (Ellstrand & Hoffman 1990).

El aislamiento espacial sobre una escala local puede parecer la mejor solución. La mejor información disponible son las guías para la producción de semillas básicas con alto grado de pureza. Muchas especies autóгамas requieren distancias de aislamiento máximo de 200 m, mientras especies alógamas pueden requerir más de 1000 m de aislamiento (Rogers & Parkes 1995). Sin embargo, estas mediciones están basadas en cruces entre cultivos de poblaciones monoespecíficas, uniformemente espaciadas, bastante compatibles y muy grandes. La ecología y la genética de las malezas adyacentes a campos cultivados es diferente. Las poblaciones de malezas casi no son monoespecíficas y en general varían en tamaño, densidad y fenología. Es necesario desarrollar medidas para juzgar el riesgo de escape de transgenes por cuanto no se conoce cómo la ecología y la genética de las malezas puedan alterar tasas de cruzamiento interpoblacional (Ellstrand & Hoffman 1990).

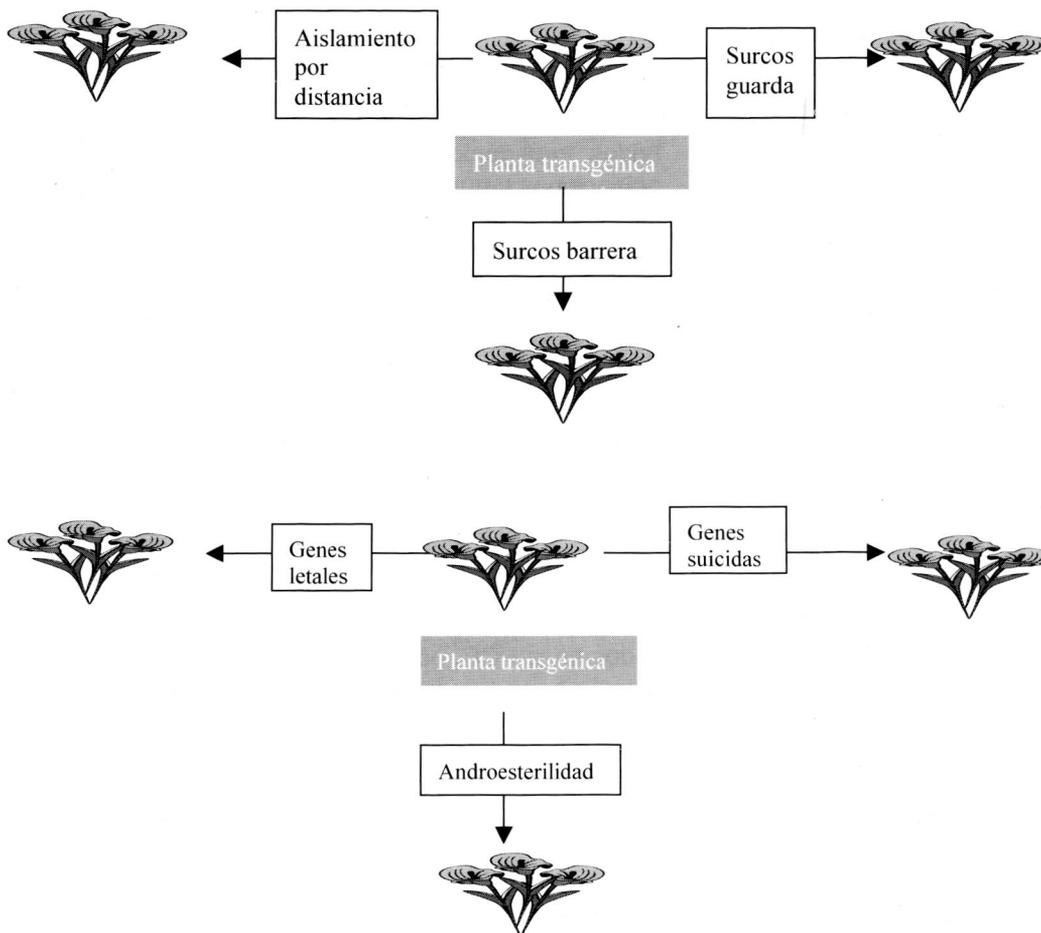
En ciertos casos, las prácticas culturales simples pueden reducir de manera significativa la hibridación entre especies cultivadas y malezas. Por ejemplo, si los cultivos se siembran de modo que su florecimiento no coincida con el de sus parientes silvestres relacionados, la hibridación puede no ocurrir. O si el producto del cultivo es vegetativo, una cosecha cuidadosa y completa antes del florecimiento puede prevenir la formación de polen. Algunos surcos borde de una especie diferente (surcos barrera) o de la misma especie (surcos guarda) interceptan polen en campos de producción de semilla. Sin embargo, estos métodos no son suficientes para obtener aislamiento absoluto (Ellstrand & Hoffman 1990; Rogers & Parkes 1995).

Si el producto del cultivo no son frutos ni semillas, se pueden utilizar algunas modificaciones genéticas para aislarlo reproductivamente de malezas relacionadas. Se pueden introducir genotipos con esterilidad masculina o ligar genes letales en el polen del transgene de interés. Así mismo, se pueden emplear otro tipo de modificaciones

genéticas para aumentar otras formas de aislamiento reproductivo; por ejemplo, linajes seleccionados por aumento de niveles de autogamia o disminución de la producción de polen. Alternativamente, se pueden seleccionar cultivares que tengan reducida la compatibilidad con sus parientes silvestres (Ellstrand & Hoffman 1990; Rogers & Parkes 1995).

Los microbiólogos han explorado vías de contención de células transformadas que han escapado hacia ambientes naturales. Por ejemplo, vectores suicidas que se activan cuando la bacteria alterada ingresa a un ambiente nuevo. Sistemas de contención similares pueden ser desarrollados para plantas. El evento que desencadene la muerte del hospedero puede ser elegido como parte integral del ambiente de la maleza, pero no de la especie cultivada (Ellstrand & Hoffman 1990).

Estas últimas estrategias se desarrollaron en los años recientes y se aplicaron a los cultivos transgénicos, pero fueron rechazadas por algunas ONG ambientalistas que las caracterizan peyorativamente como "Terminator". Incluso algunas corporaciones transnacionales, como Monsanto, anunciaron que no aplicarían esta tecnología en sus productos. La principal razón aducida por los ambientalistas es la posibilidad de escape de los genes suicidas hacia especies cultivadas y la subsecuente esterilización masiva de las plantas cultivadas (Rafi 1998). Sin embargo, dado que la estrategia molecular de contención es bastante efectiva, no se entiende cómo puede escapar este carácter de las plantas modificadas precisamente para impedirlo. Otras razones citadas para oponerse a la contención molecular de transgenes pueden ser válidas. Con estas tecnologías, afirman sus opositores, aumenta el control de las multinacionales sobre la agricultura. Si se producen materiales mejorados



cuya semilla es estéril, los productores agrícolas se ven obligados a comprar nueva semilla, y se termina la práctica milenaria de guardar parte de la producción para semilla, particularmente de las economías campesinas.

Modelando el riesgo

Se ha propuesto un modelo para entender la probabilidad de invasión de ecosistemas por parte de OGM o sus híbridos: introducción de especies exóticas y sus efectos ambientales. Estudios de invasiones biológicas y estudios del establecimiento de controladores biológicos demuestran que la probabilidad de que un organismo genéticamente nuevo se establezca por sí mismo es pequeña, impredecible y, en algunos casos, podría tener severos efectos ecológicos (Williamson 1992).

Como las liberaciones de OGM se están realizando en gran escala, la probabilidad de establecimiento de estos organismos se incrementa. Para identificar problemas, se ensaya en pequeña escala, de manera que los OGM se pueden remover, si es necesario. Este es uno de los problemas que enfrentan tanto funcionarios reguladores como potenciales usuarios de la tecnología, la cuantificación de pequeños riesgos y la predicción, a escala, de los efectos de las liberaciones comerciales sobre la base de la información obtenida en pequeñas parcelas. No obstante, cuando los resultados de pequeñas pruebas se presentan como evidencias de que los OGM no poseen riesgo ecológico significativo en ninguna etapa del cultivo, hay razones para sospechar que las evidencias pueden ser inadecuadas. El mayor riesgo asociado a la producción comercial, el escape de transgenes que regulan el éxito evolutivo vía polen, propáguolos o semillas, no se corre en pruebas en pequeña escala. Una respuesta ecológica y evolutiva a nuevos caracteres transgénicos tiene más probabilidad de ocurrir cuando se siembran con OGM cientos de miles de hectáreas año tras año (Snow & Morán 1997).

Para evaluar el riesgo, el Advisory Committee on Release to the Environment (ACRE) en Inglaterra, determinó responder a preguntas acerca del gene y el organismo donador: naturaleza del organismo donador (patogénico o no), qué proteína codifica, cuántas copias fueron insertadas dentro del genoma vegetal, nivel y estabilidad de la expresión, efecto del gene sobre el cultivo receptor, toxicidad, alergenicidad, efectos ambientales y efectos sobre la vida silvestre. También se plantean preguntas acerca de la especie receptora: compatibilidad con especies silvestres, probabilidad de transferencia de transgene por el polen, transporte del polen y fertilización

cruzada, sobrevivencia del polen, sobrevivencia de semillas y partes vegetativas en el ambiente, persistencia y capacidad de invasión del cultivo (Dale 1993).

Elementos importantes para modelar el riesgo lo constituyen los métodos para monitoreamiento de la dispersión y persistencia de los transgenes. Rogers y Parkes (1995) propusieron algunas estrategias para enfrentar este problema. A partir de las poblaciones híbridas o poblaciones naturales de OGM, se identifican las plantas que contengan el carácter transgénico *in situ*, se determina la proporción de transgénicas dentro de la población y, a partir de ellas, se realizan estudios ecológicos, se sigue la transferencia del transgene a través de las generaciones y se estudia la estabilidad de la expresión, así como su expansión en las poblaciones. Las mismas plantas identificadas inicialmente como transgénicas pueden servir como fuente de muestras de tejidos o de semillas sobre las cuales se pueden hacer estudios de identificación más detallados. Estos estudios pueden ser de tipo no destructivo, como análisis por PCR o ensayos enzimáticos, o de tipo destructivo, como aplicación de herbicidas. De esta manera se pueden caracterizar los híbridos en condiciones de laboratorio.

Existen métodos para identificar OGM los cuales dependen del gene introducido. Además, ofrecen información relevante para la caracterización molecular de híbridos transgénicos o introgresiones transgénicas en poblaciones naturales. Androesterilidad, alteraciones en la coloración de la flor, tolerancia a herbicidas o resistencia a antibióticos se reconocen por la expresión del gene directamente en el fenotipo e informan acerca de la presencia y la estabilidad del fenotipo transformado. Actividad de enzimas codificadas por genes reporteros como GUS y CAT son observables por ensayos enzimáticos y también informan acerca de la presencia y la estabilidad del fenotipo transformado. Técnicas como Northern blots o RT-PCR detectan los transcriptos RNA del transgene e informan acerca de su expresión. Los PCR y el Southern blots detectan la presencia física del transgene e incluso informan el número de copias insertas en el genoma vegetal. Se necesita mejorar métodos automáticos simples y confiables para procesar gran número de muestras, basados en la PCR, por ejemplo, o que permitan procesar muestras en grandes volúmenes (Rogers & Parkes 1995).

CONCLUSIÓN

Los OGM vegetales no se diferencian esencialmente de las plantas de las que se derivaron ni de los productos del

mejoramiento convencional. La posibilidad de que se transfieran genes introducidos desde los cultivos de OGM hacia poblaciones silvestres va a depender fundamentalmente de la biología reproductiva de la especie cultivada y de la existencia de parientes silvestres relacionados en las cercanías. híbridos transgénicos van a estar presentes en la naturaleza dentro de pocos años, como resultado del uso de OGM en la agricultura. La existencia de estos híbridos no constituye un riesgo ambiental *per se*. El riesgo estará en función de la biología del cultivo, la especie silvestre relacionada y las características del transgene, principalmente si tiene efectos sobre el valor adaptativo y sobre la capacidad de invasión. Por ello, el análisis de riesgos ambientales en este contexto debe realizarse caso por caso. Existen métodos para controlar la dispersión del transgene, basados tanto en la experiencia del mejoramiento convencional como en las técnicas moleculares. Es necesario desarrollar modelos que permitan predecir el comportamiento de poblaciones naturales de OGM y de híbridos transgénicos o poblaciones silvestres productos de la introgresión del transgene. Se han desarrollado metodologías que ayudan a este modelamiento, basadas en el monitoreamiento de poblaciones involucradas en la liberación de OGM.

BIBLIOGRAFÍA

- Chaparro, A.; Caro, M.; Acosta, O. y Peñaranda, J. 1995. Plantas transgénicas de tabaco resistentes al herbicida fosfotricina. *Revista Comalfi* (32) 2: 20-32.
- Crawley, M. J.; Hails, R.S.; Rees, M.; Kohn, D. y Buxton, J. 1993. Ecology of transgenic oilseed rape in natural habitats. *Nature* 363: 620-623.
- Dale, P.J.; Irwin, J.A. y Scheffler. 1993. The experimental and commercial release of transgenic crop plants. *Plant breeding* 111: 1-22.
- Dale, P.J. 1993. The release of transgenic plants into agriculture. *Journal of agricultural science* 120: 1-5.
- Dale, P.J. & Irwin, J. A. 1995. The release of transgenic plants from containment, and the move towards their widespread use in agriculture. *Euphytica* 85: 425-431.
- Ellstrand N. C. & Hoffman, C.A. 1990. Hybridization as an avenue of escape for engineered genes. *BioScience* (40) 6: 438-442.
- Eventhous, A. & Zadocks, J.C. 1991. Possible hazards to wild plants of growing transgenic plants. A contribution to risk analysis. *Euphytica* 55: 81-84.
- Fischer, A.; Pabón, H. 1995. Desarrollo de resistencia a herbicidas en poblaciones de malezas. *Revista Comalfi* (32) 2: 7-19.
- Kareiva, P.; Morris, W.; Jacobi, M. 1994. Studying and managing the risk of cross-fertilization between transgenic crops and wild relatives. *Molecular Ecology*, 3: 15-21.
- Kerlan, M.C.; Chèvre, A.M.; Eber, F.; Branger, A.; Renard, M. 1992. Risk assessment of crossing of transgenic rapeseed to related species: I. Interspecific hybrid production under optimal conditions with emphasis on pollination and fertilization. *Euphytica* 62: 145-153.
- Lefol, E.; Fleury, A.; Darmency, H. 1996. Gene dispersal from transgenic crops II: Hybridization between oilseed rape and the wild hoary mustard. *Sex Plant Reproduction* 9: 189-196.
- Miller, H.I.; Huttner, S.L.; Beachy, R. 1993. Risk assessment experiments for "Genetically Modified" plants. *Bio/technology* 11: 1323-1324.
- Paul, E.M.; Capiou, K.; Jacobs, M.; Dunwell, J.M. 1995. A study of gene dispersal via pollen in *Nicotiana tabacum* using introduced genetic markers. *Journal of Applied Ecology*, 32: 875-882.
- Rafi (The Rural Advancement Foundation International). 1998. Traitor Technology: The Terminator's Wider Implications. Documento obtenido de la Internet.
- Raybould, A.F. & Gray, A.J. 1994. Will hybrids of genetically modified crops invade natural communities? *TREE* (9)3: 85-89
- Regal, P.J. 1994. Scientific principles for ecologically based risk assessment of transgenic organism. *Molecular Ecology*, 3: 5-13
- Rogers, H. J. & Parkes H.C. 1995. Transgenic plants and the environment. *Journal of Experimental Botany* 46 (286): 467-488.
- Snow, A.A. & Morán Palma P. 1997. Commercialization of transgenic plants: Potential ecological risks *BioScience* (47)2: 86-96
- Williamson, M. 1992. Environmental risks from the release of genetically modified organism (GMOs)- the need for molecular ecology. *Molecular Ecology*, 1: 3-8.