



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA
DE MÉXICO**

FACULTAD DE CIENCIAS

**EL DOGMA CENTRAL DE LA BIOLOGÍA
MOLECULAR Y EL CONCEPTO DE GEN:
¿PARADIGMAS EN CRISIS? ARGUMENTOS
CIENTÍFICO-FILOSÓFICOS CONTRA LA
PRODUCCIÓN DE CULTIVOS TRANSGÉNICOS**

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

B I Ó L O G A

P R E S E N T A:

ADRIANA PATRICIA LÓPEZ OLIVER



**DIRECTOR DE TESIS:
DR. JULIO MUÑOZ RUBIO
2017**

**CIUDAD UNIVERSITARIA, CIUDAD DE
MÉXICO.**



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

1. Datos del alumno

López

Oliver

Adriana Patricia

56759616

Universidad Nacional Autónoma de México

Facultad de Ciencias

Biología

304217117

2. Datos del tutor

Dr.

Julio

Muñoz

Rubio

3. Datos del sinodal 1

Dra.

María Elena

Álvarez-Buylla

Roces

4. Datos del sinodal 2

Dr.

Edgar Octavio

Valadez

Blanco

5. Datos del sinodal 3

Dr.

Humberto

Laguna

Galindo

6. Datos del sinodal 4

M. en C.

María Alicia

Villela

González

7. Datos del trabajo escrito.

El Dogma Central de la Biología Molecular y el concepto de gen: ¿paradigmas en crisis?

Argumentos científico-filosóficos contra la producción de cultivos transgénicos

131 pp.

2017

“La ciencia está en crisis no sólo porque no ha logrado contribuir como se esperaba al bienestar de la especie humana, sino porque en su versión dominante o convencional hoy se ha vuelto incompetente para comprender la complejidad del mundo contemporáneo.”

Víctor Toledo

AGRADECIMIENTOS

Al Dr. Julio Muñoz Rubio, por su disposición, agudeza y paciencia, por guiarme críticamente durante el proceso de construcción de este trabajo, por demostrarme en todo momento su compromiso con esta tesis y por la confianza depositada en mí.

Al Dr. Humberto Laguna Galindo, por aceptar ser parte del sínodo, por su amabilidad y disponibilidad y por sus acertados y enriquecedores comentarios que contribuyeron con la mejora del presente trabajo.

Al Dr. Edgar Octavio Valadez Blanco, por su disponibilidad para formar parte del sínodo, por su objetividad, su crítica certera y su estimulante compromiso con una ciencia crítica y revolucionaria.

A la Mae. María Alicia Villela González, por su disposición para formar parte del sínodo, por sus correcciones puntuales y por el interés manifestado en esta tesis.

A la Dra. María Elena Álvarez-Buylla Roces, por aceptar ser parte del sínodo y por su apoyo.

Al Dr. Guillermo Folguera, por leer esta tesis y plantearme cuestiones que no había considerado y que me permitieron tener un enfoque más amplio sobre el tema.

A todos los integrantes del taller “Teoría de la Evolución, Ideología y Reduccionismo: Un enfoque dialéctico”, por su colaboración en la construcción de este trabajo, por sus valiosas opiniones y por su compromiso y entrega con la ciencia y la sociedad.

DEDICATORIAS

A mi mamá, la persona más generosa que conozco, te amo y admiro por tu inteligencia, agudeza, integridad, coraje, bondad, fuerza y valentía. Agradezco que me hayas educado con paciencia y amor, tu apoyo constante y que me contagiaras tu pasión por el cine y la lectura.

A mi papá, la persona más responsable e íntegra que conozco, agradezco tu innegable compromiso con mi educación, tus ilimitadas demostraciones de amor hacia nuestra familia, tu derroche de atenciones, el aceptar, cuidar y aprender a querer a mis gatitas y el inculcarme la curiosidad y el gusto por el vino.

A Gerardo Morales Carreón, mi compañero de aventuras, mi persona favorita, con quien me encanta y nunca me aburro de estar. Te agradezco tus múltiples manifestaciones de amor, tu esfuerzo y dedicación en nuestra relación, el enseñarme nueva música, el vivir y compartir conmigo momentos maravillosos que no saldrán de mi memoria y por apoyarme siempre y nunca dejar de creer en mí.

A mi hermana Mariana, por mostrarme desde pequeña la belleza del aprendizaje. Admiro tu pasión con las cosas que te obsesionan, tu inteligencia desmedida y la seguridad y fuerza con la que enfrentas la vida. Pareces de la casa Martell: nunca doblegada, nunca rota .

A Caro y Lu, mis otras hermanas, que nunca dejan de asombrarme y llenarme de orgullo, mis confidentes de toda la vida. Con ustedes he compartido las risas más largas y las historias más graciosas. Gracias por su apoyo, tiempo, confianza y consejos. Sin ustedes mi infancia no hubiera sido ni la mitad de divertida. Admiro su fuerza, entereza e inteligencia. Las adoro.

A Coni, mi otra mamá, que me cuidó, me llenó de atenciones y me demostró que con trabajo, esfuerzo y dedicación se alcanzan las metas sin importar los obstáculos. Gracias por tanto cariño y por contarme historias cuando era pequeña y no podía dormir.

A mi tío Juan y mi tía Guille, siempre me han apoyado y han estado incondicionalmente conmigo y mi familia en los momentos más difíciles, en los más alegres y en los más importantes. No conozco a nadie más solidario que ustedes.

A Irma, Ángeles, Ricardo, David Oliver y Guadalupe Flores por su cariño, calidez y amabilidad.

A Jimena, Valentina, Octavio y Diana Fernanda Oliver, con quienes me encanta estar y bromear.

A Ricardo y Mariana Escamilla, que siempre me hacen reír con su ingenio desmedido e hilarante.

A Luisa y Sara Urrutia, por su apoyo y afecto.

A Luis Antonio Tristán López, mi talentoso, perspicaz e incondicional amigo, me llenas de orgullo y satisfacción. Te agradezco las charlas interminables, tus opiniones certeras y consejos sabios, el proyecto musical, tus excelentes recomendaciones y las críticas de cine que me compartes. Es un honor poder considerarme tu amiga.

A Rosa María Aranda González, Eduardo Guerra y Demian Sánchez, pues sin importar el tiempo y

la distancia seguimos manteniendo una gran amistad. Rosa, gracias por tus palabras que siempre me alientan. Eduardo, te agradezco la confianza y el apoyo. Demian, mis pláticas contigo siempre son enriquecedoras y estimulantes. Los quiero y los admiro.

A todas las personas que integran el taller *“Teoría de la Evolución, Ideología y Reduccionismo: Un enfoque dialéctico”*. Carlo, Diego y Lev, sus clases me hicieron cambiar mi visión de la ciencia y empezar a cuestionar su hegemonía. Julio, sin ti esta tesis no existiría, agradezco tu dedicación y ser el guía de este trabajo. A Ivonne y Alonso, por sus consejos y comentarios. A las primeras amigas que hice: Alethia, Rosa y Ximena. Y con quienes posteriormente construí una amistad: Alí, Anayansi, Cristina, Daphne, Diana, Karla, Nicteé, Tania. Ustedes son de las personas más valientes, audaces y revolucionarias que conozco.

Y a quienes creen que un mundo mejor es posible.

Quiero finalizar reiterando mi profundo amor, agradecimiento y reconocimiento a mis padres pues este trabajo, como cada logro mío, es obra suya.

Índice de contenido

AGRADECIMIENTOS	4
DEDICATORIAS.....	5
INTRODUCCIÓN	9
Objetivos.....	10
Hipótesis	10
Metodología.....	11
Estructura del trabajo.....	12

CAPÍTULO 1.

El modelo de Kuhn para explicar el desarrollo de la ciencia y su posible aplicación a la biología molecular para analizar la situación actual del DCBM	14
1.1 El desarrollo de la ciencia según T. S. Kuhn.....	14
1.2 Los límites del modelo kuhniano.....	18
1.3 Las revoluciones científicas de la información hereditaria	21
1.4 La enunciación del Dogma Central de la Biología Molecular	32
1.5 El DCBM como paradigma de la biología molecular y sus repercusiones en la comunidad científica	35
1.6 La biología molecular como ciencia normal, el DCBM como su paradigma.....	37
1.7 Anomalías del Dogma Central de la Biología Molecular	41

CAPÍTULO 2.

El gen: un paradigma irracional.....	46
2.1 Breve historia del gen.....	46
2.2 El gen, un concepto con múltiples definiciones.....	49
2.3 Modelos históricos del gen.....	53
2.4 El gen molecular: muchos problemas, insatisfactorias soluciones	55
2.5 Anomalías del concepto de gen molecular.....	57
2.5.1 Anomalías filosóficas.....	57
2.5.2 Anomalías moleculares	60
2.5.3 Anomalías epigenéticas.....	64
2.6 Propuestas de la comunidad científica ante la multiplicidad de conceptos y otras anomalías del gen.....	66
2.7 ¿El concepto de gen en crisis?	70
2.7.1 El modelo de Fogle como posible explicación de la crisis estructural del concepto de gen molecular	70
2.8 La importancia de los elementos irracionales de un paradigma	73

CAPÍTULO 3.

Los cultivos transgénicos: productos de teorías decadentes y análisis simplistas.....	75
3.1 El organismo como sistema abierto y complejo.....	75
3.2 Agricultura y selección artificial	78
3.3 La revolución verde	78
3.4 De la “green revolution” a la “gene revolution”: los cultivos transgénicos.....	80
3.5 La ingeniería genética, un híbrido entre ciencia y tecnología.....	81
3.6 Manipulando la naturaleza: métodos de transformación genética en plantas	83
3.6.1 Métodos indirectos.....	84
3.6.1.1 Sistema Agrobacterium	84
3.6.1.2 Vectores virales	85
3.6.2 Métodos directos.....	85
3.6.2.1 Liposomas	86
3.6.2.2 Biobalística	86
3.6.2.3 Electroporación	87
3.6.2.4 Transferencia mediada por compuestos químicos	87
3.6.2.5 Fibras de carburo de silicón	88
3.6.2.6 Microinyección	88
3.7 Las obsoletas bases teóricas de las técnicas moleculares	88
3.8 Cultivos transgénicos en el mundo.....	95
3.9 Empresas y semillas transgénicas	100
3.10 La importancia de los elementos irracionales en agrobiotecnología: acciones empresariales en torno a los cultivos transgénicos	103
3.11 Riesgos, resultados y consecuencias de la siembra de cultivos transgénicos	106
3.12 El debate sobre los cultivos transgénicos	108
Conclusiones	112
Bibliografía	119

El Dogma Central de la Biología Molecular y el concepto de gen: ¿paradigmas en crisis? Argumentos científico-filosóficos contra la producción de cultivos transgénicos

Introducción

La ingeniería genética surge de la biología molecular y toma como base el Dogma Central de la Biología Molecular (DCBM, Crick, 1970). Según los biólogos moleculares, lo que hace posible la transferencia de DNA de un organismo a otro es la universalidad del código genético, por lo que siempre se producirán las mismas secuencias que a su vez darán las mismas proteínas.

El DCBM ha sido refutado varias veces, se ha demostrado que existen casos en los que esa unidireccionalidad que plantea se invalida (Koonin, 2012) y cuando se analiza desde el enfoque de sistemas, redes complejas y procesos dinámicos esta supuesta linealidad se torna insostenible (Dávila-Valderrain y Álvarez-Buylla, 2015). Además, los cambios del DNA en las siguientes generaciones son impredecibles y la importancia de esta molécula es equiparable al de la “maquinaria” que la ayuda a replicarse (Bogdanov, 2011). De la misma manera el gen, concepto que le da sustento al DCBM, ha sido cuestionado respecto a su capacidad explicativa y predictiva. (El-Hani, 2007)

Este problema me lleva a realizar un análisis del DCBM y del concepto de gen utilizando el modelo de Thomas S. Kuhn, expuesto en *La estructura de las revoluciones científicas* (Kuhn, 1971). Aunque originalmente Kuhn toma como ejemplo para su modelo a la física y su historia, esta tesis analizará la pertinencia de aplicar la propuesta de revoluciones kuhnianas en el creciente debate sobre los cultivos transgénicos, y las respuestas que puede brindar este tipo de estudio en la discusión actual.

En este trabajo se pretende hacer una revisión general de las controversias en relación a lo económico, ético, ecológico y social sobre los cultivos transgénicos y de la ingeniería genética - rama de la biología molecular que los fabrica-. La opinión de la comunidad científica se encuentra dividida, y por varios años ha existido un debate que hasta la fecha continúa abierto.

Independientemente de esto, en varios países del mundo, entre ellos México, estos cultivos ya son permitidos (James, 2014).

En este trabajo se analizará principalmente el Dogma Central de la Biología Molecular y el concepto de gen debido a que son la base para la creación de los Organismos Genéticamente Modificados (OGMs), con esto se pretende responder hasta qué punto la ingeniería genética se sostiene sobre una base falsa y si su capacidad predictiva se pierde al invalidar el DCBM, así como manifestar la polémica que genera el concepto de gen.

Objetivos

Analizar hasta qué punto se puede utilizar el modelo de T. S. Kuhn (1962) para los casos del concepto ortodoxo de gen y para el DCBM y si podríamos afirmar que ambos pueden considerarse paradigmas de la biología molecular. Si así fuera, identificar en qué punto se encuentran dentro del modelo kuhniano, ¿se podría decir que hay una crisis o las refutaciones que se les presentan son simples anomalías? Una vez examinados se plantearán cuestiones acerca de la capacidad de ambos para continuar siendo la base de la biología molecular.

Con base en una revisión bibliográfica de autores que se encuentran a favor y aquellos que están en contra de los cultivos transgénicos, analizar la idea conceptual que se tiene en la ingeniería genética y en la biotecnología sobre el gen y hasta qué punto es falsa. Por otra parte, hacer énfasis en la existencia de pruebas que indican consecuencias dañinas e irreversibles que ocasionan los cultivos transgénicos en diversos aspectos de la vida.

Hipótesis

Independientemente de las limitaciones que tiene el modelo kuhniano, resulta útil en la comprensión y análisis del desarrollo de la biología molecular. Es pertinente afirmar que el DCBM y el gen son sus paradigmas principales. En ambos encontramos anomalías que los sitúan en un estado de crisis desde el punto de vista epistemológico o racional, lo que hace que los cultivos transgénicos sean creaciones científicas cuya validez y grado predictibilidad sean inciertos. En la práctica y en lo social, sin embargo, continúan como paradigmas de la biología molecular, pues no ha ocurrido una gran fragmentación o debilitamiento de las comunidades y se mantiene una producción científica con base en ellos.

Metodología

Se estudiará a detalle la obra de Thomas S. Kuhn antes mencionada y junto con ésta se analizará a los autores que cuestionan la validez del DCBM y del gen (Koonin, Fogle, Álvarez-Buylla, El-Hani, Fox Keller), con el fin de declarar si es correcto considerarlos paradigmas de la biología molecular y de sus ramas científicas.

La metodología implica una revisión documental y bibliográfica para recopilar la historia, desarrollo y alcances que ha tenido la biología molecular haciendo énfasis en la biotecnología y la ingeniería genética. El DCBM y el concepto de gen serán analizados críticamente. En particular se considerará el grado de certidumbre y la capacidad predictiva que los partidarios de las distintas posiciones les otorgan.

Se examinarán algunas discusiones históricas en torno a estos conceptos: quienes consideran que estas bases moleculares se han vuelto obsoletas y sus argumentos; así mismo se estudiará a quienes las defienden y argumentan que aún son bases fundamentales con suficiente capacidad explicativa para responder y revelar procesos tan complejos como la transmisión de la herencia.

De la misma manera se hará una breve historia de los cultivos transgénicos, la cual se enfocará en la teoría, argumentos y pruebas que utilizan tanto los científicos que declaran que estos cultivos son seguros y que brindan múltiples beneficios, como los que se oponen a estas creaciones científicas. Se mostrará la visión reduccionista que aplica la biotecnología al momento de fabricarlos.

Con base en un análisis y revisión bibliográfica de autores que se encuentran a favor (Bolívar Zapata, Covarrubias, Herrera-Estrella, James, López-Munguía, Solleiro-Rebolledo) y aquellos que están en contra de los cultivos transgénicos (Álvarez-Buylla, Chapela, Leff, Levins y Lewontin, Olivé Morett, Ribeiro, Seralini, Toledo) señalar que no se tienen pruebas que indiquen que este tipo de alimentos no causan daños en la salud humana, animal, ni en el medio ambiente. Y por otra parte, hacer énfasis en la existencia de pruebas que indican las repercusiones de utilizarlos.

Finalmente y en función de lo anterior, se analizará la pertinencia de considerar (y hasta dónde) al modelo de Kuhn en el debate sobre los cultivos transgénicos.

Estructura del trabajo

La presente tesis será dividida en tres capítulos:

Capítulo I: El modelo de Kuhn para explicar el desarrollo de la ciencia y su posible aplicación a la biología molecular para analizar la situación actual del DCBM.

Se analizará si la tesis de Kuhn es apta para explicar el desarrollo histórico de la genética y la biología molecular como ciencias maduras. Se enfatizará el papel que tiene el DCBM en ella y cómo éste impide la creación de nuevas teorías hereditarias. También se cuestionará su vigencia y su grado de predictibilidad y se discutirá si dicho grado es suficiente para aprobar los argumentos científicos a favor de la creación, desarrollo, estabilidad e inocuidad de los cultivos transgénicos.

Capítulo II: El gen, un paradigma irracional.

Este capítulo incluye los distintos conceptos que existen de manera paralela y que intentan explicar el concepto de gen, pues lejos de tener una idea precisa y delimitada sobre dicho concepto, los científicos definen este término sin que exista un acuerdo. Es en este punto donde se retoman los paradigmas de Kuhn para intentar explicar la situación en la que se encuentra el gen y cómo afectan a la creación y producción de alimentos transgénicos, pues son precisamente los genes quienes juegan un papel protagonista en estas nuevas tecnologías.

Capítulo III: Cultivos transgénicos: problemática, riesgos e intereses.

Este apartado explica de manera concreta y precisa el proceso mediante el cual se realiza una planta transgénica, con esto se pretende señalar el grado de certidumbre que se le otorga al DCBM y el poder que se le concede al concepto de gen. Se pondrá de manifiesto que actualmente no se cuenta con los conocimientos necesarios para consumir este invento biotecnológico. Se analizarán los fines por los cuales se ha aprobado el cultivo de transgénicos, los problemas que se pretenden remediar y si son la única o la mejor solución.

Se discutirán los argumentos que se presentan a favor y en contra de estas creaciones biotecnológicas y se analizarán ambos puntos de vista con el fin de mostrar la totalidad de la situación. Con lo anterior se concluirá si los riesgos y el grado de incertidumbre que se tienen son razones suficientes para impedir que se siga experimentando y comercializando con estos inventos

tecnocientíficos. También se mostrará la manera en que las principales empresas productoras de dichos organismos lucran con ellos y cómo afectan o benefician a los agricultores. Este capítulo también se estudiará desde el enfoque Kuhniano. Finalmente, con toda la información recabada y analizada se llevarán a cabo las conclusiones del trabajo.

Capítulo 1. El modelo de Kuhn para explicar el desarrollo de la ciencia y su posible aplicación a la biología molecular para analizar la situación actual del DCBM

1.1 El desarrollo de la ciencia según T. S. Kuhn

En este primer capítulo se desarrolla el modelo de dinámica científica propuesto por Thomas Kuhn (Kuhn, 1971) con el objetivo de explicar y entender la forma de trabajo de las comunidades científicas y las reacciones que experimentan ante una nueva propuesta explícita, descubrimiento o un nuevo modelo que modifica y pretende mejorar la base sobre la que sostienen sus investigaciones. Una vez explicado este modelo, se analizan sus limitaciones y se discute si su aplicación es adecuada para comprender el desarrollo científico de la biología molecular, haciendo hincapié en la biotecnología y la ingeniería genética. Se presenta al Dogma Central de la Biología Molecular (DCBM) como la base o paradigma sobre el que descansan las ramas de la biología molecular, encargadas de la creación de organismos genéticamente modificados (OGMs). Se examinará si la experimentación realizada por las disciplinas anteriormente mencionadas se sostiene sobre una base que, de acuerdo con Kuhn, actualmente se encuentra en crisis, y hasta qué punto el grado de predictibilidad de este paradigma se invalida.

Para la presente investigación se ha elegido a Thomas Kuhn debido a que es uno de los filósofos de la ciencia más leído y estudiado, por ello considero importante estudiar lo que este autor dice sobre el desarrollo científico y analizar lo que su legado le aporta o le podría aportar a la biología. Además, considero de gran valor que su modelo involucre factores sociológicos, históricos y filosóficos para explicar el funcionamiento y desarrollo de la ciencia.

Asimismo, sus investigaciones se derivan de la historia de la ciencia, describe logros científicos que se han llevado a cabo sin necesidad de seguir o sugerir alguna propuesta predeterminada de método científico o preceptos metodológicos, atribuye una gran importancia al carácter revolucionario del progreso científico, involucra factores irracionales¹ en el desarrollo del mismo, otorga a las comunidades científicas un lugar de primer orden para comprender a la ciencia, defiende que los criterios epistémicos en la ciencia (normas y valores), y en cada una de sus disciplinas no son estáticos, absolutos ni permanentes sino que se transforman conforme se

¹ Que en lugar de irracionales son otras racionalidades, pero de esto hablaré más adelante.

desarrolla la ciencia pues dependen de los contextos donde cada comunidad científica desarrolla sus prácticas.

En pocas palabras Kuhn propone lo siguiente: primero, un campo de estudio madura y estructura un paradigma; es decir, se acuñan un conjunto de conceptos, teorías y métodos con los que una mayoría relevante de miembros de la comunidad científica están de acuerdo, es entonces cuando este campo de estudio se convierte en una ciencia madura y se dedicará a hacer lo que Kuhn denomina “ciencia normal”, ésta realiza investigaciones tomando como base esos antiguos logros científicos que ahora se han convertido en el fundamento de su práctica. Estos logros, a los que Kuhn denomina “paradigmas” (*Ibid.*, p. 71) en cierto modo carecen de precedentes, tienen la capacidad de atraer a un importante grupo de seguidores, deben predominar frente a sus competidores pero no tienen por qué explicar todos los problemas a los que se enfrentan, ya que deben ser lo bastante abiertos para permitir a los científicos resolver un sinnúmero de problemas. Todas estas características hacen que un paradigma sea universalmente aceptado.

En su obra *La Estructura de las Revoluciones Científicas*, Kuhn utiliza el término “paradigma” de distintas maneras. Algunas hace alusión a todas las creencias, valores, técnicas y modelos compartidos por los miembros de una comunidad científica; otras, su uso es más particular, pues denota un sólo elemento de esa comunidad (*Ibid.*, p. 302). Por ejemplo, las soluciones que se le han dado a ciertos problemas científicos resultarán útiles como modelos hasta que finalmente sean tomadas como base, es decir, acaban por sustituir reglas explícitas y posteriormente se adoptan como leyes o teorías.

Elegir un paradigma es también elegir un criterio para seleccionar problemas que, se piensa, la ciencia normal es capaz de resolver, mientras que otros serán rechazados al no ser considerados como asuntos propios de la ciencia o por parecer demasiado problemáticos (*Ibid.*, p. 108).

Margaret Masterman (1970) asevera que Kuhn utiliza el término “paradigma” en veintidós sentidos distintos. En esta tesis se entenderá por paradigma un logro científico, un modelo teórico, cuyo descubrimiento sirvió a la ciencia para madurar y a su comunidad científica para avanzar en su trabajo y desarrollo, para solucionar cuestiones que antes no podía, y para plantearse y delimitar nuevos problemas.

El trabajo de la ciencia normal consiste en resolver problemas que se encuentran determinados por su paradigma y comprobar que sus resultados encajen con las predicciones. De esta manera, el paradigma se va definiendo y articulando, volviéndose cada vez más preciso (*Ibíd.*, pp. 88-91).

Con el tiempo, un paradigma inicial cambiará hasta convertirse en uno nuevo, al periodo que toma esta transformación es a lo que Kuhn llama revolución científica² (*Ibíd.*, p. 184). Estas modificaciones se dan al comparar los resultados del trabajo teórico y el empírico, pues al confrontar los hechos con la teoría habitualmente se obtiene nueva información, lo que también articula al paradigma y lo vuelve más exacto (*Ibíd.*, p. 103).

Kuhn postula que entre los objetivos de los científicos no existe ninguno que implique la creación de teorías nuevas, es por eso que cuando un miembro de una comunidad científica la propone, sus colegas generalmente se comportan de una manera intolerante (*Ibíd.*, p. 90), esta es una de las razones por las que afirma que la ciencia normal es muy rígida y las comunidades científicas muy cerradas (*Ibíd.*, p. 125). Pero es justamente el crear, inventar o pensar una solución nueva, el salir del método empleado por la ciencia normal lo que hace que inicie una revolución y la ciencia progrese.

Antes de que comience la revolución científica, el paradigma empieza a ser atacado al tomar conciencia de que existen anomalías en él, es decir, empieza a perder la capacidad predictiva con la que antes contaba, por lo tanto, los hechos dejan de encajar con la teoría. Posteriormente será sometido a cambios y se dispondrá a explorar el área donde se encuentra la anomalía. Finalmente se ajusta la teoría paradigmática de tal forma que lo anómalo se vuelva algo esperado (*Ibíd.*, p. 130).

Cuando no se logra adaptar a las anomalías con el paradigma - etapa conocida como "crisis"- inicia el surgimiento de nuevas teorías y se empiezan a desarrollar alternativas. Para que esto ocurra, Kuhn plantea que tiene que existir una profunda inseguridad profesional (*Ibíd.*, p. 152) pues estas modificaciones demandan cambios radicales tanto en el paradigma como en sus problemas, métodos y herramientas. Se debe destacar que no siempre una anomalía lleva a una

² Si se quiere buscar una explicación más amplia de los distintos grados de revoluciones kuhnianas se recomienda la lectura de la primera parte del libro de K. Brad Wray *Kuhn's Evolutionary Social Epistemology*.

crisis, a veces solo sirve para cuestionar la veracidad de las generalizaciones del paradigma (*Ibíd.*, p. 171).

En este texto se entenderá por crisis a la etapa en que los marcos teóricos, problemas y soluciones que los científicos le otorgan al paradigma dejan de ser considerados “universalmente aceptadas”, la polémica en torno a él emerge y hay opiniones encontradas entre miembros de la misma comunidad, los resultados dejan de corresponder con las predicciones y no se puede ajustar al paradigma con ellos.

Las crisis pueden finalizar de tres maneras posibles: 1) la comunidad científica demuestra tener la capacidad de manejar el problema y el paradigma se mantiene, 2) se llega a la conclusión de que no se cuenta con lo necesario para hallar la solución y se deja para generaciones futuras o 3) se plantea un nuevo candidato a paradigma y empieza una lucha por su aceptación (*Ibíd.*, pp. 175-176).

Generalmente, serán los nuevos profesionales o quienes tienen poco tiempo de haberse integrado a la comunidad y se han enfocado en los problemas que han llevado a la crisis quienes sugerirán un nuevo mecanismo para explicar a la naturaleza, es decir, un nuevo paradigma. Esto ocurre debido a que este tipo de investigadores no está tan apegado a las reglas impuestas por el ahora viejo paradigma, lo que indica que entre los objetivos principales de la existente formación científica no se encuentra el engendrar a profesionistas que tengan la capacidad de encontrar fácilmente un nuevo enfoque que explique los problemas a los que se enfrentan (*Ibíd.*, pp. 258-259).

Cuando una comunidad científica decide rechazar su paradigma, invariablemente ha elegido otro, la ciencia normal no funciona sin uno. Los candidatos son comparados entre sí y se acepta al que explique mejor el fenómeno y mediante el cual se piense que es posible llegar a obtener respuestas que el otro modelo explicativo es incapaz de brindar (*Ibíd.*, p. 166).

Al cambiar de paradigma se lleva a cabo una reconstrucción del campo, es altamente probable que se modifiquen los métodos usados, las aplicaciones en las que se ocupa, las formas para resolver problemas y la visión y los objetivos de ese campo (*Ibíd.*, p. 176). La ciencia se redefine a pesar de que permanece la mayor parte del vocabulario y del esquema del antiguo paradigma (*Ibíd.*, p. 265).

Durante la ciencia normal los métodos, las aplicaciones, las leyes y las teorías paradigmáticas limitan la investigación científica y determinan un marco fenomenológico de investigación (*Ibid.*, p. 141). Por este motivo, cuando se acepta desplazar a una vieja teoría por una nueva, se rescatan las soluciones de la teoría anterior que funcionen con la que la sustituirá; pero al mismo tiempo estas soluciones se acotan a circunstancias particulares. En términos generales, estas soluciones dejan de funcionar, pero en circunstancias muy especiales, pueden brindar resultados que contribuyan con el progreso de la ciencia (*Ibid.*, pp. 197-198).

De acuerdo con la tesis de Kuhn, cuando se lleva a cabo el enfrentamiento de dos teorías rivales, las escuelas que las representan no llegan a un acuerdo sobre cuál debe ser la base de su campo de estudio, son las nuevas generaciones las que permiten que una nueva teoría desplace a la antigua (*Ibid.*, p. 264).

El modelo de Kuhn es muy extenso y abarca diversas cuestiones involucradas en el quehacer científico, algunas que parecían ajenas a la propia ciencia pero no lo son, como los elementos irracionales y los intereses sociales. Por otro lado, existen críticas razonables que involucran factores que escapan al modelo kuhniano, las cuales presentaré a continuación.

1.2 Los límites del modelo kuhniano³

Desde que la obra de Kuhn fue publicada por primera vez (1962), se le han hecho numerosas críticas. En este trabajo no pretendo mencionar las relacionadas a la supuesta originalidad de la publicación, sólo las concernientes al desarrollo científico: los límites y puntos que Kuhn marcó en las etapas por las que atraviesa la ciencia durante su desarrollo.

La primera y posiblemente la más importante, es la referida a un solo paradigma como única respuesta para explicar un fenómeno. Popper (1965) considera impreciso afirmar que los periodos normales de la ciencia están bajo el imperio de una sola teoría dominante. Podemos tomar como ejemplo la evolución de las especies: la selección natural es uno de los paradigmas de la evolución; sin embargo, no es la única que la explica, existen otros mecanismos como la deriva génica y la epigénesis. Por lo que plantear un paradigma como la única o la principal base que rige a la ciencia normal resulta un punto de vista limitado. Considerando que se ha demostrado que

³ La obra de Kuhn ha sido ampliamente criticado desde su publicación. Aquí sólo me enfocaré en los límites que considero están más relacionadas con este trabajo. Lecturas recomendables que critican a Kuhn más a fondo son: Fuller, 2003, Rowbottom, 2011; 2013.

una misma reacción o producto pueden tener distintos orígenes, parece más acertado suponer la existencia de paradigmas simultáneos.

Kuhn en *La Estructura de las Revoluciones Científicas* se basó en la ciencia de los siglos XVI al XVIII, aunque también hizo referencias a la ciencia del siglo XIX. En ese momento, la mayoría del trabajo científico se orientaba en el campo de la física y un poco en el de la química, quizá por estas razones se cuestione la validez del modelo kuhniano aplicado en la biología. Sin embargo, esta última ciencia se ha ido desarrollando de tal manera que en la actualidad se considera que la mayoría del trabajo científico está enfocado en ésta, en especial en la biotecnología, tanto por los fondos que se dedican a ella como por sus repercusiones sociales y ambientales (Olivé, 2012).

Hablar de biología es hablar de sistemas complejos, otro punto que Kuhn no consideraba en su modelo. Las teorías y campos científicos con los que realizó su investigación están basadas en modelos simples, modelos de la física; mientras que la biología abarca problemas distintos y la manera en que se intentan analizar y solucionar también es diferente, por lo que algunos podrían pensar que el modelo de Kuhn no es útil para comprender a las ciencias biológicas.

Uno de los objetivos de esta tesis es analizar hasta qué punto la propuesta de Kuhn resulta conveniente para explicar el desarrollo científico de la biología molecular, así que esta discusión se desarrolla en ese periodo de expansión molecular.

La biotecnología y la ingeniería genética entran en el campo de la denominada “tecnociencia”, surgida en el siglo XX (*Ibid*, p.132). Se piensa que estos sistemas también se salen del modelo kuhniano al presentar problemas y características distintas a los científicos y por su enorme capacidad de intervenir y transformar el entorno⁴. Un ejemplo de estos sistemas tecnocientíficos son los OGMs.

Según León Olivé, la tecnociencia se refiere a los sistemas de generación de conocimiento y de intervención en la realidad que paulatinamente han desplazado en importancia social y económica a los sistemas científicos y tecnológicos surgidos, de la revolución científica del siglo XVII y la industrial del XVIII. Son sistemas constituidos por complejos de saberes, prácticas e instituciones en los que colaboran conjuntamente equipos de científicos, tecnólogos, gestores y

⁴ Aunque considero que no es justo criticar a Kuhn por no considerar ramas que aún no existían cuando publicó su obra.

administradores que requieren financiamientos, donde hay intereses epistémicos económicos, políticos y militares. Ejemplos paradigmáticos de tecnociencia son la biotecnología y la investigación genómica (*Ibíd.*, pp. 131-136).

En la actualidad, científicos que trabajan en el mismo campo pueden defender puntos de vista diametralmente opuestos independientemente de que pertenecen a una misma comunidad científica y comparten los mismos valores -epistémicos, metodológicos y probablemente éticos-, así como supuestos metafísicos y concepciones sobre su propia disciplina, no defienden la misma postura. Un ejemplo claro de esto lo tenemos con Seralini (2012, 2014) y Álvarez-Buylla (2013) por un lado, y con Herrera Estrella (2004) y Bolívar Zapata (2007) por el otro; aunque el campo de investigación de los cuatro es la biología molecular, los primeros están en contra del uso de los cultivos transgénicos y dedican su trabajo a brindar razones, desde el punto de vista molecular, para anular su siembra. Los segundos expresan abiertamente su apoyo a los transgénicos y una buena parte de su trabajo la ocupan en tratar de demostrar la supuesta inocuidad de los cultivos transgénicos y los beneficios que, según ellos, traerían. Esto también se escapa del modelo kuhniano, pues según Kuhn, los miembros de una misma comunidad científica tenderán a pensar de la misma manera su paradigma (Kuhn, *op. cit.*, p. 272). Por lo que se esperaría que los cuatro defendieran las bases teóricas de los transgénicos.

La presencia de la tecnociencia, los recursos que recibe y sus efectos sociales y ambientales, no han eliminado a la ciencia que podemos llamar tradicional y que surgió con la revolución científica, tampoco a sus comunidades científicas, ni a sus paradigmas; por lo que el legado de Kuhn sigue siendo valioso para comprender y analizar a la ciencia.

En cuanto a la tecnociencia, considero que si abstraemos la parte científica de este gran sistema, es decir, a la comunidad científica, sus métodos, teorías, forma de trabajo y elementos irracionales, nos damos cuenta que se desarrolla de la misma manera que el resto de la ciencia actual no considerada parte del sistema tecnocientífico. Por lo tanto, es posible analizarla desde el punto de vista kuhniano.

Con base en esta idea se analizará en este trabajo el desarrollo de la biología molecular desde un enfoque histórico, así como sus bases teóricas con el fin de concluir si es posible y pertinente estudiarla desde la tesis de Kuhn, y en caso de serlo, detectar cuales son los paradigmas de este campo científico. La ingeniería genética y la biotecnología, dedicadas entre

otras cosas a la producción de OGMs, aunque son consideradas parte de un sistema tecnocientífico, surgen de la biología molecular, por lo que compartirían los mismos paradigmas que ésta.

1.3 Las revoluciones científicas de la información hereditaria.

Es necesario iniciar esta parte del capítulo señalando que la transmisión hereditaria involucra diversos factores. En esta parte me enfocaré en el descubrimiento del DNA y del DCBM, conceptos que hasta la fecha siguen siendo presentados -por algunos científicos- como los responsables únicos de la transmisión de la herencia. Se narrará brevemente la historia del nacimiento de la biología molecular y del descubrimiento de la información hereditaria haciendo notar los puntos claves que Kuhn describe en su modelo de dinámica científica: se podrá observar el progreso de una comunidad científica al ir articulando su paradigma, el rechazo que muestran ante nuevas propuestas, cómo éstas surgen de personas relativamente nuevas en el campo de estudio -por lo que no están tan familiarizadas con el paradigma base- y cómo se convierten en importantes contribuciones para la ciencia, ya sea para confirmar y apoyar el paradigma o para encontrar anomalías. También se plasma la etapa de crisis que atraviesa una comunidad científica cuando su paradigma ya no se sostiene y la revolución que conlleva la búsqueda de alternativas para remplazarlo.

La biología molecular nació:

“de un entrecruzamiento complicado de ideas y de investigaciones extremadamente diversas (y a veces incluso contradictorias).” (Thuillier, 1998).

Y se atribuye su nacimiento al trabajo conjunto de la física y la biología. Mullins (1972) divide esta historia en tres periodos:

1. Romántico: comienza en 1935 con Delbrück.
2. Dogmático: dominado por Watson y Crick y el DCBM.
3. Académico: donde se piensa que los conocimientos sobre los mecanismos moleculares son suficientes y serán la base de los problemas pendientes.

Este autor también utiliza el análisis epistemológico de Kuhn para trazar la historia de la biología molecular, sugiere que el esquema kuhniano debe ser tomado con precaución. Aun así, plasma las etapas del pensamiento teórico en relación con la organización social de los investigadores. Como es lógico, al inicio la especialidad no existe y por eso es necesaria una cooperación para hacer madurar las nuevas ideas. También propone cuatro fases correspondientes a las características intelectuales y sociales particulares, que son las siguientes:

1. El grupo del paradigma, que va de 1935 a 1945, es el “periodo romántico”. La figura central es el físico Max Delbrück, uno de los principales científicos del grupo del fago.
2. La red de comunicaciones, comprende de 1945 a 1953, según Delbrück, el problema clave era el llegar a conocer cómo la materia viva se encarga de “registrar y perpetuar su existencia”. En el plano social, se crean iniciativas que tendrán consecuencias importantes, la principal es que la nueva disciplina (biología molecular) es reconocida e institucionalizada.
3. La tercera es la “dogmática” y abarca los años de 1954 a 1962. Una conciencia común es definida. Después del trabajo de Watson y Crick sobre la doble hélice se formula el DCBM. Hasta 1962, los grupos de trabajo sirvieron para confirmar y precisar este dogma. La posición de la biología molecular se hace más sólida. Mullins critica que el grupo fago a veces se comportaba como una comunidad religiosa, lo que sugiere que la ciencia no está exenta de fanatismos. Los miembros de este grupo generalmente sólo trabajaban en él una corta temporada con lo que Mullins concluye que los progresos se hicieron por contribuciones concretas y no gracias a una acumulación de investigadores que trabajaron durante largo tiempo en el grupo, que era muy fluido y notablemente activo.
4. La especialización, se da durante el periodo académico. Se puede decir que la biología molecular se logra institucionalizar a partir de 1962, y se convierte en una especialidad reconocida.

Interpretando con cuidado a Mullins, se puede afirmar que él logra poner en evidencia los aspectos variados de la génesis de un paradigma. Toma como personaje principal a Delbrück porque considera que él logra exponer los problemas en términos nuevos.

En este trabajo me propongo ir más allá de lo propuesto por Mullins. Pretendo hacer un recorrido histórico desde la teoría celular de Schleiden (1838) hasta el logro de Watson y Crick (1953), es decir, desde la pre-ciencia hasta que ocurre una revolución y se establece un nuevo paradigma, no sin antes existir una resistencia por parte de la comunidad científica ante la nueva propuesta que impone una redefinición del campo de estudio; en este caso, en la biología molecular. Al conocer la historia del nacimiento de la biología molecular, y los avances y colaboraciones que se realizaron para poder entender la molécula de DNA, podemos notar claramente como toda la comunidad tuvo que pasar por lo que Kuhn ha denominado una “revolución científica”.

El desarrollo del modelo de la doble hélice de la molécula del DNA fue uno de los avances científicos más importantes del siglo XX. Gracias a éste se han realizado estudios en biología molecular que antes se consideraban fuera del alcance científico. Sin embargo, el aceptar a esta molécula como supuesto transmisor absoluto de la información hereditaria fue un proceso que llevó tiempo, tuvieron que pasar generaciones de investigadores para que fuera aceptado.

La teoría celular que propuso el botánico Schleiden, y que un año después Schwann la extendería hacia los animales, es indispensable para entender la unidad de la materia de los seres vivos. Esta teoría permitió eliminar las dudas existentes acerca de la composición y crecimiento de los organismos y, junto con la teoría de la evolución, fija las bases para explicar las causas de la diversidad biológica (Guevara-Pardo, 2004).

En los años de 1860's, la pangénesis era la teoría que explicaba la transmisión hereditaria. En esta época (1856 a 1863) Mendel realizó experimentos de reproducción con *Pisum sativum*, la planta de los guisantes (Mendel, 1865). Utilizó la estadística para proporcionar cierta firmeza a su trabajo, -la combinación de matemáticas con botánica resultó ser una novedad en ese tiempo- (Guevara Pardo, *op. cit.*). Como conclusiones obtuvo que cada uno de los caracteres analizados está determinado por distintos tipos de factores independientes entre sí. Estos resultados los expuso ante la Sociedad para el Estudio de las Ciencias Naturales de Brünn y su trabajo fue publicado en Proceedings de Brünn en 1866. La comunidad científica de ese entonces ignoró por

completo el descubrimiento de Mendel. Este suceso probablemente se debió a que, como se mencionó anteriormente, en ese entonces la pangénesis era la teoría que explicaba los mecanismos de la herencia y se desconocían los cromosomas y los mecanismos de división celular, por lo cual se puede afirmar que para los científicos de entonces no existía suficiente evidencia científica que validara la propuesta de Mendel; además de que su trabajo contó con muy poca difusión (Claros, 2003).

En el año de la muerte de Mendel (1884) se identifican el núcleo y los cromosomas, y en 1905 se describen los cromosomas sexuales y la segregación de los cromosomas en el proceso de mitosis, que se adapta perfectamente a la propuesta de Mendel. Pero es hasta principios del siglo XX cuando Hugo De Vries, Carl Correns y Erich Tschermak von Seysenegg redescubren los resultados de manera independiente (Claros, *op. cit.*). Tuvieron que pasar más de cincuenta años y avances en el campo de la citología (como el descubrimiento de los cromosomas) para que la comunidad pudiera entender lo que significaban los resultados de Mendel. Al contar con nuevos conocimientos, los científicos asociaron los “factores mendelianos” con los cromosomas. La comunidad tenía evidencias que la pangénesis no podía explicar, el paradigma entraba en una crisis y posteriormente a una revolución. Como Kuhn describe, el paso del tiempo y generaciones llevó a la comunidad a aceptar la caída del paradigma que antes gobernaba. Con los conocimientos que poseemos actualmente, la teoría de la pangénesis resulta absurda.

En 1906, William Bateson propone que la nascente rama de la biología reciba el nombre de “genética” y se encargue de investigar la variación y la herencia; en 1909, tienen origen los términos genes, gametos y genotipo (Guevara-Pardo, *op. cit.*). Esto podría describirse como el momento en que un campo de estudio ha conseguido los requisitos que se necesitan para que sea considerado una ciencia madura o una nueva rama bien consolidada de una ciencia ya existente.

Entre 1878 y 1879, Walter Flemming desarrolla nuevas técnicas de tinción y con estos nuevos métodos fue posible realizar una descripción sobre la replicación de los cromosomas (Claros, *op. cit.*). Posteriormente, Weismann asoció de manera teórica la herencia y los cromosomas (Weismann, 1889), pero esta idea se confirmó hasta que Thomas Morgan demostró que los genes se encuentran en los cromosomas (Morgan, 1910). En 1915 se establecieron las bases fundamentales de la herencia fenotípica y con ello se inició la teoría cromosómica de la herencia independientemente del desconocimiento de su naturaleza química. En esta época las

investigaciones comenzaron a dirigirse al estudio de las mutaciones, la bioquímica implicada en la transmisión de caracteres y las bases moleculares de la herencia. Fue en este mismo contexto cuando Hermann Muller (1927) demuestra que la radiación X induce mutaciones en los genes.

En 1888, Kossel demuestra que la nucleína contiene proteínas y cinco sustancias básicas ricas en nitrógeno, (se descubren las bases nitrogenadas) y se presentan pruebas de un glúcido con cinco átomos de carbono. Su discípulo, Levene, demuestra que los ácidos nucleicos estaban compuestos de ácido fosfórico, una pentosa y las bases nitrogenadas (Levene, 1909). Después propone un modelo sobre la conformación de los ácidos nucleicos: el tetranucleótido plano, cuya hipótesis proponía que los ácidos nucleicos se forman por planos apilados que constan de cuatro pentosas unidas a las bases nitrogenadas (Levene y London, 1928).

A principios del siglo XX, diversas comunidades científicas enfocan su trabajo en explicar a nivel molecular la base o la unidad fundamental de la herencia. Con las contribuciones de Levene se dedujo que los ácidos nucleicos eran moléculas muy monótonas, casi invariables; por lo tanto no se creía posible que fueran capaces de transmitir la información hereditaria, así que se decidió estudiar a las proteínas como posibles portadoras de ésta. Debido al prestigio y lo poco cuestionado que era Levene, el modelo del tetranucleótido plano fue un impedimento para desarrollar nuevas teorías sobre estas moléculas, lo que probablemente influyó en la respuesta negativa de la comunidad científica ante la propuesta de Watson y Crick sobre la estructura de la molécula de DNA (Claros, *op. cit.*).

En 1929, con la idea paradigmática de que los genes contienen la información hereditaria, la comunidad científica se propone comprender su bioquímica. El conocimiento avanza de una manera abrumadora: se reconocen los dos tipos de ácidos nucleicos (DNA y RNA), también se propone que los cromosomas contienen DNA y proteínas. Con este último hallazgo la hipótesis que planteaba que la información genética se encuentra en las proteínas adquiere fuerza, y cuando se prueba que desde el núcleo se dirige la producción de enzimas, al DNA le asignan la función de mantener unidas a las proteínas en el núcleo. Los estudios que se hacían para explicar a la herencia estaban enfocados en la teoría proteínica y no existían anomalías contundentes para rechazarla (Guevara-Pardo, *op. cit.*). En este momento de la historia, es evidente que el paradigma que dirige a la comunidad sugiere que la información hereditaria se encuentra en las proteínas, la

información recaudada lo favorecía; las investigaciones y las respuestas surgidas con base en esta teoría pertenecen al periodo que Kuhn denomina ciencia normal.

En el desarrollo de la biología molecular Niels Bohr desempeñó un papel de suma importancia. Fue el primero en declarar que algunos fenómenos biológicos pudieran resultar no totalmente explicables en términos de física convencional. Afirmaba que el reconocimiento de la importancia esencial de las características atómicas en las funciones de los organismos vivos no es suficiente para comprender todo un fenómeno biológico, también creía que hacían falta algunos conocimientos fundamentales en el análisis de los fenómenos naturales para alcanzar un entendimiento de la vida con las bases de la física y declaraba que las condiciones necesarias para las investigaciones en el campo de la biología y en el campo de la física no eran comparables porque en la biología es necesario mantener el objeto de investigación vivo y eso impone una restricción. Con estas ideas, la comunidad científica empieza a darse cuenta que los procesos biológicos son mucho más complejos de lo que se pensaba (Stent, 1968).

El físico y estudiante de Bohr, Max Delbrück, puso de manifiesto que en genética las explicaciones físicas y químicas son insuficientes. En una conferencia que brindó en 1949 explicó que una

“diferencia fundamental entre la física y la biología es que la primera tiene por objetivo la búsqueda de leyes universales mientras que la segunda no puede aspirar a tal cosa, debido a que una célula está impregnada de millones de años de evolución, representa más un evento histórico que uno físico.” (Ibíd., p. 392).

Delbrück también pensaba que la bioquímica no era muy útil para entender la complejidad de la biología. En 1935 publica un artículo sobre la mutación y estructura del gen junto con dos biólogos (Luria y Hershey) -el trabajo multidisciplinario no era común en esa época-. Estos tres científicos crean el “grupo del fago”, llamado así porque su objetivo era entender cómo se reproduce el bacteriófago en la célula bacteriana; a este grupo se fueron sumando otros científicos con el paso de los años. Se dedicaron a estudiar las mutaciones genéticas, la estructura de los genes y los ciclos vitales de los fagos. Entre los hallazgos más notables está que las bacterias, al igual que los organismos superiores, mutan genéticamente de manera espontánea y son seleccionadas de acuerdo a lo propuesto por Darwin (Luria y Delbrück, 1943). Con estos resultados, el grupo fago resuelve problemas no aclarados por la genética clásica. Cabe mencionar

que este grupo no tenía una existencia oficial ni todos los miembros tenían la misma orientación metodológica (Thuillier, 1998). Delbrück, que era ajeno a este campo de estudio, brindó aportes importantísimos al tener un nuevo enfoque de la célula. Como Kuhn señala, los miembros nuevos de una comunidad científica son generalmente los que contribuyen con logros importantes para el campo de estudio que practican.

En 1945 se publica el libro de Schrödinger *¿Qué es la vida?*, el autor proclama el inicio de una nueva época en la investigación biológica a sus colegas físicos (cuyos conocimientos sobre biología estaban confinados a la botánica y a la zoología). Muchos autores consideran este libro la clave para que los físicos dirigieran sus esfuerzos hacia la biología y formaran parte de la consolidación de la biología molecular. (Stent, *op. cit.*).

Schrödinger sostiene que aunque los organismos son muy grandes comparados con los átomos, no existe una razón por la cual ellos no obedezcan las mismas leyes físicas. Para él, los problemas que existen y requieren de explicación son las bases físicas de la genética, ya que los genes son los responsables del orden que un organismo manifiesta. Se pregunta cómo resisten las fluctuaciones a las cuales deben estar sujetos y cómo el gen ha logrado preservar su estructura específica y su contenido informacional por siglos. Él propone que lo consiguen porque los cromosomas llevan un cristal aperiódico que se compone a su vez de una serie de elementos isoméricos, y la naturaleza exacta de esa sucesión representa el código genético. Concluye que, aunque la materia viviente no eluda las leyes de la física, es posible que involucre otras aún desconocidas (Schrödinger, 2008).

En 1941, George Beadle y Edward Tatum encontraron evidencias de una correlación existente entre los genes y las enzimas mediante el estudio de rutas metabólicas implicadas en las síntesis de aminoácidos, su postulado fue "*un gen, una enzima*" (Beadle y Tatum, 1941). En 1943, el médico Oswald Avery propone por vez primera que es el DNA la molécula que transmite la información hereditaria. Él estudiaba la neumonía y su metodología consistió en descartar lo que se demostrara que no estaba implicado en la transmisión genética y posteriormente trabajar con lo que se probara que sí estaba involucrado. Concluyó que el factor relacionado en la reproducción no era de carácter proteínico (Avery, *et al.*, 1944). Ante tal evidencia, Avery tomó conciencia de que la teoría proteínica se encontraba con una gran anomalía. Al hacer públicos sus resultados, la comunidad reacciona de manera negativa, sus colegas argumentaban que el DNA tiene una

diversidad muy limitada para podersele atribuir el mecanismo de la herencia (Suárez y Barahona, 1992), probablemente también influyó el hecho de que Avery no perteneciera a la nueva comunidad de biólogos moleculares ni al grupo fago; además, se demostró que existieron problemas en el experimento durante la purificación del DNA: había evidencias que sugerían que las muestras se contaminaron mientras se realizaba el ensayo (Barahona, 2004, p. 15). El rechazo a esta nueva propuesta representa un claro ejemplo sobre cómo los científicos se aferran a un paradigma dominante e impiden el desarrollo de una propuesta alternativa, reafirmando la tesis de Kuhn.

Es hasta 1950 que el modelo del tetranucleótido plano empieza a ponerse en duda, cuando Erwin Chargaff descubre las leyes de complementariedad de los ácidos nucleicos y resultan muy distintas a lo que se pensaba, pues la complementariedad y composición variable eran difícilmente explicables con el modelo propuesto por Levene (Chargaff, 1950). La prueba definitiva contra su teoría fue el estudio de Alexander Todd, quien demostró que los enlaces fosfodiéster del DNA, propuestos por Watson y Crick, eran perfectamente normales. Gracias a los descubrimientos anteriormente mencionados, la biología molecular y su visión reduccionista como medio para resolver los problemas biológicos tienen un fuerte impacto en la comunidad científica. También se desarrolló una “vertiente estructuralista” que consistió en conocer la estructura atómica de las macromoléculas (Claros, *op. cit.*).

En 1952, Hershey y Chase realizaron un experimento con el cual se demostró que el DNA es la molécula portadora de la información genética. Utilizaron un bacteriófago cuyos componentes moleculares eran mayoritariamente el DNA condensado rodeado por una cubierta proteínica. Al marcar con isótopos radioactivos tanto las proteínas como el DNA, se descubrió que es esta última molécula la que entra a la bacteria y reproduce al virus (Hershey y Chase, 1952). Estos resultados fueron tan contundentes que cuando fueron presentados, la comunidad científica aceptó desechar la teoría proteínica y plantearse nuevas interrogantes enfocadas a la molécula de DNA. Es decir, se reconstruye este campo de estudio, sus objetivos cambian de enfoque, sus métodos se modifican, se toma un nuevo camino en esta rama. Se podría decir que ocurrió una revolución científica: primero el paradigma (la teoría proteínica) fue atacado y algunos miembros de la comunidad tomaron conciencia de la existencia de una anomalía, mientras que otros se negaban a aceptar las investigaciones que lo evidenciaban hasta que pasaron varios años y las pruebas fueron tan abrumadoras que acabaron por aceptar reconstruir la base de sus estudios.

La biología molecular se apoyó en muchos físicos de la época y una consecuencia de este hecho fue el desarrollo de la cristalografía mediante difracción de rayos X sobre el material biológico. Algunos historiadores de la ciencia conocen al grupo de científicos que trabajaban con esta técnica como la “escuela estructuralista” (Stent, *op. cit.*). Entre ellos se encontraba Linus Pauling, quien en 1951 descubrió la estructura de la hélice α de las proteínas (Pauling, 1951).

Al mismo tiempo que el grupo del fago trabajaba en sus proyectos, la escuela estructuralista trabajó altamente influenciada por la cristalografía, que se descubre en 1912 por Bragg. Para esta escuela, la función fisiológica de la célula podía ser entendida solamente en términos de la configuración tridimensional de sus elementos. Entre los primeros pupilos de Bragg estaban Astbury y Bernal quienes realizaron análisis estructurales de proteínas y ácidos nucleicos en la década de 1930 (Stent, *op. cit.*). Estos estudios sirvieron como precedente para el experimento donde Astbury concluyó que en la molécula de DNA las bases púricas y pirimídicas de los nucleótidos forman una pila densa perpendicular a la longitud del eje de la molécula (Astbury, 1947), siendo ésta una de las primeras ideas sobre la estructura molecular del DNA. Se piensa que, en contraste con el grupo del fago, esta escuela no tuvo estudios revolucionarios debido a que no valoraron correctamente los aportes de la física a la biología (no consideraban importante relacionar estas dos ciencias), casi no se interesaban en la genética y se dedicaban a determinar la configuración espacial de las moléculas biológicas, principalmente de las proteínas; en cuanto a investigar la función, se reservaban esos proyectos para el futuro. Entre sus logros estuvo el determinar la constitución de las cadenas cortas de aminoácidos en la década de los treinta del siglo XX (Stent, *op. cit.*).

El contrastar estas dos escuelas nos permite observar que entre los biólogos moleculares de esa época no existió unanimidad sobre la naturaleza de su disciplina. Se ha sugerido que la biología molecular nació del grupo fago y que su objetivo es la investigación de la información biológica; por otra parte hay quien sugiere que la biología molecular surge desde 1930, cuando Astbury trabajó con los ácidos nucleicos y declaró que esta disciplina

“se ocupa particularmente de las formas de las moléculas biológicas y de su evolución. Al mismo tiempo debe estudiar la génesis y la función” (Thuillier, *op. cit.*).

Sin embargo, para estas fechas se considera que la biología molecular aún no cuenta con teorías, métodos y un paradigma para ser considerada una ciencia madura.

En 1952, Luria y Weigle, en distintos laboratorios, postulan los sistemas de restricción a la infección viral, lo que posteriormente hará que se descubran las enzimas de restricción (Claros, *op. cit.*), y ese mismo año Joshua y Esther Lederberg demuestran que las mutaciones aparecen de forma azarosa e independiente de los procesos de selección (Lederberg, y Lederberg, 1952).

Entre 1950 y 1953 la mayor parte de la comunidad científica comenzó a aceptar que el material genético es el DNA y deciden dirigir sus experimentos al descubrimiento de su estructura molecular. Rosalind Franklin (química-física) estudió al DNA mediante difracción de rayos X y planteó que esta macromolécula podía encontrarse en dos formas helicoidales distintas con los fosfatos hacia el exterior (Franklin y Gosling, 1953). De manera simultánea, Pauling propone un modelo de triple hélice con los fosfatos hacia el interior y las bases hacia afuera, herencia del modelo del tetranucleótido plano (Pauling y Corey, 1953), este modelo era inviable pues la repulsión electrostática entre los grupos fosfato desestabilizaría la estructura. La clave fue proporcionada por James Watson (físico) y Francis Crick (zoólogo) al recopilar resultados dispersos que existían sobre ácidos nucleicos. Primero propusieron un modelo muy parecido al de Pauling, y posteriormente, gracias a las reglas de Chargaff y a la información que les brindaba Wilkins, lograron modelar la famosa doble hélice. Los resultados cristalográficos de Franklin y Wilkins apoyaban el modelo y posteriormente se llevaron a cabo otros estudios que también lo sustentaron (Claros, *op. cit.*).

En 1953, Watson y Crick publican un artículo donde describen a detalle la molécula de DNA. Su primera impresión es que esta molécula tiene características originales: está compuesta por dos cadenas helicoidales que se mantienen unidas por el apareamiento entre las bases nitrogenadas, lo cual "*sugiere un posible mecanismo de copia del material genético*" (Watson y Crick, 1953).

Watson y Crick trabajaron en este proyecto durante algunos años pero sus propuestas siempre fallaban cuando trataban de explicar los enlaces químicos. No obtuvieron resultados satisfactorios hasta que se auxiliaron de otras disciplinas (Suárez y Barahona, *op. cit.*). Fue esto último lo que hizo posible que logaran crear un modelo que permitiera explicar la constitución de la molécula de DNA. Ellos introdujeron por primera vez un razonamiento genético dentro de una determinación estructural, proponiendo que la estructura regular del DNA es capaz de acomodar los elementos informacionales de la secuencia de bases de nucleótidos a lo largo de las dos

cadena de polinucleótidos apareadas. Además, el descubrimiento de la estructura molecular del DNA abrió el camino al entendimiento funcional del material genético, y consecutivamente, llevó a postular el Dogma Central de la Biología Molecular.

No existió un gran interés por parte de los demás miembros de la comunidad, probablemente porque en ese momento muchos grupos de científicos trabajaban en ese tema y cada uno había publicado su propia propuesta sobre la estructura de la molécula de DNA. Hasta que en 1957 Meselson y Stahl demostraron mediante un experimento la replicación semiconservativa del DNA (Meselson y Stahl, 1958), la cual se desprende del modelo de Watson y Crick.

Se aceptó el modelo de la doble hélice y con éste se comenzó a investigar el establecimiento del código genético. En 1952, el bioquímico Alexander Dounce postuló que el primer paso en la transmisión de la información hereditaria es una copia del RNA, (primero debía haber una transferencia del núcleo al citoplasma), ya que los ribosomas están constituidos de RNA y proteínas (Dounce, 1952).

En los años cincuenta del siglo XX, el bioquímico Arthur Kornberg aisló y purificó la enzima DNA polimerasa (polimerasa 1) responsable de la duplicación del DNA, la cual confirmó el mecanismo de duplicación propuesto por Watson y Crick. Este estudio fue el pionero de muchos otros cuya finalidad era describir el papel de las enzimas que intervienen en el código genético; así fue como se fueron descubriendo y describiendo las enzimas de restricción. Actualmente se sabe que son ellas las que reconocen las secuencias de DNA y las cortan en pequeños fragmentos que varían de tamaño, los extremos que son generados pueden unirse o ligarse por enlaces covalentes utilizando otra enzima conocida como ligasa, lo que permite la reconstrucción de moléculas de DNA de formas variantes (Barahona, 2004, pp. 20-21). Estas enzimas son una pieza clave en los argumentos teóricos de los defensores de los transgénicos.

En 1955, Heinz Fraenkel-Conrat encontró que la infectividad de algunos virus se encontraba en el RNA que contienen, con lo que se demostró que no sólo el DNA puede ser el material genético transmisor de la herencia. Con estos nuevos conocimientos se comienza a conocer y a explorar la naturaleza molecular del gen y el papel de los genes en el crecimiento, desarrollo y fisiología de los organismos. A este periodo se le conoce como materialismo holístico o materialismo integral (Claros, *op. cit.*).

1.4 La enunciación del Dogma Central de la Biología Molecular

La comunidad científica de la biología molecular atravesó por un periodo de confusión en la década de 1950, hasta que se demostró que el DNA contenía al material genético. La estructura de esta molécula cumplía con el requisito funcional principal: la autorreplicación, cuando las dos cadenas de DNA se encuentran separadas son capaces de generar copias complementarias de ellas.

La posibilidad de que el DNA pudiera determinar la secuencia de proteínas fue propuesta por George Gamow en 1954, pero había un problema en su idea: el DNA era un componente de los cromosomas y estos se encuentran dentro del núcleo celular, mientras que era sabido que la síntesis de proteínas ocurría en el citoplasma de las células eucariotas. Además, el papel directo del DNA no explicaba la correlación entre la abundancia de RNAs en el citoplasma y el ritmo de la síntesis de proteínas. Retrospectivamente, la relación DNA-RNA-proteínas se considera la respuesta más simple al problema (Morange, 2009).

Hacía falta descubrir mecanismos cruciales. Si los ribosomas eran responsables de la síntesis de proteínas, la estabilidad química de su RNA se creía incompatible con los rápidos cambios en la síntesis de proteínas que parecían ocurrir en las células. Nada era sabido de la maquinaria enzimática que podía copiar DNA a RNA y que lo traduciría a proteínas. Se consideraba una posibilidad que el RNA fuera producto del DNA por medio de una modificación química directa (*Ibid.*, 237-238).

En 1957, Crick clarifica las relaciones entre el DNA, el RNA y las proteínas. Sugiere que la conformación final de una proteína es simplemente una función de su secuencia de aminoácido; es decir, que la secuencia de nucleótidos es la información que determina la secuencia de aminoácidos en las proteínas (Morange, 2004).

Con esta información Crick formula el “Dogma Central de la Biología Molecular” (DCBM), proponiendo por primera vez los mecanismos de expresión y transmisión de la información genética. Sugiere una tríada en la que el DNA, después de replicarse a sí mismo, es transcrito a RNA y éste, a su vez, será traducido a una proteína (Crick, 1958). Posteriormente publica otro artículo donde plantea cuatro puntos del dogma (Crick, 1970):

- 1) No dice ni propone nada sobre la “maquinaria de transferencia” de la que se conforma.

2) No declara nada sobre los mecanismos de control

3) Es aplicado solamente a los organismos del presente y no para los del pasado, es decir, no se asocia con el origen de la vida ni con el origen del código

4) El DCBM estipula que las transferencias de proteínas a ácidos nucleicos no existen (Crick, 1970).

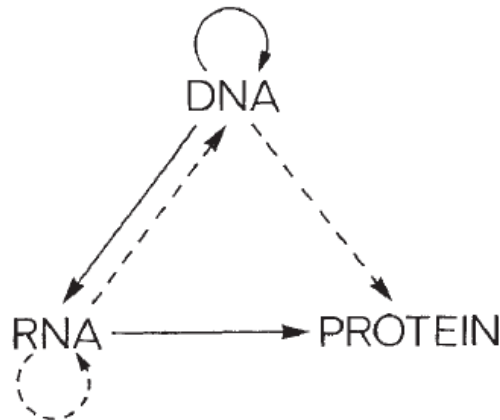


Figura 1. Tomada de Crick, 1970.

En este mismo artículo, Crick señala que las nueve transferencias que pueden o podrían ocurrir según el modelo de tríada deberían ser agrupadas en tres tipos de transferencias:

1. Generales - Aquellas que pueden ocurrir en todas las células, los casos son: DNA–DNA, DNA–RNA y RNA–proteína. Se muestran en la Figura 1 con flechas sólidas.

2. Especiales – No ocurren en la mayoría de las células, pero podrían llevarse a cabo en circunstancias especiales, las posibles candidatas son: RNA–RNA, RNA–DNA y DNA–proteína (flechas punteadas en la Figura 1).

3. Desconocidas - Son las que el DCBM postula que nunca ocurren: Proteína–proteína, proteína–DNA y proteína–RNA (la ausencia de flechas en la Figura 1).

Los primeros dos casos se demostraron en bacteriófagos y hasta esa época no se contaba con evidencia que indicara que el tercer caso existiera. Sobre las transferencias especiales existe menos certeza, pero de ocurrir, podrían tener profundas implicaciones para la biología molecular

en caso que se demostrara que se encuentran ampliamente distribuidas, es decir, que no ocurrieran en todas las células pero sí en una cantidad considerable; sin embargo, no hay evidencia que sugiera que ocurren. Crick declara que el DCBM cuenta con una gran capacidad para realizar predicciones teóricas y acepta que es posible que la transferencia de RNA a DNA exista (*Ibid*, p. 562).

Finalmente, reconoce que faltan muchos estudios que otorguen el conocimiento necesario para poder reconocer lo que es dogmáticamente correcto, alega que si en un futuro se descubren cambios que de alguna manera contradigan lo establecido, -como una transferencia especial-, tales descubrimientos podrían ser acomodados sin esfuerzo -como hipótesis *ad hoc*-. Pero si se descubriera una célula que pudiera llevar a cabo cualquiera de las tres transferencias desconocidas, ésta sí causaría un profundo impacto en las bases intelectuales de la biología molecular (*Ibid*, p. 563). Para él, estas condiciones serían las únicas causas que podrían colocar al DCBM en un estado de crisis.

En la década de los años sesentas del siglo XX se realizan importantes aportaciones: la existencia de diferentes tipos de RNA, que una copia del RNAm es producida durante la transcripción dentro del núcleo siguiendo el código G-C y A-U, y que después esta copia se transfiere a los ribosomas donde ocurre la traducción, en la cual se sintetiza la cadena proteica de un aminoácido que será transportado por el RNAt (Watanabe, Robles y García, 2007).

S. Cohen y H. Boyer, ambos bioquímicos, demostraron en 1974 que las enzimas de restricción tienen la capacidad de reconocer el DNA cromosomal proveniente de cualquier organismo y romperlo en sitios específicos. Esto indica que existen sitios idénticos en el DNA de todos los organismos (Claros, *op. cit.*).

Hasta 1962, los grupos de trabajo se concentraron en confirmar y precisar el DCBM. A partir de esta fecha la biología molecular se institucionaliza y se vuelve una especialidad reconocida (Thuillier, *op. cit.*). Me parece evidente que con el DCBM se logran establecer las bases de esta rama científica. Analizando estos hechos desde el punto de vista kuhniano, puede afirmarse que la biología molecular se impone como ciencia madura al definir al DCBM como su paradigma y con éste logra delimitar su marco teórico. Hasta aquí me parece que la historia de la biología molecular se ajusta a la descripción que hace Kuhn respecto al modo en que funciona la ciencia y sus comunidades.

1.5 El DCBM como paradigma de la biología molecular y sus repercusiones en la comunidad científica

Mullins (1972) explica la génesis de este paradigma (el DCBM) tomando como personaje principal a Max Delbrück, debido a que lo considera un expositor de los problemas en términos nuevos. Fue él quien propuso una complementariedad entre la física y la biología al no creer que la bioquímica lograra explicar la función de los genes y la transmisión de la información. Además, Delbrück realizó varios aportes a la ciencia, fue el pionero de los trabajos interdisciplinarios que se realizaron en el grupo del fago, pudo estimular la creación de ideas nuevas y se podría decir que mantuvo un buen criterio (Thuillier, *op. cit.*).

Se debe reconocer que con los conocimientos que se tenían para inicios de los años cuarentas existían razones para atribuir a las proteínas un papel principal en la transmisión genética, aunque después nuevos descubrimientos revelaron que el DNA contenía la información hereditaria. Esto nos enseña que aunque la evidencia guíe hacia un determinado camino, se cuenta con la posibilidad que resulte erróneo después de investigaciones, experimentos y razonamientos más profundos, por lo que los científicos debemos estar conscientes que la ciencia es un método para conocer el mundo que se apoya en paradigmas y que involucra “ensayo y error”, donde constantemente se modifican las teorías y se cambia lo establecido debido a los conocimientos que se van adquiriendo. Tuvieron que pasar años y logros, no sólo en la biología sino en muchas otras disciplinas, para que los científicos fueran capaces de construir una teoría que explicara el proceso de transmisión de la información genética.

Alrededor del trabajo de Watson y Crick se moldearon otros cuyo objetivo era el mismo: Franklin y Wilkins, en 1951, habían reunido evidencia científica que indicaba que el DNA cuenta con un esqueleto conformado de azúcar y fosfato en su parte externa y de bases nitrogenadas en la interna, además de tener una conformación helicoidal. Independientemente de contar con las pruebas que indicaban esta conformación, se inclinaban hacia una antihelicoidal, y tenían problemas explicando la estructuración química. Linus Pauling también investigaba la estructura del DNA y, en 1953, publica un artículo donde detalla su investigación y expone su propuesta. Según él, la molécula se compone de tres hélices cuya estructura interna se forma de azúcar y grupos fosfato. Al leer este trabajo, los demás investigadores detectan fallas, pues ellos contaban con pruebas contundentes que sugerían que el DNA se compone de una doble hélice. La

estructura química propuesta era inviable pues de ser así, se crearía una repulsión electrostática entre los grupos fosfato que desestabilizaría la estructura de la molécula (Claros, *op. cit.*).

El éxito de Watson y Crick radica en la perspectiva general con la que enfrentaron el problema y en que se apoyaron en distintas disciplinas científicas para lograr explicar la molécula del DNA. Contaron con la asesoría de Donohue, especialista en enlaces de hidrógeno; las pruebas reunidas por Franklin, experta en cristalografía y los conocimientos de Chargaff, especializado en ácidos nucleicos. Lo anterior llevó a la construcción de algo novedoso a partir de diversas disciplinas cuyo resultado final, el todo, fue superior a la suma de sus partes (*Ibíd.*, p. 36).

Paulatinamente la importancia del DNA fue reconocida, pero se necesitó de tiempo y el paso de generaciones para abrirle espacio dentro de la comunidad científica, lograr su aceptación y llevar a cabo todas las modificaciones del campo que fueran requeridas. Finalmente en 1972 el DCBM queda suficientemente demostrado para el nivel de conocimientos de la época y de esta manera se asegura su difusión en el campo científico al que afecta (Thuillier, *op. cit.*). Este paradigma planteó un nuevo enfoque, una nueva metodología, nuevas hipótesis y la posibilidad de conocer diversos mecanismos celulares, tal como lo indica la tesis de Kuhn.

La biología molecular se origina gracias al trabajo conjunto de biólogos y físicos que analizaron a las moléculas orgánicas con el enfoque de la física cuántica, esta etapa -que se desarrolla a mediados del siglo XX- es denominada como la “fiscalización de la biología” (Barahona, *op. cit.*). Desde entonces el conocimiento del genoma y su manipulación ha aumentado de manera considerable.

La formación de esta rama ha sido un proceso complejo, al conocer su historia se comprueba que la ciencia es una actividad social y para lograr una comprensión absoluta de ella se debe estudiar la historia del discurso científico y de los cambios sociales, pues también están involucrados en los logros de la ciencia.

Al ser la ciencia una actividad humana social compleja se encuentra altamente involucrada en aspectos éticos, sociales, políticos y económicos. Es un mecanismo de producción de conocimientos respaldados por teorías que les dan sentido, cuenta con historicidad debido a que el cambio en el conocimiento es inevitable y evidente, su modificación es una norma, “*estabilidad y cambio son parte integral de la naturaleza de la ciencia*” (*Ibíd.*, p. 10).

Es evidente que la historia de la búsqueda de la información hereditaria se ajusta al modelo que propone Kuhn sobre el desarrollo científico. Los investigadores trabajan con una base teórica que antecede a la observación; en los periodos de ciencia normal, la comunidad científica resuelve problemas que ayudan a moldear su paradigma, trabaja hasta que se encuentra con anomalías que su base ya no puede explicar, los científicos entran en un momento de crisis, surge un paradigma rival y, algunas veces, empieza una revolución que acabará transformando el campo de investigación que le concierne.

El Dogma Central de la Biología Molecular, originado mediante un enfoque reduccionista, fue un paso esencial hacia la clarificación de las relaciones entre las tres macromoléculas informativas presentes en los organismos y fue una buena propuesta para imponer orden ante la abundancia de descubrimientos y resultados que estaban obteniendo los científicos de esa época.

1.6 La biología molecular como ciencia normal, el DCBM como su paradigma

A finales del siglo XIX y principios del XX, la ciencia analizó a los organismos con un enfoque mecanicista, un ejemplo de esto es la reducción de la célula a sus partes constitutivas. Mediante este método se han logrado explicar muchos procesos de fisiología celular (rutas metabólicas, localización intracelular de proteínas y orgánulos) y también se han realizado numerosos estudios de genética y bioquímica. A continuación mencionaré algunos logros científicos que se han obtenido tomando como base al DCBM y como se ha ido articulando este paradigma mientras la ciencia normal trabaja con él.

A partir de que el DCBM es aceptado por la comunidad científica, la biología molecular avanza rápidamente y se dan numerosos descubrimientos, uno de los más importantes ocurre en 1970, cuando Hamilton Smith describe las enzimas de restricción y, en 1972, Janet Mertz y Ron Davis demuestran que un fragmento de restricción puede ser insertado y ligado a otro DNA cortado por la misma enzima. El mismo año, Paul Berg construye la primera molécula de DNA recombinante o quimera entre DNA plasmídico de *E. coli* y DNA del fago λ . Un año después, Herbert Boyer y Stanley Cohen, de manera independiente, introducen en una bacteria un plásmido que contiene un gen recombinante. Con este evento se puede decir que nace la clonación (Claros, *op. cit.*).

En el DNA recombinante existe intercambio de DNA entre organismos o individuos de especies diferentes, dicho intercambio es dirigido (los genes son manipulados de manera preferencial, es decir, hay selección artificial). Las secuencias son escogidas deliberadamente para obtener un producto específico, la utilidad está dada por los intereses humanos.

La tecnología del DNA recombinante transformó la biología molecular, pasó de ser una ciencia descriptiva a una tecnología aplicada (tecnociencia). Este proceso requiere de las enzimas de restricción que, como se mencionó anteriormente, reconocen y cortan secuencias específicas de DNA que pueden ser anexadas a otra molécula, y según esta simple teoría, se obtiene un DNA híbrido o recombinante que contendrá los genes de interés humano y los del vector, generalmente un plásmido bacteriano. Esta molécula se puede introducir en una bacteria por el proceso de transformación y al dividirse, se producirán copias o clones del cromosoma de interés.

A esta metodología se le conoce como "*clonación molecular del DNA*", técnica que dio origen a otras y cuyo fin puede ser: introducir genes de otros organismos en plásmidos bacterianos, obtener secuencias precisas de genes o trozos de DNA y construir vectores moleculares. A partir de los años setentas del siglo XX varias técnicas que se desarrollaron lograron la producción de proteínas como la insulina, somatostatina, y alfa-interferón. (Barahona, *op. cit.*, pp. 23-24).

Temin y Mizutani demostraron en 1970 la existencia de un virus cuyo material genético es el RNA y durante todo su ciclo vital el DNA no está presente. Se dedicaron a recolectar pruebas que sugerían que algunos virus RNA eran capaces de sintetizar DNA usando RNA como plantilla, encontraron que la copia de RNA en DNA durante la infección de algunos virus se debía a una actividad catalítica que denominaron transcriptasa inversa o retrotranscriptasa (Temin y Mizutani, 1970).

En 1974 se celebra un congreso internacional en Asilomar, California, donde se reglamenta el uso de microorganismos modificados genéticamente y la tecnología del DNA recombinante (Claros, *op. cit.*). El siguiente año Köhler y Milstein fusionan células para producir anticuerpos monoclonales y proponen que estas células se pueden cultivar *in vitro* de forma masiva para obtener anticuerpos específicos (Köhler y Milstein, 1975).

Fred Sanger, quién secuenció por primera vez una proteína, perfecciona su sistema “más- menos” en 1977 y con esto, la secuenciación de DNA se convirtió en una técnica accesible a cualquier laboratorio. A partir de entonces, en este campo científico clonar genes no fue suficiente, también existían el interés y las posibilidades para secuenciarlos. En este mismo año Richard Roberts y Phillip Sharp postulan que en los eucariotas, a diferencia de los procariontes, los genes no son continuos (Claros, *op. cit.*).

A principios de la década de los ochentas, Martin Cline consigue el primer ratón transgénico. Al año siguiente, Stanley Prusiner descubre que los priones son partículas infecciosas que se encuentran compuestas sólo por proteínas. Al inicio, ningún científico creía que los priones no contuvieran ningún ácido nucleico y que al mismo tiempo tuvieran una capacidad infectiva, pero la evidencia fue tan abrumadora que terminaron por darle la razón (*Ibid.*, p. 177). Aquí es claro que el DCBM se empieza a enfrentar con anomalías cada vez más difíciles de ajustar.

La técnica de PCR es descrita por Kary Mullins en 1983, y un año después, sir Alec Jeffreys desarrolla las huellas genómicas digiriendo DNA con enzimas de restricción e hibridándolo con sondas radioactivas para caracterizar e identificar individuos. Un año después ya se usaban para investigaciones criminales. En 1984, Cantor y Schwartz desarrollan la electroforesis en campo pulsante para separar moléculas de DNA de alto peso molecular (Kisselev, 2000).

En cuanto a avances en métodos físicos, se crearon instrumentos capaces de realizar la elucidación tridimensional de la estructura de las proteínas y ácidos nucleicos. En la actualidad, ésta es una tarea rutinaria de cualquier laboratorio que pueda comprar estos equipos. Respecto a tecnologías bioquímicas, se crearon el sistema bi y trihíbrido para levaduras y bacterias que aseguran la precisión de interacciones entre biopolímeros (proteína-proteína y proteína-ácido nucleico) *in vivo* (*Ibid.*, p. 693).

El postular la estructura primaria de las proteínas y ácidos nucleicos era un problema relativamente resuelto, pero aún quedaba por conocer las funciones de los genes, aunque en los genomas secuenciados de nemátodos y de la mosca de la fruta ya eran conocidas las funciones de más de la mitad de ellos.

La última década es considerada la era de los “*knockouts*”, este proceso consiste en inactivar un gen cuya función se desconoce y así poder estudiar sus consecuencias. Aunque este

método es complicado en mamíferos, ha sido muy usado y la mayoría de las funciones de genes conocidas han sido reveladas usando esta técnica. Otro método llamado RNA de interferencia ha adquirido popularidad, su objetivo consiste en inhibir la expresión de un gen; es efectivo para identificar nuevos genes y conocer su función. Debido a este tipo de tecnología y a la secuenciación de una gran cantidad de genomas eucariotas y bacterianos, la genética se fue transformando a genómica (*Ibíd.*, p. 694).

En 1987 se inicia el proyecto genoma humano, donde James Watson está muy involucrado. Ya habían pasado 10 años desde la primera vez que se clonó un gen humano, pero fue hasta 1990 que este proyecto comienza formalmente. En 1995 se describieron muchas técnicas dedicadas al mapeo de genes. Los avances en la secuenciación y la PCR permitieron pasar de la secuenciación de genes a la secuenciación de genomas, lo que comenzó una nueva revolución tecnológica.

Otro proyecto fue el de los microchips de DNA, que inmovilizan fragmentos de ácidos nucleicos y con los que supuestamente se puede analizar desde una infección qué está produciéndose en un organismo hasta en qué momento del desarrollo y en qué tejido se expresa un gen, con esto, nace la genómica. Ian Wilmut consigue el primer organismo superior clonado en 1997, la oveja Dolly, que un año después daría a luz a Bonnie. Dolly murió en 2003 a causa de un envejecimiento prematuro. El primer cromosoma humano secuenciado se publicó en 1999 (el cromosoma 22) y en el 2000 se inició la era postgenómica (Claros, *op. cit.*).

El DCBM ha dado los resultados que como paradigma se esperaban -a pesar que desde sus inicios se empezaron a presentar anomalías-. Como se puede notar, la biología molecular como ciencia normal ha adquirido importantes conocimientos que se derivan de él y ésta, a su vez, ha articulado al paradigma y ha influido no sólo en el desarrollo de la comunidad científica, sino en la sociedad entera. A partir de este campo de investigación se han originado otros (biotecnología, ingeniería genética) que mantienen al DCBM como uno de sus paradigmas principales, cuyas aplicaciones, intereses y objetivos han conducido a una fusión entre la ciencia y la tecnología (tecnociencia).

Los avances científicos anteriormente mencionados nacen del trabajo de la ciencia normal mientras articula su paradigma, y al hacerlo empieza a encontrar anomalías. Algunas pueden resolverse con hipótesis *ad hoc*, otras se pueden dejar para las futuras generaciones, pero habrá

algunas que coloquen al paradigma en estado de crisis. En seguida mencionaré las principales anomalías que se le han presentado al DCBM.

1.7 Anomalías del Dogma Central de la Biología Molecular

Jacques Monod fue el primero en criticar a Crick por el nombre que había elegido para su propuesta teórica, pues decía que un dogma es algo que no se puede dudar. Crick dijo en numerosas ocasiones que para él un dogma era una hipótesis sin pruebas (Morange, 2009., *op. cit.*).

Según el diccionario de la Real Academia Española, un dogma es una

“proposición que se asienta por firme y cierta y como principio innegable de una ciencia, doctrina o religión”. (RAE)

Según esta definición, la evolución parece un dogma científico, pues es un hecho documentado, pero su cuerpo teórico no debería dogmatizarse porque todos los aspectos de la teoría se pueden discutir dentro del ámbito científico, por lo que la enunciación de dogmas en la ciencia debería ser tomada con sumo cuidado.

En el caso del DCBM no se cuenta con pruebas irrefutables que reafirmen que a pesar de la gran cantidad de moléculas y procesos que se realizan en una célula, la transferencia de información es un proceso tan simple como lo propuso Crick; por lo contrario, cada vez se encuentran más evidencias que lo plasman como un mecanismo sumamente complejo que involucra una gran cantidad de moléculas y productos celulares.

El DCBM se estableció con el fin de definir las relaciones entre las principales macromoléculas informacionales: DNA, RNA, proteínas. En 1958 fue publicada la lectura de Crick donde presentaba dos conceptos de gran importancia: el DCBM y la Hipótesis de secuencia, la cual

“en su forma más simple asume que la especificidad de una pieza de ácido nucleico es expresada solamente por la secuencia de sus bases y ésta es un código simple para la secuencia de aminoácido de una proteína particular” (Crick, 1958).

Estos dos conceptos, junto con la teoría de Darwin, se consideran los pilares sobre los que descansa la biología (Morange, 2009., *op. cit.*).

En la historia de la biología molecular, la “*década dorada del RNA*” comprende desde 1983 a 1993 (Bognadov, 2011). En este periodo se realizaron aportaciones excepcionales: la transcriptasa reversa, el mecanismo de formación de priones, el papel de las chaperonas en el plegamiento de proteínas, y una serie de nuevos procesos que hacen la transferencia de información de DNA a proteínas a través del RNA mucho más complejo de lo que inicialmente se había imaginado –se descubren modificaciones epigenéticas de DNA y cromatina que alteran la expresión génica, el empalme de RNA (RNA splicing) y la edición de RNA- (Morange, 2009., *op. cit.*). También se describió que algunas moléculas de RNA llamadas ribozimas poseen una actividad enzimática y catalizan varias reacciones bioquímicas. Se demostró que la telomerasa y su componente de RNA servían como plantilla para la síntesis de regiones teloméricas en los cromosomas.

Dichos hallazgos tomaban al ácido ribonucleico (RNA) como el mayor sujeto de interés. Algunos científicos afirman que estos nuevos conocimientos violan el DCBM (Bognadov *op. cit.*) mientras que otros lo niegan (Morange, 2009., *op. cit.*).

Según el DCBM propuesto por Crick (1970), no hay transferencia de información de proteína a ácido nucleico. Debido a que el código genético es degenerado, la traducción reversa podría ser un proceso estocástico y podría implicar una pérdida de información. También sugiere que no hay evidencia de un sistema de traducción inversa en ninguno de los modelos de organismos caracterizados o no ha sido descubierta. Sin embargo, el DCBM no supone un mecanismo molecular específico, sino un flujo de información; no sugiere la imposibilidad de la traducción reversa, sino la inexistencia de flujo de información de proteína a ácido nucleico. Es aquí donde entran los priones, que cuando fueron descubiertos eran conocidos como agentes de enfermedades neurodegenerativas lentas y devastadoras, con propiedades inusuales, en particular su resistencia a tratamientos que inactivan incluso la molécula de ácido nucleico más pequeña.

Una serie de experimentos (Prusiner, 1998) demostró que la infectividad de los priones es mediada por proteínas. Estos agentes patógenos están integrados sólo por ellas, las cuales asumen dos conformaciones distintas: una es soluble mientras la otra es un agregado que forma fibrillas tipo amiloideo. La segunda posee propiedades para auto propagarse. Cuando una molécula de prion tiene esta conformación, interactúa con otras moléculas de conformación soluble e induce su conversión a la forma amiloidea. Estos priones son agentes de herencia analógica, en contraste

a lo general, la herencia digital mediada por ácidos nucleicos. También se demostró que los priones existen en las levaduras, donde regulan la herencia epigenética de rasgos fenotípicos. La conformación del prion se forma espontáneamente a baja frecuencia, la lectura aberrante de las proteínas induce a una variedad de fenotipos de los cuales una significativa fracción es benéfica bajo condiciones selectivas.

Muchos de los priones descritos son proteínas involucradas en la transcripción y en la transformación del RNA, lo cual es compatible con su papel generando variación. Los descubrimientos indican que la formación de priones es inducida por estrés y que se segregan entre células hijas durante la división celular a través de la acción de una molécula chaperona.

En resumen, estas proteínas celulares son capaces de cambiar su conformación para adoptar una patógena y esta conversión puede ser espontánea o activada por una forma patógena, lo que explica que ocurran dos tipos de enfermedades: las espontáneas y las infecciosas. Aunque aún no se conocen con exactitud los mecanismos por los cuales los priones actúan, Koonin (2012) declara que es posible afirmar que violan el DCBM al permitir el flujo de información de proteínas al genoma.

Por otra parte, está la opinión que sostiene que el DCBM no ha sido violado. Morange afirma que la única forma de información que Crick consideraba era la de secuencia. De modo que el autor cree que los priones no contradicen al DCBM. Y continúa su defensa: “mientras que J. S. Griffith había mostrado en 1967 que la conversión del prion a una forma patógena podía ser explicada por modelos muy compatibles con el Dogma Central (uno de sus modelos era muy parecido al actualmente aceptado). Stanley Prusiner interpretó los resultados de sus experimentos señalando que la forma patógena era una proteína pura que involucraba la autorreplicación de las proteínas. Estos modelos nunca fueron confirmados.” (Morange, 2009). El autor afirma que es una versión bastante difusa que se tiene del DCBM la que se ha puesto a prueba.

Al enunciar el DCBM Crick postuló:

“Esto estipula que una vez que la información ha pasado a ser proteína, no puede revertirse... Es decir, las transferencias de información de ácido nucleico a ácido nucleico o de ácido nucleico a proteínas son posibles, pero las transferencias de proteína a proteína o de proteína a ácido nucleico no lo son. Aquí el término información significa la determinación precisa de

secuencia, ya sea de bases a ácido nucleico o de residuos de aminoácidos a proteína.” (Crick, 1970, op. cit.)

De acuerdo a lo establecido por Crick, los priones sí violan el DCBM.

En 1970, Howard Temin y Satoshi Mizutani y, simultánea e independientemente, David Baltimore, descubrieron una enzima llamada transcriptasa reversa, que cataliza la síntesis de DNA a través de un templado de RNA. Estos trabajos explican cómo ciertos RNA virus (retrovirus) son capaces de integrarse al genoma de su hospedero. Algunos miembros de la comunidad decían que esto era un golpe al Dogma, pero Crick lo negó declarando que el descubrimiento de la transcriptasa reversa no contradecía al Dogma como él lo había formulado, sino que contradecía la versión que Watson había hecho en *Biología del gen*, donde excluye la transferencia de información de RNA a DNA (Morange, 2009., *op. cit.*).

A mediados de 1980 se describen proteínas que facilitan el plegamiento de otras, hecho que sorprendió a Crick y declaró que *“el plegamiento de proteínas es una función del orden de los aminoácidos”* y que no se requería de ninguna maquinaria especial de la célula para ese proceso. Posteriormente se descubrió una maquinaria compleja formada por distintas chaperonas presentes en compartimientos, con lo que se afirmaba que el plegamiento no era una función exclusiva de los aminoácidos sino el resultado de la acción de las chaperonas. Tiempo después se supo que la verdadera función de éstas es prevenir accidentes en el plegamiento, mientras que las chaperoninas (chaperonas más complejas) brindan condiciones favorables durante este proceso (*Ibid.*, p. 242). Aun así, las chaperonas demuestran que ni el DNA, ni el RNA, ni las proteínas trabajan de manera autónoma, abstrayéndose de todo lo demás que ocurre en la célula; sino que están conectadas y el buen desempeño de sus funciones no sólo depende de ellas mismas. Considero este hecho una anomalía del DCBM pues no involucra a la compleja maquinaria celular sin la cual los procesos de replicación, transcripción y traducción no podrían tener lugar.

Actualmente se sabe que el RNA transcrito puede ser empalmado en diferentes formas de mRNAs generando diferentes proteínas, también puede ser editado y los nucleótidos pueden ser adicionados; así que el RNA final no es una copia de la plantilla del DNA. La expresión de genes puede ser regulada por modificación de DNA (metilación), alteraciones de la cromatina y por la acción de micro RNAs de interferencia (*Ibid.*, 242).

Según Morange, los mecanismos epigenéticos que controlan la expresión génica descubiertos actualmente no desafían el modelo propuesto por Crick, pero podrían ser conflictivos sólo si se considerara que la información regulatoria estaba incluida en el DCBM y por ello debe originarse en el DNA. Los casos de empalme y edición alternativa son más interesantes y más desafiantes para el dogma, pues la maquinaria compleja de las proteínas y el RNA está en ambos casos alterando la información codificada en el DNA (*Ibíd.*, 243).

Morange sostiene, sin embargo, que el paradigma de la biología molecular no ha sido desacreditado y se mantiene firme porque, según él, existe una gran acumulación de datos que lo reafirman y ausencia de información que se oponga; además, asevera que ninguna maquinaria que sea capaz de convertir una secuencia de proteína en una secuencia de ácido nucleico ha sido encontrada. El autor también propone que el DCBM describe la historia evolutiva que define las relaciones entre el DNA, el RNA y las proteínas. Declara que no habría ninguna ventaja adaptativa al regresar la información genética de proteínas a RNA, por lo tanto, este flujo de información no ocurre. Estas declaraciones sólo reafirman y mantienen vigente el reduccionismo mecanicista que se aplica en la biología molecular, son puntos de vista obtusos y falacias que impiden un verdadero progreso científico.

En el siguiente capítulo se abordará el concepto de gen, su posible consideración como paradigma de varias comunidades científicas y los distintos modelos existentes de manera paralela que intentan explicarlo -pues diferentes concepciones son útiles para distintas disciplinas y subdisciplinas-. Se presentará cómo, lejos de tener una idea precisa y delimitada sobre dicho concepto, los científicos lo definen sin tener un acuerdo; es en este punto donde se retomarán los paradigmas de Kuhn para explicar la situación en la que se encuentra el concepto de gen y cómo afecta ésta a la creación y producción de alimentos transgénicos, pues los genes juegan un papel protagonista en estas nuevas tecnologías.

Capítulo 2. El gen: un paradigma irracional

El concepto de gen ha sido un punto destacado en la historia de la ciencia a tal grado que se ha convertido en el protagonista de diversas disciplinas, entre ellas están la biotecnología y la ingeniería genética que, como se mencionó anteriormente, toman como bases principales de su trabajo al DCBM y al gen para producir y lucrar con distintos productos, entre ellos se encuentran los OGMs.

En las últimas décadas diversos avances científicos se han presentado como desafíos ante este concepto; en términos de Kuhn, han sido expuestas diversas anomalías. En este capítulo se pretende abarcar el origen y la evolución de este término con el fin de entender la importancia que ha ido adquiriendo y el poder que tiene en la actualidad a pesar de que se han encontrado evidencias que lo invalidan y lo colocan en una situación incierta, además de demostrar que el modelo de Kuhn es útil para comprender los cambios por los que ha atravesado y la situación actual en la que se encuentra.

Se pondrá de manifiesto como la multiplicidad de conceptos, los descubrimientos científicos y la crítica a las ideas reduccionistas que este término plantea son bases suficientes para descartarlo como paradigma de la ciencia. Sin embargo, la presencia de factores irracionales lo mantiene en la cúspide de diversas disciplinas científicas, misma situación que se presenta con el DCBM.

2.1 Breve historia del gen

La etimología proviene del griego génesis (nacimiento) o genos (origen). Genética, palabra relacionada, fue usada por vez primera por William Bateson en 1905 (Gerstein, 2007) mientras que el término de gen fue acuñado por William Johannsen (1909) basado en el trabajo de Mendel de 1865. Esta palabra fue un derivado de pangene, que usó Hugo De Vries para nombrar a las entidades involucradas en la pangénesis (mecanismo hipotético de herencia propuesto por Darwin).

Mendel (1865) demostró que los rasgos de los organismos son transmitidos y heredados por entidades distintas y discretas, y que las variaciones en los rasgos son causadas por variaciones en los factores de herencia. En esta época no existía una explicación ni precisa, ni comprobada del

material que contenía un gen, sólo se contaba con un entendimiento instrumentalista (Martín, 2010).

La comunidad científica de esta época contaba con suficientes elementos para considerar la existencia de una unidad material de la herencia que delimitaría su campo de estudio, pero todavía eran necesarias más investigaciones que les dieran la certeza para suponer que la definición que se tenía de gen en ese tiempo era la base de un paradigma que pudiera delimitar su marco teórico de investigación.

Por lo tanto, todavía no se podía considerar a la genética como una disciplina científica. Tiempo después de que el trabajo de Mendel fuera repetido y redescubierto en 1909, el estudio minucioso sobre el contenido de la unidad de la herencia comenzó.

Con los avances de la genética mendeliana la actitud instrumentalista fue reemplazada por un entendimiento material del gen. Hermann Muller (1927) fue de los primeros en apoyar la idea que colocaba al gen como una partícula microscópica localizada en los cromosomas, apartándose de la postura que definía al gen como un concepto idealista o instrumental.

La posición de Muller influyó en las investigaciones subsecuentes del gen que llevaron a la propuesta de la doble hélice de Watson y Crick. Este modelo resultaría responsable de la futura aceptación del gen como unidad material.

La correspondencia entre linaje genético con locaciones específicas de los cromosomas fue demostrado por Barbara McClintock (1929) en estudios citogenéticos del maíz. Posteriormente Beadle y Tatum (1941) descubrieron que las mutaciones en los genes pueden causar defectos en los pasos de las vías metabólicas.

Esto fue fijado como “*un gen, una enzima*”, que después se convirtió en “*un gen, un polipéptido*”. Desde este punto de vista el gen está siendo considerado como la información que está detrás de las moléculas individuales en una ruta bioquímica. Este modo de percibir al gen se volvió más explícito y mecanicista en las décadas posteriores (Gerstein, *op. cit.*).

La base molecular y física de la herencia fue demostrada al descubrir que los rayos X podían causar mutaciones (Muller, *op. cit.*). Posteriormente, Griffith (1928) respaldó esta hipótesis al exponer que una sustancia de las cepas muertas y virulentas de *Pneumococcus* podía ser utilizada

por el *Pneumococcus* no virulento y de esta manera se transformaban en bacterias virulentas. Tiempo después se puso de manifiesto que esta misma sustancia puede ser destruida por la enzima DNasa (Avery, 1944). Consecutivamente Hershey y Chase (1952) establecieron que la sustancia que es transmitida por el bacteriófago a su progenie es el DNA y no la proteína.

En 1953, Watson y Crick presentaron el modelo de la doble hélice, que estableció al DNA como el material básico de la herencia. Las bases apareadas revelaban cómo podía ser copiada la información genética, y la existencia de dos hebras explicaba la manera en que los errores ocasionales en la replicación pueden llevar a una mutación en una de las copias hijas de la molécula de DNA.

En la década de 1960, la biología molecular se desarrolló a una velocidad muy rápida. El transcrito de RNA de las secuencias que codifican proteínas es traducido usando el código genético -resuelto en 1965 por Nirenberg- a una secuencia de aminoácido (Nirenberg, 2004). Es sabido que algunos genes no codifican para una proteína sino para moléculas funcionales de RNA como RNAr y RNAt; además, en virus RNA los genes están hechos de este mismo ácido nucleico (Franco Vera, 2003).

En esta época, un gen era considerado un código que reside en el ácido nucleico y que da lugar a un producto funcional. El desarrollo de técnicas de clonación y secuenciación en la década de 1970's, junto con el conocimiento del código genético, revolucionaron el campo de la biología molecular al brindar una gran cantidad de información sobre la organización y expresión de los genes. La creación paralela de herramientas computacionales llevó a algoritmos para la identificación de genes basados en sus características de secuencia. En muchos casos, una secuencia de DNA podía ser usada para inferir la estructura y función del gen y sus productos (Gerstein, *op. cit.*).

Otro aspecto importante de la historia de la genética es cuando Crick formula el DCBM. Lo más trascendental de éste es la causalidad unidireccional y el rechazo explícito de una posible influencia sobre los genes, ya sea por parte del medio ambiente externo, del intracelular o del intercelular. Postula que este proceso lineal va desde el DNA hasta las proteínas, Crick asevera:

“Una vez que la información entró en las proteínas ya no puede volver a salir” (Crick, *op. cit.*).

Y así es como poco a poco al gen se le va considerando la unidad mínima de la herencia, independiente y autónoma.

2.2 El gen, un concepto con múltiples definiciones

Se ha postulado que existen muchas definiciones de gen debido a que el concepto ha ido evolucionando y progresando con el paso del tiempo, lo cual explica el cambio pero no la coexistencia de tantas definiciones, por lo que también se debe añadir que este concepto se ha expandido a muchas disciplinas y se ha ido reconceptualizando sin omitir otras definiciones (Martín, *op. cit.*).

Desde la segunda mitad del siglo XX se han llevado a cabo descubrimientos que colocan a la genética como una ciencia madura. El trabajo de ésta como ciencia normal ha llevado a la articulación del gen, su paradigma, hasta el punto de ser considerado en la actualidad como un concepto indeterminado.

Se han realizado estudios cuyos resultados indican que distintos especialistas tienen una definición diferente de gen, lo que demuestra que no se cuenta con una enunciación clara y que cada disciplina tiende a adoptar una definición más o menos concreta (Stotz, Griffiths y Knight, 2004). En seguida se mostrará la evolución de este concepto y la multiplicidad de definiciones que persisten en la actualidad.

En genética, el gen es un concepto central a partir del cual muchos otros se han derivado. Generalmente es definido tomando como base cuatro fenómenos: transmisión genética, recombinación genética, mutación genética y función génica (Gericke y Hagberg, 2007).

Hay quien lo define como un segmento de cromosoma que regularmente se recombina con otros segmentos durante la meiosis y que es suficientemente corto para sobrevivir a varios episodios de dicho proceso de tal manera que la selección pueda actuar sobre él como unidad. Otra discusión importante en la genética es si el gen es una unidad material o informacional (Martín, *op. cit.*).

La visión de los ultradarwinistas es que si hay una meta fundamental en la evolución biótica, es la supervivencia y la expansión de piezas de material genético, por esto proponen a los genes

como la unidad mínima de selección y a los fenotipos como recipientes mediante los cuales los genes pueden trascender (Venebra Muñoz, 2005).

El creciente interés por los genes conduce a una noción de biología centrada únicamente en éstos, que terminan por ser considerados determinantes todopoderosos de la estructura orgánica. Prueba de esto son las propiedades exaltadas de las que se les ha dotado, como el pensar que son los únicos responsables de los productos génicos (proteínas) que se encuentran en las células y que crecen y proliferan hasta conformar un organismo dotado de una estructura y comportamiento complejos. (Aranda, 1997).

El concepto de gen ha evolucionado y se ha vuelto más complejo con el paso del tiempo. Actualmente existen diversas definiciones, entre las más comunes se incluye la habilidad de determinar una característica particular de un organismo y la herencia de ésta. A continuación, se describirá con más detalle los cambios por los que ha atravesado este concepto, desde Mendel hasta la actualidad.

De acuerdo a Johanssen los genes son las “condiciones particulares, fundaciones y determinantes que están presentes (en los gametos) de formas únicas, separadas y, por lo tanto, independientes, por las cuales muchas de las características de los organismos se especifican” (Johanssen 1909).

Para los primeros genetistas un gen era una entidad abstracta cuya existencia estaba reflejada en la manera en que los fenotipos eran transmitidos entre generaciones. La metodología empleada involucraba mutaciones y recombinaciones, por lo que el gen era considerado como un locus cuyo tamaño estaba determinado por las mutaciones que inactivaban o activaban un rasgo de interés y por el tamaño de las regiones de recombinación.

Del modelo de Watson y Crick surgió el concepto clásico de gen molecular, que es definido como un trozo de DNA que codifica un producto funcional -una cadena de polipéptidos o una molécula de RNA-. En esta definición se piensa a un gen como una unidad ininterrumpida en el genoma, con un inicio y un final claro y definido, y que realiza una sola función; por lo que se considera una unidad tanto funcional como estructural dentro del genoma. Al presentar al gen como una estructura bien definida, con límites perfectamente determinados, una sola función y

un mecanismo de fácil comprensión, esta definición plantea un gen con poderes explicativos, predictivos y heurísticos (El-Hani, *op. cit.*).

Según la Organización de Nomenclatura del Genoma Humano, un gen es definido como “un segmento de DNA que contribuye al fenotipo y a la función. En ausencia de una función demostrada, un gen puede ser caracterizado por su secuencia, transcripción u homología” (Wain, *et al.*, 2002). El Consorcio de la Secuencia Ontológica describe al gen como una “región localizable de secuencia genómica, correspondiente a una unidad de herencia, que está asociada con regiones reguladas, regiones transcritas y/u otras regiones de secuencias funcionales” (Pearson, 2006).

Según la caracterización que distintas disciplinas hacen de los genes, se pueden distinguir, por lo menos, cinco formas de concebirlo: como rasgo, estructura informacional, actor, regulador o marcador evolutivo. En el ámbito de transmisión genética, el gen se entiende como una característica, es pensado como sinónimo de alelo, se asocia a un rasgo y tiene un lugar en el cromosoma de un individuo; según la genética de poblaciones, el gen es un tipo de marcador, que puede ser fijado o añadido, existe en ciertas frecuencias y se encuentra desligado del individuo. Esta secuencia de DNA es de gran interés pues marca el tiempo y el cambio evolutivo (Griffiths, 2001).

Lo característico del gen evolutivo no es codificar una proteína, sino ser una unidad de recombinación. La biología molecular entiende a los genes como estructuras informacionales: la secuencia de nucleótidos contiene un mensaje que es transcrito, expresado, regulado y controlado. Todos los organismos utilizan el DNA para almacenar la información que les permitirá construir sus proteínas y el código utilizado para transmitir esta información es universal (Martín, *op. cit.*).

La biología del desarrollo los divide en genes estructurales y reguladores. Los últimos son fragmentos de DNA que controlan, dirigen, determinan y definen un patrón modular. Su idea es que las GRN's (Gene Regulatory Networks, redes formadas por entidades modulares o subcircuitos, cada una con una determinada tarea) causan el desarrollo. Embriólogos y biólogos celulares se interesaron por la morfogénesis global de los seres vivos y hasta ahora se han beneficiado de grandes descubrimientos y una nueva categoría de genes ha sido propuesta: los genes “arquitectos”; algunos determinan el número y la polaridad de segmentos, mientras otros

(los homeóticos) definen su porvenir. Por último, la genómica presenta al gen como actor. Es un gen flexible, que actúa o interactúa, puede moverse, desvanecerse o incluso duplicarse dentro del propio genoma (*Ibid*, pp. 125-126).

Para Falk (1986), el gen es visto como un instrumento construido de una manera tan sensible que puede ser justado a las diversas necesidades de distintos investigadores en diferentes campos. El mayor problema del gen, según el autor, es la proliferación de significados. Sin embargo, la variación conceptual y ambigüedades han sido características de este concepto a través de toda su historia (Moss, 2001).

Parece muy correcto lo que señala Falk cuando asevera que el gen es visto como una herramienta, pues considero que dicho concepto se asume como un objeto flexible con el que los científicos pueden manipular la percepción de los modelos biológicos.

La multiplicidad de definiciones ha llevado a que el concepto de gen adquiriera un gran poder. Al considerarlo la unidad fundamental de la herencia y dar por hecho que sólo ellos contienen la información necesaria para la creación de un ser vivo se les otorga una enorme autoridad, un gran dominio y una tremenda influencia sobre la dirección que toman las investigaciones de distintas disciplinas científicas.

Lo anterior sigue vigente a pesar de que actualmente no está claro qué es y qué no es un gen, pues lejos de tener una definición clara y bien delimitada, se ha vuelto un ente maleable a conveniencia de quién lo utiliza y del propósito para el que lo usa. De esto se puede concluir que la proliferación de significados lleva a que cada disciplina –y hasta cada investigador- lo utilice de la manera que mejor le convenga, volviendo a la ciencia más subjetiva.

En vez de ayudar y beneficiar a la ciencia, el concepto de gen se ha tornado un artefacto hostil, una herramienta que puede auxiliar a un científico a darle sustento y peso a sus investigaciones, mas no a la ciencia en su totalidad. Se debe aclarar que cuando digo que el gen puede apoyar diversas investigaciones, no estoy diciendo que dichos trabajos sean correctos o propios de la ciencia, al contrario, sugiero que por el simple hecho de utilizar esta palabra, dichas investigaciones obtienen atención y se les da por verdaderas e incuestionables.

De lo anterior concluyo que la información obtenida por medio de la manipulación de un concepto tan importante como reduccionista, combinado con experimentos limitados y

pseudocientíficos, puede llevar a cometer errores terribles y simplistas como aseverar que con “quitar” o “poner” un gen en un cultivo se puede acabar con una plaga y que esto no tiene por qué tener otras consecuencias. También puede conducir al determinismo genético, ejemplos de esto pueden ser los supuestos descubrimientos del “gen de la obesidad” (Smemo, Gómez-Skarmeta, *et al.*, 2014), el “gen del alcoholismo” (Stacey, *et al.*, 2012), el “gen de la homosexualidad” (Sanders, *et al.*, 2015) e incluso el “gen de la infidelidad” (Walum, *et al.*, 2008).

Con el paso del tiempo, el gen se ha convertido en un concepto incuestionable, protagonista de diversas disciplinas científicas debido a su supuesta capacidad de brindar múltiples respuestas al ser considerado la unidad mínima de la herencia. Es por estas razones y porque su proceso histórico, científico y social se adapta al modelo kuhniano que considero que es un paradigma científico, si bien no es el único que rige a las disciplinas, si es uno de los principales y es la base con la que muchas comunidades sustentan sus propuestas y modelos “científicos”. Tratándose de biología molecular, biotecnología e ingeniería genética, el gen, junto con el DCBM, juega un papel protagonista.

Para poder analizar y comprender el proceso y transformación por la que ha atravesado este concepto y la manera en que ha ido adquiriendo dominio en la ciencia -en particular en la biología-, se han realizado modelos históricos que explican su articulación y evolución. En ellos es posible ver con mayor claridad las distintas definiciones que se le han dado de acuerdo a los descubrimientos científicos que se han llevado a cabo, es decir, conforme se ha ido articulando este paradigma.

2.3 Modelos históricos del gen

Se asume que la historia de este concepto es una progresión que va desde una entidad puramente teórica (causa hipotética de las diferencias heredadas por los fenotipos) hasta una estructura perfectamente descrita (parte del DNA). En el ámbito filosófico se considera que el gen clásico y el gen molecular deben separarse en paradigmas completamente distintos, pues los roles conceptuales del gen mendeliano y el gen molecular son completamente diferentes. Mientras el papel conceptual del gen mendeliano es predecir patrones de herencia y explicar diferencias fenotípicas por medio de diferencias genotípicas, el del gen molecular es explicar la producción de sustancias moleculares importantes para la maquinaria celular, como el RNA. Es decir, explicar los detalles sobre los efectos moleculares fisiológicos y de desarrollo (Moss, *op. cit.*).

El paso del primer concepto hacia el segundo es progresivo porque la biología molecular ha producido respuestas no logradas por la genética clásica en temas de gran importancia, como el contenido de un gen, los mecanismos de replicación, funciones o el modo en que ciertas diferencias en genes dan lugar a diferencias fenotípicas (Medina, 2009).

Aunque filosóficamente hablando se considera un solo cambio de paradigma (el paso del gen clásico al gen molecular), también se ha presentado la evolución del concepto a través de una serie de modelos históricos que permiten explicar mejor las modificaciones experimentadas. Se distinguen cuatro etapas principales (Gericke y Hagberg, *op. cit.*):

1. Mendeliana – El fenotipo es totalmente definido por el genotipo, la genética trabaja en un nivel puramente simbólico y el gen es un ente hipotético elegido como unidad de transmisión y función que sigue las leyes de Mendel.
2. Bioquímica - El gen ya se considera una partícula bioquímica cuyo material es desconocido y que, además de ser la unidad de transmisión, lleva a cabo la recombinación y la mutación. A nivel celular la función específica del gen es producir una enzima y, posteriormente, determinar un rasgo.
3. Molecular - Con el modelo de Watson y Crick, nace el gen molecular, que se considera un segmento del DNA, de tal manera que su estructura termina por identificarse con su función. El concepto molecular actualizó el mendeliano y la interpretación de los genes como unidades; en otras palabras, el concepto molecular se impuso al mendeliano. Posteriormente se introdujo un vocabulario informacional para las disciplinas de la genética y de la biología molecular (Kay, 2000), lo que llevó a la concepción informacional del gen. Esta propuesta fue muy popular no sólo en el medio científico, sino en los medios de comunicación, la opinión pública y en los libros de texto. Además, esta nueva visión del gen fue una extensión del punto de vista funcional de los genes.
4. Genómica - La concepción anterior cambió unas décadas más tarde al empezar a vislumbrar la complejidad del genoma y al gen se le empezara a considerar un conjunto de segmentos de DNA que participa en el proceso del desarrollo, que depende en gran medida de su contexto y que puede estar activo o inactivo (hasta el grado que parece

existir sólo cuando actúa). A medida que la noción del gen como entidad prefijada se va desdibujando, la idea de gen como proceso empieza a tener fuerza (Griffiths y Stotz, 2006).

En este proceso histórico, el gen atraviesa por distintas definiciones en distintas disciplinas, cada una entiende al gen según sus necesidades, pero todas lo consideran la unidad principal de transmisión de la información. Al ser un producto de la ciencia, el gen es considerado -junto con los métodos y las instituciones científicas- una verdad universal (Lewontin, 1995).

2.4 El gen molecular: muchos problemas, insatisfactorias soluciones

En esta parte haré a un lado las múltiples definiciones de gen para centrarme únicamente en el concepto de gen molecular debido a que él y el DCBM son los paradigmas que se utilizan como marco teórico para la manufactura de los OGMs. Este gen, a pesar de que su definición cada vez es menos clara, es considerado el más popular y es usado en diversos trabajos de distintas prácticas científicas (Stotz, *et al.*, *op. cit.*).

Actualmente el concepto de gen que utiliza la biología molecular presenta diversas anomalías, entre ellas está la multiplicidad de definiciones que se le atribuyen. Snyder y Gestein (2003) consideran que es más fácil definir o enlistar diversas partes moleculares contenidas en el DNA que enlistar todas las definiciones con las que se distingue al gen molecular.

Gingeras (2007) sugiere que la complejidad del código genético ha aumentado a tal grado que se necesita reconsiderar la definición del gen. También propone el uso de un término alternativo que ayude a definir la unidad operacional fundamental que relacione las secuencias genómicas al fenotipo.

Fogle (2000) señala que las propiedades y elementos físicos del gen molecular tienen una gran aceptación social, sin embargo, cada vez se tiene menos claro qué es. Considera que este concepto es una abstracción de detalles moleculares, formado por partes y procesos esperados que los empiristas asocian con él. Para este autor la renuencia por abandonar este concepto y trabajar rodeando los problemas no tiene ningún sentido, pues lejos de llegar a un acuerdo sobre lo que es el gen molecular, se le ha dotado de demasiadas características y algunas de ellas se contradicen entre sí.

Keller y Haler (2007) mostraron que hay problemas para definir a los elementos genéticos. Sin embargo, hay un acuerdo entre científicos que a grandes rasgos indica que el gen molecular es “una región localizable dentro del genoma” (*Ibid.*, p. 1). Por su parte, Fogle (*op. cit.*) sostiene que ni los límites del gen, ni su relación con la función, ni su bioquímica de expresión son constantes que se puedan añadir a la formulación caracterizada de un gen molecular.

Lodish *et al.* (1995) describen al gen como una secuencia entera de DNA para la síntesis de un polipéptido funcional o una molécula de DNA. Por su parte, Alberts *et al.* (1994) lo considera una unidad funcional que abarca secuencias codificantes de DNA, secuencias reguladoras no codificantes de DNA e intrones.

Portin (2009) lo define como una unión de secuencias genómicas y de factores reguladores asociados estructural y funcionalmente con ellas. Gerstein (*op.cit.*) lo considera una unión de secuencias genómicas que codifican un grupo coherente de productos funcionales potencialmente traslapados. Finalmente, Griffiths y Neumann-Held (1999) postulan que un gen es una secuencia de DNA correspondiente a una sola norma de reacción de productos génicos a través de condiciones celulares variables.

El problema de las múltiples definiciones que se le adjudican al gen no es el único que ha llegado a desestabilizar al gen molecular. Meyer, Bomfim y El-Hani, (2013) consideran que uno de los grandes problemas del gen molecular está relacionado a su definición como “un trozo de DNA que codifica un producto funcional, una sola de cadena de polipéptidos o una molécula de RNA”. A esta definición le corresponde el llamado por diversos investigadores “concepto de gen molecular clásico” (Neumann-Held, 1999; Griffiths y Neumann-Held, 1999, Stotz, *et al.*, 2004).

Este gen tuvo inicialmente una estructura molecular bien definida, con una sola función, un inicio bien determinado y mecanismos fácilmente comprensibles. Posteriormente, un entendimiento molecular del gen fue impuesto a la idea de unidad que se hallaba en la genética mendeliana (Fogle, 1990).

Como se puede notar, el concepto de gen es el protagonista de diversas disciplinas y subdisciplinas de la genética y de la biología molecular. En términos de Kuhn, el gen es el paradigma de diversas comunidades científicas (aunque no necesariamente el único). Con el tiempo se ha ido expandiendo y reconceptualizando. Los avances científicos y la investigación han

llevado a su articulación y al hallazgo de anomalías, varias de éstas hacen que muchos autores declaren una “*crisis del concepto de gen*” (Falk, 1986; Fogle, 1990; Keller, 2000; Pearson, 2006; El-Hani, 2007).

En seguida se presentarán algunas de las anomalías que, según diversos investigadores, vuelven insostenible al concepto de gen molecular.

2.5 Anomalías del concepto de gen molecular

2.5.1 Anomalías filosóficas

La biología moderna y toda la ciencia actual, toma como metáfora informativa el mecanismo propuesto por Descartes. Ve al mundo como un sistema grande y complicado de engranajes y niveles y hace una clara distinción entre las causas y los efectos. La ideología moderna científica hace de lo individual la fuente causal de todas las propiedades. Prescribe una manera de estudiar al mundo que consiste en dividirlo en partes individuales que lo causan y estudiar las propiedades de estos trozos particulares. Fractura al mundo en dominios independientes y autónomos, internos y externos. Las causas son internas o externas y no hay dependencia mutua entre ellos. Esta separación se remonta a Darwin, quien llevó a la biología a la cosmovisión mecanicista moderna. Pero realmente no existe un

“ambiente en un sentido independiente y abstracto, así como no hay un organismo sin ambiente, no hay un ambiente sin organismo. Los organismos no experimentan los ambientes, los crean” (Lewontin, *op. cit.*).

Los seres vivos son vistos como seres determinados por factores internos, los genes. Y, siguiendo este mecanismo científico, varios biólogos moleculares gastan muchísimo dinero en descubrir la secuencia de DNA del ser humano. Ellos afirman que cuando se conozca la secuencia de la molécula que fabrica nuestros genes, sabremos por fin qué es un ser humano.

Es común en el ámbito científico utilizar metáforas, y en relación a los genes se ha expresado que son la materialización de un código, depósitos de información que proporcionan un plano o programa para el desarrollo del organismo, o una receta para fabricar futuros seres vivos. Es importante resaltar que al usar una metáfora se corre el riesgo de confundirla con la realidad y cuando eso pasa, las propiedades que atribuimos al objeto de interés y las preguntas que hacemos

sobre él terminan por reforzar la imagen metafórica, de modo que los aspectos del sistema que no entran en ese enfoque acaban por desaparecer (Martín, *op. cit.*).

El gen molecular se concibe como una molécula de DNA autorreplicante en la que estructura y función se identifican. Los biólogos moleculares introducen una terminología basada en el concepto de información: el DNA se replica en la división celular, se transcribe de DNA a RNA y se traduce de RNA a proteínas. La terminología empleada lleva a un error, pues no es lo mismo hablar de información asociada al código genético, es decir, asociar tripletes de nucleótidos a aminoácidos, que decir que los genes contienen la información necesaria para construir un organismo (Lewontin, 2000). Aquí es donde el reduccionismo cartesiano se presenta de manera evidente.

Las investigaciones y resultados de la ciencia normal indican que las diferencias de complejidad entre organismos están más relacionadas con las diferencias en la regulación de genes (la información que determina dónde y cuándo tiene que activarse un gen) que con las diferencias de los mismos genes.

El efecto final de una proteína depende tanto de su naturaleza como del momento, el lugar y la cantidad en la que se produce. No existe un único elemento que controle el desarrollo orgánico o que prefigure sus resultados, por lo que la metáfora del programa genético es falaz al no tomar en cuenta los fenómenos de la epigénesis y es profundamente determinista (Martín, *op. cit.*).

Además, los genes representan una pequeña parte del genoma de los organismos superiores, muchas regiones libres de genes en el DNA se expresan más de lo que se pensaba, haciéndolo de formas muy alejadas a la fabricación de proteínas. Lo que antes se consideraba un conjunto de genes separados por tramos de “DNA basura” (DNA que no codifica proteínas) ahora se ha convertido en una rica colección de elementos que se encuentran conectados entre ellos y que dependen fuertemente del entorno (*Ibid*, p. 135).

El reduccionismo mecanicista ha tenido un gran éxito como método para llegar a la verdad en la biología molecular (Levins y Lewontin, 1985). Éste propone que las líneas de la causalidad van de la parte al todo, de un gen a un rasgo, de un rasgo a un organismo, etc. Tanto en la sociedad

como en la naturaleza, la parte antecede al todo. No considera si al interactuar emergen nuevas propiedades, es decir, si el todo es más que la suma de sus partes.

Este método

“es más que un simple método de investigación, es un compromiso con cómo son las cosas realmente. El reduccionismo cartesiano como método ha tenido un gran éxito en física, química y biología, especialmente en biología molecular, y esto ha significado que el mundo es como el método.” (Ibíd., p. 2)

Stotz (*et al., op. cit.*) sostiene que la noción más popular de gen en la comunidad científica es la informacional (un gen es un paquete de información o una instrucción para el desarrollo). También indica que esta noción no contribuye a las explicaciones de la biología molecular, al contrario, tiende a oscurecerlas. Las instrucciones para el desarrollo no están literalmente almacenadas en el código genético, ya que la relación formal entre DNA y proteínas especifica únicamente la estructura primaria de estas.

Cuando Watson y Crick plantearon su modelo e introdujeron términos metafóricos como *“transmisión de la información genética”*, de manera consciente o inconsciente autorizaron y/o validaron la posibilidad de que la información biológica no aumentara en el transcurso del desarrollo al encontrarse contenida únicamente en el genoma. Este hecho, junto a la asociación de información con la idea de programa e instrucción, fortaleció el concepto de la *“acción de los genes”* que llegaron a considerarse entidades prácticamente omnipotentes, agentes autónomos y responsables últimos tanto del desarrollo de los organismos como de la evolución de las especies (Martín, *op. cit.*).

En biología molecular, cuando se habla de genes, se les piensa como la unidad fundamental de la herencia, no se piensa en el todo al que pertenecen, tampoco se toma en cuenta que éstos son concretados por el todo del que forman parte, sino que se les ve como entidades independientes y autónomas.

Pero la realidad es que:

“lo que constituye a las partes es definido por el todo que está siendo considerado. Las partes adquieren propiedades por virtud de ser partes de un todo particular, propiedades que no

tienen al estar aisladas o como partes de otro todo. No es que el todo sea más que la suma de sus partes, sino que las partes adquieren nuevas propiedades. Pero como las partes adquieren nuevas propiedades por estar juntas, ellas imparten al todo nuevas propiedades, las cuales son reflejadas en cambios en las partes, y así sucesivamente. Las partes y el todo evolucionan en consecuencia de su relación y la relación evoluciona por sí sola.” (Levins y Lewontin op. cit.).

2.5.2 Anomalías moleculares

Las anomalías moleculares de este paradigma surgen desde 1925, cuando Sturtevant descubrió el efecto de posición, mostrando que la función de un gen y su efecto en el fenotipo podían ser modificados al alterar los arreglos de los genes en el cromosoma, en ausencia de mutaciones o de cualquier cambio cuantitativo del material genético. Después de este descubrimiento, la idea del gen como unidad de recombinación, mutación y función no pudo prevalecer, al final, la mayoría apoyó la idea de gen como unidad de función (El-Hani, *op. cit.*).

Conforme el conocimiento sobre el material genético se incrementó, las estructuras y límites de los genes moleculares fueron cada vez menos claros. La idea de gen como unidad estructural y funcional ha sido desafiada en las tres últimas décadas debido a diversas anomalías que se le han encontrado, entre ellos están tres principales hallazgos en la genética y en la biología molecular (Meyer, *et al.*, *op. cit.*) que vuelven evidente que *“la relación entre el DNA y el producto génico es indirecta y mediada en un grado que nunca antes había sido anticipado”* (Griffiths y Stotz, *op. cit.*):

1. Uno a muchas correspondencias entre segmentos de DNA y RNAs/polipéptidos. Ejemplo de esto sería el empalme alternativo (Graveley 2001).
2. Muchas a una correspondencia entre los segmentos de DNA y RNAs/polipéptidos, fenómeno que ocurre con los rearrreglos genéticos (Cooper y Alder 2006; Murre 2007).
3. Falta de correspondencia entre los segmentos de DNA y RNAs/polipéptido, como ocurre con el RNAm editado (Hanson, 1996; Lev-Maor, *et al.*, 2007).

Estas correspondencias se presentan como anomalías no sólo del gen, sino que también contribuyen a la invalidación del DCBM al demostrar que la información no es directa y total desde

el DNA (los genes) hasta las proteínas. Además, el código genético, puente entre los ácidos nucleicos y las proteínas, no es ni autónomo, ni independiente.

Por lo tanto, no basta con que existan los genes, se precisa de una maquinaria capaz de traducirlos. Hoy es sabido que esta maquinaria de traducción porta varios constituyentes macromoleculares que están codificados en el DNA, lo cual quiere decir que el código genético sólo puede ser traducido por los productos de su traducción (Franco Vera, *op. cit.*). Entonces, si la enzima requiere al gen y éste necesita a la enzima ¿cuál es la entidad primaria: el DNA o las proteínas? Esta paradoja se ha resuelto parcialmente con la teoría del “mundo del RNA”⁵ (Andrade, 2006).

Falk (2010) afirma que en eucariontes el RNA se vuelve autónomo y nuevos controles se tornan posibles a ese nivel. Distintas secuencias pueden ser añadidas y con esto se puede llevar a cabo la diferenciación por regulación de la disponibilidad de polipéptidos en distintas células en diferentes periodos del desarrollo del organismo.

Durante la traducción se interpreta el código genético. Después de que se remueven los intrones y se empalman los exones, el RNA es leído en tripletes de codones y cada codón especifica un aminoácido en el polipéptido creciente. Se ha demostrado que un estado fisiológico particular puede causar cambios en la traducción (Gesteland, *et al.*, 1992).

Lo anterior conduce a pensar que cuando se habla de “expresión genética” en realidad se está hablando de la producción activa de un transcrito de RNA, el cual es un indicador de la presencia de un gen. Pero mapear el sitio génico a través de su complemento de ADN en ARN es ignorar cualquier citoquímica post-transcripcional que modifica el transcrito previo a la traducción o los sitios y eventos pre-transcripcionales que influyen en lo que se convertirá el transcrito (Fogle, *op. cit.*).

También se pueden dar cambios post-transcripcionales causados por el citoambiente. El locus informacional en el DNA que dicta el transcrito formado tiene influencia tanto de los elementos vecinos como de las condiciones fisiológicas al momento de la expresión. Otros

⁵ Si se requiere saber más sobre este tema se recomienda el artículo de Jeffares, Poole y Penny (1998), “Relic from the RNA world,” J. Mol. Evolution 46: 18-36.

elementos que afectan la transcripción son los silenciadores y los enhancers, su posición y número por genes es altamente variable (*Ibíd.*, p. 15).

Actualmente se conocen mecanismos que permiten que un gen pueda utilizarse para construir distintas proteínas (procesamiento diferencial o splicing). La expresión “un gen-una enzima” se ha ido sustituyendo en la literatura científica por “un gen-muchas proteínas”. La responsabilidad de decidir qué proteína sintetizar recae sobre la compleja dinámica reguladora de la célula como un todo. Es desde esta dinámica reguladora y no desde el propio gen que la señal determina el modelo específico, por lo que la diferenciación entre el gen y el entorno se diluye cuando ambos co-especifican el producto genético (Keller y Harel, *op. cit.*).

Otra idea que se asocia con los genes es la de estabilidad, pues se afirma que el DNA sufre pocas mutaciones y que la estabilidad genotípica garantiza la estabilidad fenotípica en la ontogenia. La integridad del DNA se mantiene gracias a un conjunto de proteínas involucradas en la eliminación o reparación de errores de copia, rupturas espontáneas, etc. Sin este sistema, la replicación acumularía demasiados errores para ser consistente con la estabilidad observada en los fenómenos de la herencia (Martín, *op. cit.*).

Esto quiere decir que la estabilidad de la estructura genética parece ser resultado de un proceso dinámico orquestado que requiere la participación de enzimas organizadas en redes metabólicas complejas que regulan y aseguran la estabilidad de la molécula de DNA y su fidelidad en la replicación (Griffiths y Stotz, *op. cit.*).

De lo anterior se concluye que la estabilidad de los genes no se relaciona con una invariabilidad molecular de la estructura del DNA, sino que se concibe como una cuestión de dinámica bioquímica (Falk, *op. cit.*). Teniendo en cuenta que puede llegarse a un fenotipo por distintas trayectorias moleculares y de desarrollo, la estabilidad fenotípica debe exceder a la genotípica.

Por otro lado, se dice que el DNA se copia en las células con una sorprendente fidelidad. La replicación no es posible en ausencia de determinadas enzimas esenciales a la hora de llevar a cabo el proceso. Lo que significa que los genes ni se autorreplican, ni fabrican proteínas. Al parecer, lo que ocurre es que una compleja maquinaria de proteínas los usa como modelos para hacer otros genes. (Martín, *op. cit.*).

Una prueba de lo importantes que son los elementos regulatorios son los pseudogenes, estos segmentos de DNA carecen de la maquinaria imprescindible para la transcripción, y aunque tengan regiones codificantes completas, sin esos elementos no logran expresarse (Snyder y Gerstein, *op. cit.*). Además, aunque el DNA se pase de generación en generación, y la mayoría sea transcrito, sólo una pequeña fracción está involucrada en hacer y mantener un organismo a través de la construcción de las proteínas. Del resto del DNA se desconoce su función (Keller y Harel, *op. cit.*).

La información genética de todos los organismos se encuentra en forma de DNA y algunas veces de RNA, es conservada y pasada de generación en generación mediante la replicación del DNA. Sin embargo, ocurren errores en este proceso llamados mutaciones. Algunas veces son silenciosas, es decir, no afectan las funciones del organismo de una manera detectable; otras, afectan las características de los organismos en mayor o menor medida causando variaciones en la población (Watve y Deshpande, 1996).

Entre los distintos tipos de mutaciones están las aleatorias o espontáneas que, se piensa, no tienen un propósito y no son previstas. Luria y Delbrück realizaron un experimento con cultivo de *Escherichia coli* y demostraron su existencia en 1943. Por un tiempo se pensó que todas las mutaciones eran espontáneas. El argumento que sostenía esta hipótesis era que los organismos no pueden juzgar el ambiente y decidir que mutación será útil bajo ciertas circunstancias o cómo crearlas.

En 1988, Cairns, Overbaugh y Miller encontraron que al menos ciertas mutaciones son espontáneas pero que también existe un proceso llamado mutagénesis que se lleva a cabo por retraso fenotípico, en el cual los organismos, después de varias generaciones, expresan mutaciones que les permiten sobrevivir y adaptarse a un ambiente determinado. Los autores de este estudio declararon que los organismos no sólo saben cuándo necesitan mutar, sino que también saben qué gen mutar.

Las reacciones en la comunidad científica ante el hallazgo fueron de apoyo y otras de rechazo. Los que los apoyaban afirmaban que ya habían encontrado resultados parecidos y los que no, decían que existían varios errores en el experimento o trataban de darle una explicación distinta a los resultados. Pero lo que parecía realmente molestar a los críticos eran las implicaciones filosóficas en vez del diseño experimental; ya que al ser esto cierto ¿qué nuevas

puertas abría? Aunque después fue aceptado que las bacterias podían llevar a cabo el proceso de mutagénesis, nadie entendía el mecanismo y las especulaciones permanecieron hasta mediados de 1995 (*Ibíd.*, pp. 35-42).

El descubrimiento de la mutagénesis y las reacciones de la comunidad científica también son explicadas por el modelo kuhniano. Cuando un hallazgo desestabiliza el marco teórico de un paradigma científico, siempre hay reacciones en su contra y unas cuantas a favor, hasta que futuras generaciones e investigaciones dan la razón a una de las partes involucradas. Este hecho, que pasó a ser considerada una anomalía y terminó por convertirse en una hipótesis *ad hoc*, rechaza la teoría neo-darwinista, el determinismo genético, el DCBM y la autonomía e independencia de la que se le dota al gen.

Jablonka y Lamb (2005) consideran que los cambios en el DNA son inevitables y se deben al proceso imperfecto de copia del DNA y de los cambios que ocurren cuando algunos elementos se mueven (genes saltarines), mediante cambios químicos espontáneos o por los efectos del daño causado por los químicos producidos en las actividades celulares normales. Además, los agentes físicos externos como los rayos X, la radiación ultravioleta o agentes químicos pueden causar lesiones en el DNA. Muchos de estos químicos son conocidos por aumentar el riesgo de cáncer, que está frecuentemente asociado con cambios genéticos en las células somáticas. Cuando estos cambios ocurren en las líneas germinales de las células también pueden afectar a la siguiente generación.

2.5.3 Anomalías epigenéticas

Existen pruebas que demuestran que la ontogenia de un organismo es la consecuencia de una interacción entre sus genes, la influencia de los ambientes externos con los que el organismo entra en contacto en su vida y las interacciones moleculares de las células individuales. Esto significa que los seres vivos no están determinados por sus genes, sino que son el producto único de un proceso ontogenético vinculado con la secuencia de ambientes en los que se realiza dicho proceso. (Hall, 2003; Lewontin, 2000).

Con muy pocas excepciones, todas las células de un individuo contienen el genoma entero. Pero poseer todos los genes no es lo mismo que afirmar que todos ellos estén activados en todas

las células. Las propiedades y procesos celulares son los que regulan selectivamente la activación y represión del genoma.

Jablonka y Lamb (*op. cit.*) aseveran que aunque todas las células tienen el mismo DNA, lo que vuelve distintas a las células especializadas son cuestiones epigenéticas y no genéticas. Es decir, son consecuencias de eventos que ocurren durante el desarrollo de cada tipo de célula y determinan que genes son encendidos y cómo actúan e interactúan sus productos. Esta información es transmitida a través de lo que se llama “sistemas de herencia epigenética” (*Ibíd.*, p. 113) Es decir, lo que vuelve a las células distintas no son genes diferentes o el DNA, sino el uso distinto de la información codificada en esta molécula.

La ontogenia de la información es un tema altamente complejo debido a que existen una gran cantidad de mecanismos y factores que intervienen en ella. Así que los elementos necesarios para la creación de un organismo no están simplemente codificados en la secuencia de DNA, ésta debe ser leída por mecanismos que van más allá de la propia secuencia.

Los factores que interactúan para regular la expresión génica están muy lejos de ser sólo condiciones de entorno o un entorno de apoyo; por lo contrario, deben ser considerados igual de importantes que la molécula de DNA, ya que coespecifican la secuencia lineal del producto génico junto con ella (Griffiths and Stotz, *op. cit.*).

Por lo anterior se concluye que el modelo clásico del gen molecular como unidad funcional se basa en la noción de que el gen produce un solo polipéptido que, a su vez, tiene una función particular. Aunque se ha demostrado desde hace mucho tiempo que esto no ocurre así, en diversas disciplinas científicas aún se trabaja con esta idea.

La acción génica tiene una fuerte dependencia de su contexto, esto muestra claramente que no tiene sentido asignarle una sola función a un locus sin tomar en cuenta en qué contexto está siendo expresado. El tiempo y el lugar en el que un grupo de genes realizan o no acciones; es decir, si son o no activados, depende de la regulación de los sistemas vivos a la que están sujetos y no a la inversa. A pesar de la existente evidencia que pone de manifiesto que el contexto tiene un papel tan importante como los genes, en muchos campos científicos se sigue menospreciando su relevancia.

Por último, concluyo que el DNA no es una molécula estable, los genes no se autorreplican ni son las principales unidades de selección, los factores epigenéticos y el entorno son básicos para la ontogenia. Aun así, la información contenida en el DNA es esencial, pues sin ella ni el desarrollo, ni la vida misma podrían tener lugar. La investigación actual y sus resultados obligan a reconceptualizar el desarrollo como algo más complejo que un conjunto de instrucciones que se encuentran codificadas en el DNA.

Con lo que se ha expuesto anteriormente, resulta evidente que existe un desacuerdo general sobre qué es y qué no es un gen. Ante esto, varios investigadores han levantado la voz para realizar propuestas que lleven a una solución. En seguida presentaré algunas de ellas y analizaré las que he considerado más relevantes para esta investigación.

2.6 Propuestas de la comunidad científica ante la multiplicidad de conceptos y otras anomalías del gen

Entre las propuestas, algunas plantean que no es necesario tener una sola enunciación de gen, sino que debe haber distintas definiciones bien delimitadas que se adapten a las necesidades de distintos campos y comunidades (Griffiths y Neumann-Held, 1999; Moss, 2001) otras sugieren eliminar por completo el concepto y agregar nuevos términos que expliquen la transmisión de la herencia (Keller y Harel, 2007) también se sugiere mantener una única definición bien delimitada de gen y abandonar el concepto clásico (Fogle, 1990; Pardini y Guimarães, 1992; Stadler, *et al.*, 2009), y otras alternativas optan por no definir qué es, sino cuándo actúa (Stotz, Bostanci y Griffiths, 2006).

Griffiths y Neumann-Held (*op. cit.*) distinguen entre dos tipos de genes: el evolutivo y el molecular. El primero se refiere a una entidad teórica con un papel en particular y no necesita corresponder a tramos específicos de ADN. El segundo se considera una secuencia de DNA que codifica para un polipéptido o un RNA.

En cuanto a la estructura de estos genes, los autores no plantean nada definitivo, consideran que quizá se deba mantener la idea de una secuencia lineal. No apoyan el discurso que dicta que los genes tienen un sólo papel en el desarrollo y sugieren entender a los genes como unidades significativas de desarrollo, lo que conduce al concepto de “proceso molecular de gen”

(Griffiths y Neumann-Held, *op. cit.*), donde los genes son tratados como todo un proceso molecular, subrayando la capacidad para expresar un producto particular (polipéptido o RNA)

“el gen molecular es todo el proceso molecular subyacente a la capacidad para expresar un producto particular (polipéptido)” (Griffiths y Neumann-Held, *op. cit.*).

Esta alternativa construye condiciones epigénéticas distintas que pueden afectar la expresión del gen, utiliza un punto de vista que se orienta en el proceso de los genes, en vez de que se oriente en las sustancias, señala cómo son usados los genes, no qué son (es decir, no se enfoca en entidades físicas). Entre los problemas que enfrenta esta propuesta está el hecho de que aumenta el número de genes existentes en eucariontes debido al gran número de isoformas de polipéptidos generados por empalme alternativo.

Por su parte, Moss (*op. cit.*) los divide en Gen-P y Gen-D. El primero es un determinante de fenotipos, sin importar la secuencia molecular; el segundo, un recurso del desarrollo que es indeterminado respecto al fenotipo. Considero que el gen-P conduce al determinismo genético, al ser concebido como un recurso del desarrollo definido por una secuencia molecular específica y capacidad funcional de la plantilla.

Fogle (*op. cit.*, 1990) propone tratar a los genes como grupos de dominios del DNA. Considera que se debe abandonar el concepto de unidad clásica y sugiere que un gen esté construido por un ensamblaje de dominios integrados, tándem y superpuestos en el DNA. Por dominios se refiere a secuencias de nucleótidos que pueden ser distinguidas entre sí por las bases de sus propiedades estructurales y/o por sus actividades funcionales: exones, intrones, promotores, enhancers y operadores. Los dominios pueden ser combinados en una gran variedad de maneras para formar grupos o, en palabras de Fogle, Grupos de Dominios para la Transcripción Activa (DSAT, por sus siglas en inglés).

Con la propuesta de Fogle podrían establecerse procedimientos formales para combinar dominios en DSAT o genes tomando en cuenta, tanto como sea posible, las prácticas usadas por las comunidades científicas, pues serían ellas las que harían uso de estos dominios.

Pardini y Guimarães (1992) presentan al gen como un concepto sistémico, una combinación de una o varias secuencias de ácidos nucleicos (DNA o RNA) definidos por su sistema (la célula interactuando con el ambiente, o el ambiente solo en sistemas sub o pre-celulares) que

corresponden a un producto (RNA o polipéptido). Consideran que existe una gran cantidad de evidencia que hace que la correspondencia entre las secuencias del DNA y sus productos sea ambigua y errónea; además, varía con las condiciones espaciales y temporales en las que ocurre.

Ellos proponen que el gen sea incorporado dentro de esta dinámica, ya que no consideran adecuado anticipar los mensajes genéticos como si fueran entidades fieles a sí mismas que se encuentran esperando que se activen señales para ser expresadas (*Ibid.*, p. 716). Esta definición coloca al genoma como parte del sistema celular en vez de ser considerado la unidad fundamental de la herencia.

Esta propuesta muestra similitudes con la concepción que tiene Fogle sobre los genes como grupos de dominios de DNA, aunque la propuesta de él parece estar restringida a la molécula de DNA, mientras que los autores del gen sistémico enfatizan las dinámicas de la relación entre la información codificada y el producto de su codificación, el cual varía con las condiciones espaciales y temporales de ocurrencia. También argumentan que el significado de un segmento de DNA es relativo, dependiendo de la expresión del sistema en el que está alojado.

Otra sugerencia consiste en identificar un gen específico con una secuencia de DNA más el contexto necesario para determinar un producto genético particular (Griffiths, 2001). Por su parte, Stotz, Bostanci y Griffiths (2006) afirman que lo que es un gen depende del genoma que lo contiene y de sus interacciones con el entorno.

Keller y Harel (*op. cit.*) proponen reemplazar el concepto de gen, pues aunque aún es considerado la molécula maestra, está comprobado que sólo funciona cuando numerosas proteínas lo activan.

El primer concepto que presentan para reemplazarlo se denomina “dene”, éste intenta capturar la esencia de la transmisión genética, puede representar características más diversas del DNA que el gen y se enfoca en la estructura material de dicha molécula. También puede referirse al genoma entero del organismo o a alguna parte cuyos límites puedan ser fijos o variables, puede referirse a partes contiguas del genoma a una colección desarticulada de partes, pues no necesita ser una propiedad directa del DNA, puede representar características más complejas y todavía ser una propiedad de la secuencia. No dice nada de la función. Permite realizar una separación entre la constitución de un organismo y lo que hace dinámicamente con el material de la herencia.

Otro término nuevo sería el “bene”, que estaría relacionado con la conducta. Con él, podrían expresarse las características temporales de la conducta del organismo, características que van más allá del proceso de transcripción o de la síntesis de proteínas. El bene especifica la conducta asociada.

Los denes y benes están ligados, pues las autoras consideran que tiene poco sentido especificar un dene sin identificar las conductas con las cuales ha sido asociado. Al explicar esta conjunción llegan al concepto principal: “funtor genético” o “genitor” (factor de función genética). Un genitor relaciona a un dene particular a un bene particular. Siempre que el DNA parezca satisfacer la propiedad expresada por el dene, su conducta satisface la propiedad expresada por el bene.

Las autoras consideran que el funtor genético es leal a la biología clásica y contemporánea al abarcar muchas de las relaciones emergentes entre la estructura y la funcionalidad y conectar lo estático con lo funcional.

Me parece que esta propuesta es incompleta y hasta cierto punto se relaciona con la frase clásica “*un gen, una enzima*”, al proponer que los denes y benes se pueden relacionar gracias al genitor. Por lo que pasaría a ser: “*un dene, un bene*” lo que me parece que conduce, hasta cierto punto, al determinismo biológico.

Stadler y colaboradores (2009) plantean que la biología molecular sólo puede funcionar con un concepto de gen que esté firmemente enraizado en una secuencia de información, donde la clásica definición de gen como factor mendeliano tenga un carácter único y pueda permanecer representado e identificado en el material genómico. Ellos introducen la noción de huella genómica para referirse a las secuencias de DNA que eventualmente serán ensambladas dentro de una molécula de RNAm codificante para un polipéptido traducible.

De lo anterior podemos concluir que una parte significativa de la comunidad científica considera que este paradigma de la biología conlleva a más problemas que soluciones en la actualidad. Un número considerable de investigadores se han interesado por encontrar o plantear una solución ante la problemática que representa el definir un gen en el presente.

Basándonos en la propuesta de Kuhn, ciertos miembros de la comunidad científica están tomando consciencia de las anomalías con las que carga el gen, hecho que antecede a la crisis; por

otra parte, varios científicos (biólogos moleculares, genetistas, etc.) siguen trabajando con él y planteándose problemas dentro de su marco teórico sin importarles los problemas que varios científicos han expuesto.

Entre sus investigaciones se encuentran los OGM's. Estos inventos biotecnológicos son sumamente alarmantes, ya que sus posibles consecuencias podrían ser irreversibles y afectarían al mundo en general. Lo más preocupante de esto es que, aunque la discusión sobre qué es un gen no ha terminado, sectores empresariales han comenzado a lucrar con ellos.

2.7 ¿El concepto de gen en crisis?

Desde el punto de vista kuhniano, varios científicos han alzado la voz para declarar al concepto de gen en crisis debido a las anomalías que se le han presentado y que no logran acomodarse dentro del marco teórico de este paradigma (Falk, 1986; Fogle, 1990; Keller, 2000; Pearson, 2006; El-Hani, 2007). A continuación describiré brevemente la propuesta de Fogle (*op. cit.*, 1990) en la que intenta explicar cómo se llega a la crisis estructural del concepto de gen molecular.

2.7.1 El modelo de Fogle como posible explicación de la crisis estructural del concepto de gen molecular

Fogle (*op. cit.*) propuso cuatro modelos estructurales para explicar por qué, desde su punto de vista, el concepto de gen molecular se convirtió en problema y posteriormente desembocó en una crisis.

El primer modelo del gen molecular modelo A, (Figura 2) incluye todas las secuencias que al actuar influyen en la transcripción, como promotores, reguladores y enhancers. Este modelo se enfrenta con muchos problemas, la mayoría se relacionan con que hay distintos tipos de elementos reguladores operando en combinaciones complejas y variadas. Los factores que influyen en la transcripción, independientemente de la distancia hacia las secuencias codificantes, hacen difícil asignar empíricamente los límites de un gen, pues cuando algunos actúan afectan simultáneamente la expresión de distintos genes.

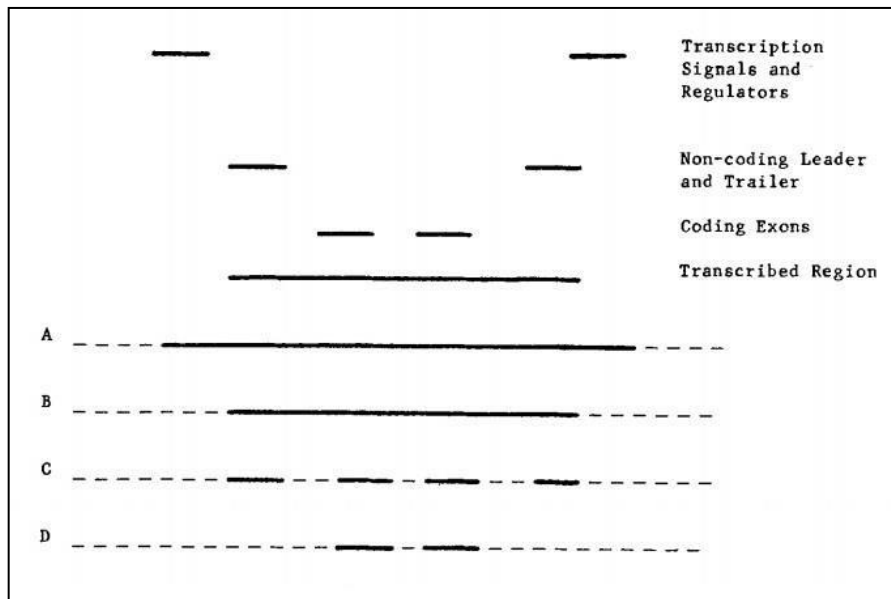


Figura 2. Los cuatro modelos del gen codificante de proteínas (Fogle, 1990). Las líneas sólidas representan las áreas incluidas en cada modelo.

En el modelo B (Figura 2), los límites estructurales de un gen están definidos por el proceso de transcripción. Este modelo enfrenta problemas como los genes interrumpidos y el empalme alternativo. Los genes interrumpidos contienen regiones codificantes –exones- y regiones no codificantes –intrones-. Los intrones son eliminados durante el empalme de RNA, en el cual los exones son combinados para formar un RNAm funcional. En este caso, las secuencias transcritas a RNA no son las mismas que las que después serán traducidas a proteínas, lo que conduce a otro problema, ya que la unidad de transcripción del modelo B es la que define al gen.

La gran mayoría de los genes de los eucariontes contienen intrones y la presencia de éstos permite la expresión de proteínas de un solo tramo de DNA por medio de empalme alternativo. El empalme alternativo de RNA vuelve necesario la modificación del esquema “un gen, una proteína” a “un gen, muchas proteínas” aunque la situación no es tan simple, debido a que los genes no eligen patrones de empalme, con lo que pierden parte de su especificidad con respecto al polipéptido que será sintetizado.

Según este modelo, un segmento de DNA será transcrito a RNA como una sola unidad, que a su vez es traducida a distintos polipéptidos, lo que lleva a la pregunta: ¿de qué segmentos consta el gen? Puede ser la unidad transcrita a RNA (transcrito primario) o la unidad que será traducida a polipéptido (RNAm maduro).

De ser así, se podría decir que un gen es la unidad traducida a un polipéptido específico. Un gen puede ser cada RNAm empalmado por la relación establecida “un RNAm maduro, una proteína”. Pero afirmar que el gen es un RNAm significaría que la existencia de los genes en el cigoto sería sólo una posibilidad, además de que se perdería la estabilidad y permanencia que tanto se le ha adjudicado al material genético. Sin mencionar que los genes no se hallarían en los cromosomas y, algunas veces, ni siquiera en el núcleo (Keller, 2000). Por lo que se concluye que este modelo no se puede sostener.

El modelo C utiliza unidades aún más pequeñas que el A y el B y es capaz de asimilar el empalme alternativo, pues califica a los exones como unidades estructurales del genoma. En este modelo un gen es un grupo de exones que comparten un transcrito común. Un desafío para este modelo son los patrones de empalme de RNA que resultan en transcritos que difieren entre ellos por la presencia o ausencia de exones correspondientes a las secuencias trailer (secuencia de nucleótidos que no se traduce localizada en el extremo 3' de RNAm, después del codón de término).

El modelo C puede ser salvado por una simple modificación que lleva al modelo D, que contiene exones codificantes. En este caso, cualquier diferencia en la longitud de las secuencias remolques se vuelve irrelevante. Pero el empalme alternativo puede afectar el tamaño y la región codificante de los exones. Se concluye que el empalme alternativo también afecta al modelo D, por lo que se deduce que ninguno de los modelos propuestos se sostiene. De esto se concluye que el concepto de gen molecular como unidad estructural está en crisis (Fogle, *op.cit.*, 1990).

Otros desafíos al concepto clásico de gen molecular son: la superposición de genes, el trans-empalme, el RNAm editado, los modos de traducción alternativa, rearrreglos genómicos, etcétera. Lo que lleva a afirmar que incluso el modelo D no se encuentra en una posición cómoda al tratar de explicar al gen como unidad estructural del genoma (El-Hani, *op. cit.*)

Según Fogle (*op. cit*) existen dos aspectos que llevan a la crisis del concepto: el primero se adjudica a las múltiples definiciones que existen para éste y la falla en reconocer las diversas arquitecturas (constitución) de los genes. Argumenta en contra de mantener el concepto de gen como una unidad, ya que él considera que este término ya no encaja con el conocimiento actual sobre la estructura y función de los genomas.

Para complementar el tema, considero necesario hacer hincapié en la importancia de los elementos irracionales para comprender el desarrollo del concepto de gen molecular.

2.8 La importancia de los elementos irracionales de un paradigma

Según Lewontin el reduccionismo biológico es:

“simplemente una reflexión de ideologías de las revoluciones burguesas del siglo XVIII que coloca al individuo al centro de todo... es la creencia que el mundo está roto en pequeños trozos y piezas, cada uno de los cuales tiene sus propiedades y las cuales cuando se juntan y combinan hacen cosas más grandes.” (Lewontin op. cit., 1995)

Como se mencionó anteriormente, la biología molecular y el gen se originaron y forman parte de los éxitos del modelo mecanicista, el cual entiende al todo separándolo en partes. Su utilidad terminó cuando empezó a producir una visión simplificada de las relaciones entre las causas y sus efectos, la cual ha conducido a un reduccionismo ingenuo y un análisis simplista. (Martín, *op. cit.*)

Al pensar que el gen es la unidad mínima de la herencia y que conocemos sus procesos de replicación y transmisión de la información, una parte de la comunidad científica considera que los conocimientos adquiridos y las herramientas desarrolladas son suficientes para manipular molecularmente a los seres vivos –los OGMs son el ejemplo más claro-.

A la idea anterior se le debe sumar el hecho de que la ciencia al ser humana se convierte en una actividad social y por lo tanto se encuentra repleta de intereses y subjetividad; es más que una institución devota a la manipulación y entendimiento del mundo físico.

Entre sus funciones se encuentra la formación de conciencias sobre el mundo político y social, donde algunos intereses externos al carácter científico (económico, político) tienen un gran poder e influencia sobre las decisiones y direcciones que tome la ciencia. Son estos elementos irracionales a los que Kuhn se refiere en su obra, elementos de los cuales la ciencia depende al formar parte de una sociedad. Por lo que se ve afectada al tener que convivir y a la vez estar a expensas de éstos.

Gracias a estos elementos, el concepto de gen puede y ha permanecido vigente, pues le ha brindado a la industria biotecnológica grandes ganancias económicas y ésta, a su vez, ha financiado numerosos proyectos científicos. Es bien sabido que entre los principales factores de los que depende la ciencia se encuentre el económico, que en una sociedad capitalista como en la que vivimos quizá sea el más importante. Por lo que generalmente los científicos acaban por hacer lo que saben hacer y lo que el tiempo y el dinero les permitan hacer.

Es en este punto donde entran otros elementos que son los intereses y la ética de los propios científicos, y en esto ya ha sido bastante claro Lewontin:

“Cuando científicos inteligentes, famosos, exitosos y poderosos son completamente devotos a la ideología de causas simples y unitarias, ellos creen en la eficiencia de la investigación y no se preguntan a sí mismos cuestiones más complicadas. La participación y control de un proyecto de investigación multimillonario que involucrará a diario el trabajo de miles de técnicos y de científicos de un bajo nivel es un prospecto extraordinariamente atractivo para un biólogo ambicioso.” (Lewontin, op. cit. 1995)

En estos dos capítulos se mostraron los fundamentos teórico-filosóficos que demuestran que la base en la que se sostienen los transgénicos es falsa. En el siguiente se analizarán los estudios que se han llevado a cabo a favor y en contra de dicho tema. También se analizarán implicaciones sociales, ecológicas, éticas y económicas, pues son temas de mucho peso en el modelo kuhniano.

Capítulo 3. Los cultivos transgénicos: productos de teorías decadentes y análisis simplistas

En este capítulo se retomará la teoría de los sistemas complejos frente a la teoría de los sistemas simples. Explicaré por qué la manufactura de los transgénicos está basada en lo que se conoce como sistemas simples, cuya aplicación recae principalmente en modelos físicos; además, se resaltaré por qué mediante esta teoría es muy difícil obtener predicciones para modelos biológicos. Con esto señalaré como el DCBM realiza predicciones que, debido al conocimiento que se ha generado en los últimos cincuenta años, no son suficientes para poder explicar la transmisión de la herencia en los organismos.

Se hará un breve resumen de la historia de los cultivos transgénicos y de los estudios que se han realizado a favor y en contra de éstos, así como de sus posibles beneficios y perjuicios en la salud y el medio ambiente. El objetivo es poner de manifiesto la crisis kuhniana por la que, en mi opinión, atraviesan tanto el DCBM como el concepto de gen, para concluir que los cultivos transgénicos que se producen y con los que se lucra, además de que afectan al ambiente y a los organismos, recaen sobre una base que ha dejado de ser un modelo único y confiable para explicar el complejo proceso hereditario.

3.1 El organismo como sistema abierto y complejo

Para von Bertalanffy:

“la física ordinaria sólo se ocupa de sistemas cerrados que se consideran aislados del medio circundante... Todo organismo viviente es ante todo un sistema abierto. Se mantiene en continua incorporación y eliminación de materia, constituyendo y demoliendo componentes, sin alcanzar, mientras la vida dure, un estado de equilibrio químico y termodinámico, sino manteniéndose en un estado llamado uniforme que difiere de aquél”. (Bertalanffy, 2006).

El autor destaca la importancia que tiene el intercambio de los organismos con el ambiente y con esto pone de manifiesto lo errático que sería analizar a los seres vivos siguiendo las leyes de la física mecanicista clásica. Continúa explicando:

“En cualquier sistema cerrado el estado final está inequívocamente determinado por las condiciones iniciales... si se alteran las condiciones iniciales o el proceso, el estado final cambiará también... en sistemas abiertos puede alcanzarse el mismo final partiendo de diferentes

condiciones iniciales y por diferentes caminos, a esto se le llama equifinalidad, y tiene significación para los fenómenos de regulación biológica... la equifinalidad contradice las leyes de la física.” (Ibíd., p. 40).

Señala que los métodos usados por la física clásica no funcionan para la biología. Sin embargo, el DCBM explica el proceso de transmisión de la información como si ocurriera en un sistema cerrado, donde sólo existe un comienzo (DNA) que a su vez, es el único medio por el que se puede llegar al final deseado (una proteína) sin importar lo que ocurra en el exterior de éstas moléculas.

De igual manera ocurre cuando hablamos de genes, pues se entienden como unidades que portan determinada información que será expresada por el organismo sin importar las condiciones de su entorno y sin afectar su dinámica. Para que los genes funcionaran así tendrían que encontrarse en un sistema cerrado, pues dichos sistemas:

“no elaboran estructuras, no crean nuevas relaciones, no redefinen sus relaciones de acuerdo con experiencias, carecen de autonomía y auto-regulación.” (González-Casanova, 2005).

Los seres vivos no son sólo sistemas abiertos, también son sistemas complejos que realizan intercambios con el medio externo y carecen de límites bien definidos.

“Hay algunos sistemas que se mantienen estacionarios, las relaciones entre sus elementos fluctúan, sin que se transforme su estructura. Hay dos tipos de estados estacionarios: los que corresponden a situaciones de equilibrio, y los que, alejados del estado de equilibrio, se mantienen estacionarios por la acción de los intercambios con el medio (organismo biológico).” (García, 2006).

Los elementos que componen a un sistema complejo son interdefinibles, dependientes y se determinan mutuamente. Pueden constituir subsistemas que son considerados unidades complejas que interactúan entre sí (*Ibíd.*, p. 49). Con esto se infiere que todos los elementos de un sistema complejo están estrechamente relacionados, por lo que alguna perturbación, cambio o modificación, externa o interna, como el agregar trozos de DNA de una especie a otra, puede o podría traer consecuencias no previstas:

Todo sistema abierto está sometido a distintos tipos de perturbaciones. Dichas perturbaciones pueden ser exógenas (modifican las condiciones de contorno) o endógenas

(modifican algún parámetro que determina las relaciones dentro del sistema). Si son amortiguadas o incorporadas al sistema, se dice que el sistema es estable con respecto a dicha escala de perturbaciones. Cuando no ocurre ninguna de las dos, el sistema se torna inestable y ocurre una disrupción en su estructura. (Ibíd., pp. 61-62).

Desde mi punto de vista, García describe muy bien la dinámica interna de los seres vivos y las relaciones que mantienen sus subsistemas. Primero manifiesta que al estudiar un sistema complejo, lo que realmente se estudia son sus procesos, que ocurren a distinto nivel del sistema. Éstos están vinculados entre sí por relaciones estructurales, cuya interacción no es mecánica ni lineal, y...

“cuando las perturbaciones provenientes de un subsistema exceden un cierto umbral, ponen en acción mecanismos del siguiente nivel, los cuales obedecen a una dinámica propia que puede actuar como reguladora, contrarrestando la perturbación, o bien puede desencadenar procesos que reorganizan la estructura. El efecto que se obtenga sobre la estructura del segundo nivel está regido por sus condiciones de estabilidad y no guarda relación directa con las perturbaciones que lo originaron y que sólo desencadenan el proceso” (Ibíd., p. 63).

Esto aplica para los organismos genéticamente modificados, ya que al introducirles un gen ajeno, se puede poner en acción más de un subsistema, un ejemplo de esto es la posible interacción entre los transgenes (genes incluidos en el paquete transgénico) y los genes de la planta transgénica llevando a fenómenos como la epistasis o la pleiotropía, pues la inserción de transgenes se lleva a cabo de manera aleatoria (UCCS, 2013).

Con lo anterior se concluye que los procesos que ocurren en los seres vivos son demasiado complejos para que se intenten explicar mediante teorías o modelos simples y unidireccionales como el DCBM, pues se evidenció que los procesos celulares no son independientes, ni lineales, ni autónomos; son una dinámica tan compleja que aún no ha podido ser totalmente explicada por la ciencia.

Teniendo lo anterior en cuenta, se expondrá brevemente los métodos y procesos científicos que se han realizado con el fin de mejorar la producción agrícola. Analizaré de manera más profunda a los cultivos transgénicos, principalmente a los que se realizan con un fin alimenticio, como el maíz.

3.2 Agricultura y selección artificial

Desde el inicio de la agricultura, el humano ha desarrollado métodos de cultivo y selección para lograr que las siembras resulten en su beneficio, ya sea para obtener una mayor producción, resistencia a agentes bióticos y/o abióticos, etc. A este proceso se le conoce como fitomejoramiento. Científicamente tiene su inicio con los experimentos de Mendel; entre sus objetivos está incrementar el rendimiento, reducir posibles pérdidas ocasionadas por plagas y enfermedades y disminuir los costos de producción. Con esto, se comenzaron a producir cultivos mejorados mediante cruces dirigidas donde los individuos que poseen una característica deseada son seleccionados y cruzados hasta que se obtiene una generación portadora de dicha característica. Estos individuos se consideran una nueva variedad (Herrera-Estrella, 2004).

Es decir, la agricultura utiliza la selección artificial con el propósito de obtener organismos con ciertas características deseadas. Esta es la manera tradicional con la que se ha ido transformando la agricultura aunque a lo largo de la historia ha sufrido modificaciones. Diversos factores - ambientales, económicos, sociales, políticos- intervienen en la agricultura, y la necesidad humana de incrementar la producción ha llevado a experimentar alternativas agrícolas. Una de éstas fue la llamada revolución verde, practicada en la década de 1950. Tuvo como propósito principal aumentar la producción agrícola por medio de nueva tecnología.

3.3 La revolución verde

Utilizó técnicas sin precedentes como la selección genética de variedades de cultivo de alto rendimiento, nuevas formas de riego, uso masivo de fertilizantes químicos, herbicidas, pesticidas, tractores y maquinaria pesada. Se realizó con la ideologizada misión de acabar con el hambre - aunque incrementar la producción de alimentos no garantiza su distribución equitativa-, es una modificación radical de las prácticas agrícolas, donde el conocimiento tecnológico suplantó al empírico (Bejarano, 2002).

Su expansión ocurrió al término de la Segunda Guerra Mundial. Las industrias acumularon innovaciones tecnológicas bélicas que pasaron a ser utilidades civiles; un ejemplo son los agrotóxicos que son producto de la industria químico-biológica dedicada a crear armas de este tipo (Pichardo González, 2006).

En los primeros años, el objetivo principal de la revolución verde era llevar el “progreso” al campo, y así transformar la agricultura tradicional adoptando insumos y técnicas industriales. Theodore Schultz -uno de los ideólogos de la revolución verde- planteaba que la revolución verde haría que el individuo pasara a dominar la naturaleza (Schultz, 1964).

Norman Borlaug, considerado el pionero de la revolución verde, aseguraba que el éxito de ésta dependía del permiso para usar fertilizantes químicos. Defendía el uso del DDT y afirmaba que la ciencia ayudaría a incrementar la producción de cultivos alimenticios y a protegerlos contra fenómenos físicos y biológicos. Suponía que la revolución verde resolvería problemas sociales al brindar alimentos suficientes para la humanidad (Borlaug, 1972).

La revolución verde tuvo como consecuencias: contaminación de suelos y aguas, insectos que no eran plaga se convirtieron en ella, eliminación de diversas plantas por ser consideradas maleza, pérdida del 75% de las semillas nativas de muchos cultivos para alimentación humana a nivel mundial al ser sustituidas por semillas híbridas, incremento en el número de plagas, aumento del uso de fertilizantes en un 1290%, mientras que la productividad sólo aumentó 4.9% y erosión de suelos agrícolas (Covantes Torres, 2004; Ceccon, 2008). Ana Primavesi (1984) afirma que la principal causa de esa erosión es la agricultura que utiliza tecnología destructiva, pues al utilizar agrotóxicos y fertilizantes esteriliza el suelo, reduce su actividad microbiana y contamina aguas subterráneas, lo que lleva a desequilibrios biológicos.

La revolución verde no fue positiva para la mayoría de los campesinos en el tercer mundo. Ofrecía semillas que en condiciones ideales y con grandes cantidades de agrotóxicos y fertilizantes eran muy productivas pero ante la falta de alguno, las probabilidades de fracaso eran enormes. Décadas después, agricultores de todo el mundo no tienen aún acceso a esta tecnología o al crédito para su obtención y muchos otros han sido expropiados de sus terrenos, lo que conduce a modelos organizacionales con moldes empresariales (Trujillo Arriaga, 1990).

Las variedades que ofrecían presentaban una gran uniformidad genética. Esta similitud las volvió vulnerables a enfermedades y plagas; contrario a las especies nativas que cuentan con una gran diversidad genética (Eckholm, 1978). La desaparición de variedades es otra consecuencia de la erosión genética (De Ita Rubio, 2004).

Antes de la revolución verde el flujo génico de los cultivos era unidireccional e iba de los países subdesarrollados a los desarrollados, pero desde 1950 coexiste un equilibrio en dicho flujo con la exportación de semillas de los países industrializados hacia el Tercer Mundo. Actualmente los recursos genéticos salen de países subdesarrollados como herencia de la humanidad y regresan a ellos como propiedad privada con valor de mercado. Esto es debido a la aprobación y reconocimiento de derechos legales de propiedad privada sobre el germoplasma de las plantas (Ceccon, *op. cit.*).

La revolución verde se convirtió en un paradigma tecnológico al brindar oportunidades de innovación que modificaron, revolucionaron y modernizaron la forma de realizar y entender la agricultura al incluir contenido tecnológico consistente en variedades de alto rendimiento obtenidas a través del mejoramiento genético convencional -cuyo paradigma científico es la herencia mendeliana- y el uso intensivo de insumos tecnológicos como fertilizantes y agroquímicos (Barrera, 2011).

Después de casi sesenta años de revolución verde se conocen sus consecuencias y logros. Este método es el primer paso que dio la industria para adentrarse y empoderarse de la agricultura. Con esto podemos formarnos una idea de los posibles impactos que los cultivos transgénicos pueden traer, ya que algunas personas los consideran la base de una “segunda revolución verde” (Trujillo Arriaga, 1990; Ceccon, 2008).

3.4 De la “green revolution” a la “gene revolution”: los cultivos transgénicos

Noman Borlaug también apostó por los cultivos transgénicos como herramienta para combatir la hambruna mundial, independientemente de que numerosos estudios indican que este problema se debe a problemas sociales, económicos y políticos (Ceccon, *op. cit.*; Toledo, 2004). Entre los beneficios que les veía estaban la disminución de uso de insecticidas, reducción de costos de producción y ventajas ambientales. Opinaba que no se debe regresar a métodos agrícolas antiguos que satisfacían las necesidades de poblaciones mucho más pequeñas que las actuales (Borlaug, 2000).

Los transgénicos son un producto que pertenece a la investigación corporativa. Las instituciones públicas o académicas que realizan este tipo de investigaciones siguen las pautas que establecen las privadas, lo que lleva a la concentración del poder económico, tecnológico y

científico. Con esta tecnología se pretende que los cultivos agrícolas puedan generar productos útiles para la industria química, alimenticia y farmacéutica. Es aquí donde entra la ingeniería genética.

Esta rama de la biología molecular permite manipular la información genética de cualquier ser vivo y supuestamente termina con los límites de la incompatibilidad sexual al permitir la introducción de genes de una especie a otra. Se basa en el principio que postula al código genético como universal, en el DCBM y el concepto clásico de gen molecular.

Como vimos anteriormente, al tomar el reduccionismo como método científico para analizar sistemas complejos, los modelos que se diseñan para estudiarlos se derivan de pensamientos simples, por lo que terminan por ser insuficientes. Un ejemplo de esto son las bases teóricas de los OGMs, que fueron analizadas en los capítulos anteriores. Con base en ellas se pretenden solucionar limitaciones y problemas de la tecnología agroquímica, es decir, pasar de la “*green revolution*” a la “*gene revolution*” (Toledo, *op. cit.*).

3.5 La ingeniería genética, un híbrido entre ciencia y tecnología

Cuando los científicos investigaron y describieron las características que posee el DNA y las propiedades de las enzimas de restricción, se hicieron posibles los experimentos de hibridación de moléculas de DNA, abriendo las puertas al desarrollo de técnicas moleculares de manipulación del DNA mediante la ingeniería genética, que surgió como una rama de la biología molecular (Barahona, *op. cit.*).

La recombinación de DNA ocurre de manera natural mediante reproducción sexual, transformación bacteriana e infección viral. Abarca dos procesos que son el cambio de la composición de nucleótidos del DNA y la selección de combinaciones del mismo.

En la reproducción sexual el cambio genético permite formar nuevas combinaciones genéticamente únicas, mientras que en la transformación bacteriana hay procesos que permiten transferir genes entre especies, pasa lo mismo con una infección viral. Dichos métodos comparten el proceso del DNA recombinante (*Ibíd.*, pp. 22-23).

La ingeniería genética, que de acuerdo con Barahona es:

“un conjunto de técnicas que se encargan de la recombinación del DNA en el laboratorio, basadas en la manipulación directa de los genes o segmentos de DNA que codifican para una proteína deseada y de sus mecanismos de expresión. Esta recombinación no se puede llevar a cabo sin las enzimas de restricción ya que son ellas las que cortan determinada secuencia de cualquier origen formando sitios idénticos y complementarios cuya finalidad última es poder añadir nuevas funciones a los organismos.” (Ibíd., p. 11).

Toma también al DCBM como su paradigma y aunque no es posible considerarlo su “paradigma único” sí es una de sus bases teóricas principales. La ingeniería genética forma parte de las tecnociencias, y uno de sus rasgos principales es que depende económicamente de la industria, por lo que dentro de esta rama tienen un peso enorme los factores irracionales a los que se refiere Kuhn –que también pueden estudiarse como otras racionalidades-.

Aunque se cuenta con una cultura científico-tecnológica, también se introducen representaciones, normas y valores de grupos que no participan ni en las prácticas científicas ni en las tecnológicas y que tienen su propia cultura. Sin la recuperación que hizo Kuhn del sujeto en la ciencia por medio de las comunidades científicas, sería muy difícil mantener una perspectiva sobre la cultura científica, aunque también es conveniente complementarla con un enfoque en torno a las prácticas sociales (Olivé, *op. cit.*).

Con el rápido desarrollo de esta disciplina han surgido controversias de carácter ético, ecológico, social y económico, ninguna de ellas despreciable. La mayoría se relaciona a la introducción de organismos genéticamente modificados (OGMs) al medio ambiente y del supuesto potencial que pueden tener para crear cambios significativos en el genoma de los seres vivos y en el medio.

Por ejemplo, al sembrar un transgénico, el entorno es invadido por transformaciones sociales y ambientales que provoca la ingeniería genética como práctica tecnocientífica dominada por intereses y valores económicos que en el contexto globalizado en que vivimos afectan casi a todas las prácticas de todas las sociedades y culturas. En conclusión, los sistemas tecnocientíficos tienen la capacidad de transformar el entorno donde son colocados, y esto incluye cambios en ciertas prácticas sociales y por tanto en el entorno en que se desenvuelven esas prácticas (*Ibíd.*, p. 147)

Olivé Morett (2013) asevera que la tecnociencia ha producido la globalización, al menos en la acepción dominante hoy en día. Un rasgo central y prueba de esto es la interdependencia económica y el cambio cultural de todos los países y regiones del planeta, debido en gran medida al desarrollo de las tecnologías de la información y la comunicación, con lo que se ha generado un traslape de los dominios ontológicos y de acción de prácticas sociales que realizan distintos grupos. De ahí que muchos problemas sean comunes a muchas prácticas en diferentes partes del mundo.

Aún quedan demasiados debates que tendrán gran relevancia en el futuro de la ingeniería genética, tal es el caso de los alimentos transgénicos. Actualmente existe una gran controversia y las opiniones emitidas son extremas: un sector de la comunidad científica los apoya mientras que el otro los rechaza. La solución que se dé debe basarse en el estudio y análisis de todos los factores que involucra: éticos, sociales, económicos, culturales, etc., a fin de que las decisiones que se tomen sean más completas e informadas.

3.6 Manipulando la naturaleza: métodos de transformación genética en plantas

La ingeniería genética manipula de manera directa el material de la herencia y sus productos mediante el uso de técnicas de genética molecular que parten del descubrimiento del DNA, de las proteínas que lo cortan (enzimas de restricción), de otras que lo pegan (ligasas) y del proceso de clonación mediante el ligado de construcciones quiméricas (compuestas por fragmentos de DNA procedente de diferentes seres vivos) en vehículos (como plásmidos o fagos) que se introducen o infectan bacterias que al reproducirse dan lugar a múltiples copias de la construcción en cuestión. El conjunto de estas técnicas permite combinar fragmentos de genomas de organismos filogenéticamente distantes que no se combinarían normalmente (Alavez, *et al.*, 2013).

Con el mejoramiento de las técnicas de transformación en plantas se produjeron las primeras plantas transformadas en la segunda mitad de la década de 1980. En un inicio se pensaba que la información contenida en el DNA era todo lo necesario para saber cómo se construyen los seres vivos y así poder transformarlos para lograr cambios dirigidos. Actualmente se sabe que no es suficiente para especificar todos los tipos celulares, estructuras y funciones de un ser vivo; la información generada en niveles superiores también es muy importante, así como la epigenesis y las secuencias e interacciones intergenéticas (*Ibíd.*, p. 64).

Sin embargo, todas las plantas transgénicas generadas hasta ahora se han hecho con base en el paradigma de que un gen es responsable de una proteína en particular y que su efecto en la planta depende sólo de sí mismo, como si estuviese aislado del medio genómico y celular en que se produce (*Ibíd.*, pp. 64-65).

Los mecanismos de transformación genética creados y actualmente utilizados se dividen en métodos indirectos y directos, dependiendo del mecanismo utilizado para la transferencia del material genético hacia la célula vegetal. Estos han sido desarrollados con el propósito de transferir ADN foráneo a células o tejidos vegetales. Para generar y regenerar organismos transgénicos se ocupan técnicas de cultivo de tejidos que permiten regenerar plantas completas a partir de una célula o tejido (Rao, *et al.* 2009).

3.6.1 Métodos indirectos

Utilizan vectores biológicos con patogenicidad natural hacia las plantas para introducir genes foráneos al genoma vegetal. En estos sistemas es muy utilizada la bacteria *Agrobacterium tumefaciens* (*Ibíd.*, p. 755). En seguida se describen brevemente algunas técnicas de transformación de plantas.

3.6.1.1 Sistema *Agrobacterium*

El primer método creado para transformar células vegetales nació al estudiar con detenimiento el mecanismo de infección de la bacteria fitopatógena *Agrobacterium tumefaciens* y desde entonces se han estudiado los mecanismos de transferencia de DNA para moldear este sistema y poder transferir genes a plantas (Birch, 1997).

Este género fue seleccionado debido a su capacidad para infectar diversos organismos vegetales. Fue el primer sistema de transferencia de genes en producir una planta modificada genéticamente en 1983 (Herrera-Estrella, *et al.*, 1983).

Este sistema requiere de un periodo de co-cultivo en el que la cepa *Agrobacterium* -que contiene los genes de interés- es puesta en contacto con el tejido vegetal a transformar. Posteriormente, el tejido es transferido a un medio de cultivo que propicie su regeneración hasta obtener una planta completa. Para lograrlo es necesario agregar hormonas vegetales o reguladores de crecimiento como citoquininas que originan la división celular en cultivos de tejidos no

meristemáticos e inducen la formación de órganos o auxinas, que promueven la división celular. Este cultivo también debe contener antibióticos para eliminar a *Agrobacterium* cuando ya no sea requerida (Eapen, 2008).

Este sistema es el más empleado en la producción de plantas transgénicas y tiene como ventajas la simplicidad técnica de los protocolos, el no requerir de equipos sofisticados y la posibilidad de emplear diferentes tipos de tejidos vegetales. Pero también posee desventajas, como el tener que eliminar a la bacteria de los tejidos infectados mediante el uso de antibióticos, el limitado rango de hospederos susceptibles a la infección y los múltiples factores que pueden afectar la regeneración de la planta (el balance de los reguladores de crecimiento, su estado fisiológico y las condiciones de luz y de temperatura a la que son sometidos) (Díaz Granados y Chaparro-Giraldo, 2012).

3.6.1.2 Vectores virales

Algunos virus que afectan ciertas especies vegetales son empleados como vectores en la transformación de cultivos. Son modificados para transportar el gen de interés al interior de las células vegetales.

Entre sus ventajas están: facilidad de infección, amplio rango de hospederos, altos niveles de producción de proteína, mayor velocidad en la expresión y una transmisión de los genes por toda la planta y no únicamente a una célula. Sin embargo, también existen varias limitaciones importantes: como que el tamaño del gen de interés debe ser restringido para que no afecte la infectividad, pueden provocar síntomas específicos de enfermedad o ser letales para la planta, tienen una alta frecuencia de errores durante la síntesis del RNA que puede llevar a la expresión incorrecta del gen introducido, a que no se integre al genoma vegetal o a que no se transfiera a la descendencia (Gleba, *et al.*, 2004).

3.6.2 Métodos directos

Debido a la dificultad de transformar monocotiledóneas por medio de *Agrobacterium*, se desarrollaron sistemas de transferencia de genes en los que se emplean procedimientos de naturaleza química, fisicoquímica y mecánica (Rao, *op. cit.*). En seguida se describen brevemente algunos.

3.6.2.1 Liposomas

Están conformados por bicapas de lípidos. Poseen características similares a las membranas biológicas y tienen una tendencia natural a ligarse a células y tejidos al interactuar con éstos por absorción, fusión o intercambio lipídico. Es uno de los métodos más difíciles y, aunque en un principio mostró ser eficaz, su utilización ha sido muy limitada. En este método, el DNA foráneo es encapsulado en una esfera lipídica (liposoma) y por endocitosis se interna en la célula vegetal (*Ibíd.*, p. 758).

Entre sus ventajas están: protección contra la degradación por nucleasas, capacidad de portar grandes fragmentos de DNA, biocompatibilidad con membranas y el no requerir de un portador para el DNA. Los problemas que conlleva son: muy baja frecuencia de transformación, inserción del DNA en tándem, preparación de liposomas y encapsulación del material genético a transferir (Díaz Granados y Chaparro-Giraldo, 2012).

3.6.2.2 Biobalística

En 1987, se diseñó un acelerador de partículas que bombardea células o segmentos de tejido vegetal con micropartículas (microesferas hechas de oro o tungsteno, con un diámetro entre 0,4 μm y 4 μm) recubiertas del DNA que se desea transferir. Una vez que estas microesferas están preparadas, son disparadas sobre tejidos vegetales a altas velocidades. Atraviesan la pared y la membrana celular y llevan al interior de la célula los genes de interés para su posterior integración en el genoma vegetal. Con este método se han modificado arroz, maíz y otros vegetales de importancia alimenticia (Sanford, 2000).

El disparo se realiza con una pistola especial que lanza las partículas a más de 400m/s y penetran sin destruir la membrana celular. Según la localización de los microproyectiles en la célula, el DNA se puede integrar en núcleo, cloroplastos o mitocondrias mediante recombinación al azar. Finalmente, las plantas se regeneran con técnicas de cultivo (Díaz Granados y Chaparro-Giraldo, *op. cit.*).

El bombardeo de micropartículas permite introducir el DNA sin necesidad de vectores especializados y en cualquier tipo de tejido o célula. Con un disparo pueden producirse múltiples integraciones. Por otra parte, tiene un porcentaje de éxito variable, ya que puede causar silenciamiento génico; también se ha documentado que muchas veces no se consigue una

introducción estable del transgén y presencia de rearrreglos en el DNA transferido; además puede causar daños en los tejidos, una última desventaja nada despreciable para la tecnociencia es lo costoso del sistema (Danilova, 2007).

3.6.2.3 Electroporación

Tiene por objetivo desestabilizar las membranas y originar una pérdida temporal de la permeabilidad produciendo poros reversibles por los que se produzca el paso de macromoléculas, fuga de iones, escape de metabolitos y mayor absorción de DNA por parte de las células. En esta técnica, un electroporador origina una corriente eléctrica que pasa a través de una suspensión que contiene al DNA foráneo y a las células cuyas membranas se permeabilizarán para facilitar su entrada; este DNA se encuentra contenido en un plásmido (Fox, *et al.*, 2006).

Si la fuerza del campo eléctrico aplicado y la duración de la exposición al mismo se eligen correctamente, los compuestos extracelulares tienen la oportunidad de entrar a la célula; sin embargo, una exposición excesiva puede causar daños irreversibles a las membranas, causando la muerte de las células (Chen, *et al.* 2006).

El proceso de electroporación es de fácil operación, relativamente simple y se utiliza con frecuencia. La principal limitación que presenta es la necesidad de emplear protoplastos para que se pueda llevar a cabo la permeabilización de la membrana plasmática, lo que involucra técnicas de cultivo tediosas (Mohan Babu, *et al.* 2003).

3.6.2.4 Transferencia mediada por compuestos químicos

Es una de las metodologías más empleadas para introducir DNA foráneo en protoplastos y en células intactas. Utiliza compuestos químicos en concentraciones y condiciones preestablecidas que inducen permeabilidad en la membrana de las células vegetales.

Entre los compuestos químicos más empleados se encuentra el Polietilenglicol (PEG). Esta sustancia incita la formación de poros transitorios o daños reversibles a la membrana, para que el DNA foráneo y otras macromoléculas puedan pasar a través de la membrana. Pese a que este sistema presenta baja eficiencia y requiere de protoplastos se continúa empleando (Danilova, *op. cit.*).

3.6.2.5 Fibras de carburo de silicón

El DNA foráneo es introducido en células vegetales a través de poros o agujeros hechos por fibras de carburo de silicón que actúan como microagujas. Su tamaño, forma y composición no ocasionan daño alguno a las células.

Esta introducción se logra por medio de una fuerte agitación del cultivo celular en suspensión y por fuerzas hidrodinámicas. Esta técnica es rápida, sencilla y poco costosa. Rao (op. cit) sugiere que se debe ensayar con nuevos materiales fibrosos que mejoren los resultados obtenidos y permitan eliminar el uso de carburo de silicón, el cual es tóxico.

3.6.2.6 Microinyección

Es una de las técnicas más precisas para la introducción de DNA foráneo o de macromoléculas dentro de compartimentos intracelulares. Utiliza microcapilares o microagujas de vidrio y sistemas de microscopia para depositar el DNA foráneo en el interior de las células. También puede inyectar otros elementos genéticos, como plastidios, mitocondrias y cromosomas.

Con esta técnica se puede optimizar la cantidad de DNA descargado y escoger la célula a transformar, el proceso se realiza bajo control visual. Una gran desventaja es que sólo una célula recibe el DNA por cada inyección (Mohan Babua, *op. cit.*).

Los métodos más empleados son la transformación mediada por *Agrobacterium* y la biobalística, tanto para usos experimentales como para usos comerciales (Díaz Granados y Chaparro-Giraldo, *op. cit.*).

3.7 Las obsoletas bases teóricas de las técnicas moleculares

Las bases científicas que permiten a la Ingeniería genética suponer que todos estos presupuestos se puedan cumplir, son las tres siguientes (Montell, 2004):

- I. El protagonismo total y único lo tiene el DNA.
- II. Esta molécula rige el DCBM: el flujo de información genética va unidireccionalmente en sentido DNA → ARN → proteína.
- III. El único DNA que cuenta es el del núcleo.

Con los métodos anteriormente descritos se obtiene una gran cantidad de plantas transgénicas en poco tiempo, mismas que pueden acumular mutaciones somáticas con pobre diversidad genética, lo cual disminuye la capacidad de defensa a factores bióticos y abióticos, por lo que, cuando dejan las condiciones de laboratorio y son puestas bajo condiciones agrícolas, estas plantas tienen que estar acompañadas de químicos como herbicidas, fungicidas e insecticidas que suplan estas deficiencias.

Las técnicas desarrolladas para la transformación de plantas utilizan procesos y herramientas distintas. A pesar de cuentan con múltiples diferencias, todos presentan el mismo problema: una bajísima eficiencia de transformación (Rao, *op. cit.*).

Esto quiere decir que los métodos disponibles para transferir construcciones genéticas a la célula no permiten determinar el sitio de inserción del transgén en la célula receptora. La localización del inserto puede influir en la función del DNA y producir efectos desconocidos sobre los propios genes del receptor.

Plantas idénticas genéticamente pueden tener formas y fisiologías diferentes debido a que el transgen se insertó en distintos sitios del genoma de manera aleatoria, por lo que se deben generar muchas líneas transgénicas independientes (Dávila-Velderrain y Álvarez-Buylla, 2015). Lo anterior resulta de la imposibilidad de controlar el sitio de inserción de un transgén y del efecto que tiene sobre éste su contexto genómico.

La alta tasa de fracaso también es una prueba de la inestabilidad del genoma, pues después del proceso de reorganización se obtienen distintos resultados y esto no encaja con la metáfora del programa genético. Mediante estas técnicas se consigue que el organismo receptor exprese ciertas características, pero no se pueden predecir, ni mucho menos controlar los procesos de reorganización que experimentará con las técnicas de inserción del gen. Esto tiene como consecuencia la reorganización genómica azarosa que impide formar al organismo transgénico deseado y predicho por la teoría (Mendiola, 2006, p.316).

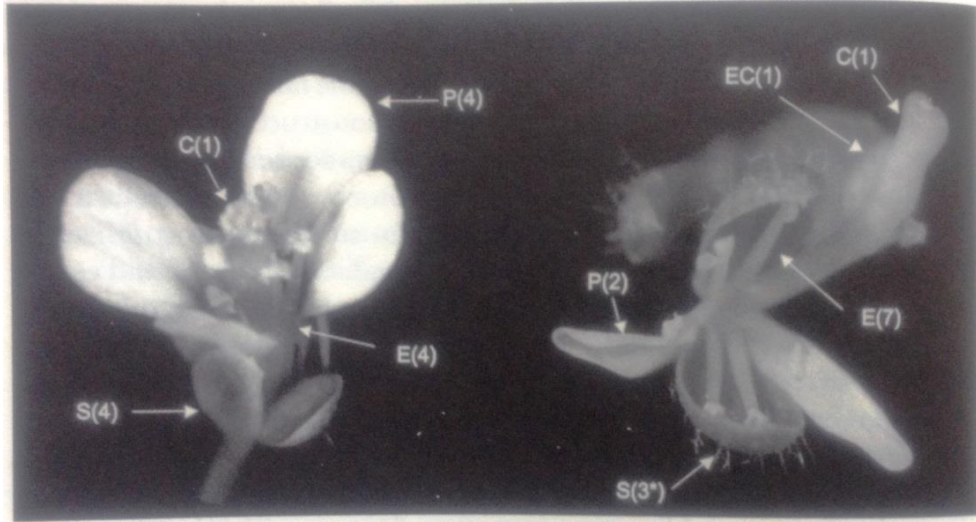


Figura 3. Plantas hermanas transgénicas de *Arabidopsis*. Pueba de que distintos fenotipos pueden obtenerse durante el mismo evento de transformación. Las dos plantas poseen el mismo genoma. Tomado de Álvarez-Buylla y Piñeyro, 2013.

Los cultivos transgénicos comerciales son seleccionados por las compañías *a posteriori*, y sólo eligen líneas con el fenotipo adecuado a sus fines, después establecen líneas puras y distribuyen sus semillas para su venta, exigiendo a los agricultores que devuelvan las sobrantes y compren semilla nueva cada año (Álvarez-Buylla, Piñeyro Nelson, *et al.*, 2013).

Con las técnicas de transgénesis actuales, diversas variantes son producidas en cada evento de transformación, las cuales tienen sitios diversos de inserción y un número variable de copias completas o parciales de DNA insertas. Versiones aberrantes como vectores truncados o rearrreglados pueden influenciar la integridad y funciones del genoma receptor. Estos efectos no pueden ser predichos y pasan desapercibidos en las pruebas convencionales (Filipecki y Malepszy, 2006; Latham, *et al.*, 2006).

Los impactos producto de inserciones no caracterizadas no pueden predecirse, ya que los sitios de inserción y el contexto genómico son diferentes. Álvarez-Buylla y colaboradores (2013, p. 120) enlistan una serie de posibles consecuencias impredecibles producto de la inserción de DNA foráneo en una célula u organismo:

- Desestabilización del genoma receptor.
- Cambios en los niveles de expresión de genes.

- Surgimiento de nuevos productos génicos y variación en propiedades del transgénico.
- Variaciones en el fenotipo.
- Producción de nuevos RNAs y proteínas recombinantes.
- Cambios en la estructura cromatínica, en patrones de metilación del DNA o extensión de patrones de metilación de transgenes a genes endógenos (efectos epigenéticos).
- Introducción de nuevos elementos reguladores (promotores, inhibidores, etc.)
- Silenciamiento o sobreexpresión de genes.
- Expresiones alteradas de los propios genes del organismo receptor.
- Alteración de variables geográficas, químicas y ecológicas del medio ambiente.

A estos riesgos se les deben añadir los derivados de la posible fragmentación de una construcción transgénica al ser introducida a una planta. Esto es bastante común cuando se usan métodos de transformación por medios físicos como la biobalística (*Ibíd.*, p. 121).

Durante el proceso de transgénesis también pueden inducirse cambios epigenéticos en las células (metilación del DNA y modificaciones en las histonas), promover mecanismos mutagénicos relacionados con el estrés que conllevan cambios genéticos como poliploidía, aneuploidia, rearrreglos cromosomales, recombinación somática, amplificación de genes, mutaciones puntuales e inserciones de retrotransposones. (Filipecki y Malepszy, *op. cit.*)

El aumento en la labilidad e inestabilidad genómica puede ser resultado del daño físico producido en el DNA del genoma receptor al introducirle construcciones transgénicas por medios físicos. En biobalística se rompe la cubierta celular, nuclear y la integralidad del DNA al introducir partículas a alta velocidad. Estos efectos potenciales, producto de la transgénesis, han sido advertidos pero no se han documentado rigurosamente (Álvarez-Buylla, Piñeyro Nelson, *et al.*, *op. cit.* p. 123).

Estas técnicas para transformar plantas son producto de la biología molecular como ciencia normal, la cual desarrolla métodos que se ajustan al marco teórico establecido por sus principales paradigmas: el DCBM y el concepto clásico de gen molecular.

Este marco teórico supone que los genes determinan la conducta celular por medio de GPM (mapeo uno a uno entre genotipo y fenotipo uno a uno) y codifican para proteínas que determinan de manera directa los fenotipos. Sin embargo, se ha dejado claro en los dos primeros capítulos que estos paradigmas constituyen teorías obsoletas sobre la manera en que se transmite la información hereditaria.

La ingeniería genética favorece el desarrollo de métodos que entienden procesos complejos mediante la separación y seguimiento de algunas rutas y moléculas. Sin embargo, las partes de los organismos nunca están aisladas.

“La complejidad biológica se basa en la cooperación sinérgica lograda por las interacciones de los componentes de la célula.” (Álvarez-Buylla, et al., 2007).

La persistencia de supuestos que actualmente son insostenibles puede deberse a su profundo arraigo en la comunidad, como bien lo señala Kuhn. La biología molecular, que nace reduccionista, mantiene vigente el asignar una causa simple a fenómenos complejos. Este pensamiento simplista trajo como consecuencia el nacimiento del determinismo genético, donde el gen es visto como un determinante absoluto del fenotipo. Aquí tienen origen el mapeo genotipo-fenotipo uno a uno y los programas genéticos; también es la base de los cultivos transgénicos (Dávila-Velderrain y Álvarez-Buylla, 2015).

Los cultivos transgénicos se realizan sin considerar seriamente la discusión existente sobre la validez y vigencia con las que el DCBM y el concepto clásico de gen molecular cuentan. Estos paradigmas ignoran las relaciones y fenómenos existentes entre genes, como la epistasis o la pleiotropía, donde el efecto de un gen sobre un fenotipo depende de la actividad o ausencia de muchos genes más.

También ignoran que es posible obtener fenotipos distintos con grupos de genes casi idénticos o lo opuesto, un grupo idéntico de genes puede producir fenotipos muy distintos. Por otro lado, es probable obtener un fenotipo muy parecido que se origine de genotipos muy distintos.

Algunos científicos afirmaron que al conocer todos los genes de un organismo y sus características sería posible entender el comportamiento del genoma, pero al trazar las vías de los componentes moleculares y sus interacciones descubrieron que los procesos son mucho más

complejos de lo que habían imaginado (Dávila-Velderrain y Álvarez-Buylla, *op. cit.*). Esta evidencia es otro componente que invalida el DCBM.

Que la ingeniería genética se encargue de la manufactura de los transgénicos no significa que exista un dominio sobre ellos. Sin embargo, este es el mensaje que se pretende dar al exaltar los trabajos tecnocientíficos, cuyo discurso legitima su producción al usar una:

“retórica sobre la seguridad que no considera los contextos de los seres vivos, y una creencia de dominio al argumentar que controlan lo que han creado”. (Mendiola, 2006)

Todas las plantas transgénicas creadas hasta ahora se han hecho con base en el paradigma de que un gen es responsable de una proteína en particular y que su efecto en la planta depende sólo de sí mismo, como si estuviese aislado del medio genómico y celular en que se produce (Dávila-Velderrain y Álvarez-Buylla, *op. cit.*).

Cuando la ingeniería genética afirma que es posible manipular genéticamente a la naturaleza y controlar esa manipulación da por supuesto que (Montell, *op. cit.*):

1. Se tiene bien localizado el gen que contiene la información genética necesaria y suficiente para que se elabore una proteína precisa o se desarrolle una determinada característica o propiedad.
2. Se puede extraer intacta dicha información genética de uno o más núcleos celulares.
3. La información genética extraída se multiplica sin error alguno.
4. Dicha información genética se introduce perfectamente en la otra especie y se desplaza dentro del organismo receptor hasta encontrar la información genética nuclear de la célula huésped.
5. La información genética recién llegada se relacionará adecuadamente •sin producir cambios, perturbaciones, mutaciones- en el ADN receptor, sin modificarse ella misma con la información genética nuclear de cada una de las células receptoras a las que llegue.
6. Los resultados de la información genética en la especie receptora serán exactamente los mismos que ocurren en la especie original.
7. La información genética incorporada sólo aportará la propiedad o característica que se pretende que brinde, nada más.

8. El ADN•recombinante resultante perpetuará en la especie receptora generación tras generación, y lo hará sin que le ocurran cambios.
9. La información genética introducida en una especie no pasará a otra (no ocurrirá transferencia horizontal).

Cuando la realidad es:

1. Es imposible predecir el lugar en que acabará situándose el trozo de material genético manipulado que supuestamente porta la información genética que se pretende introducir.
2. La integración de dicho material genético manipulado en un lugar de un cromosoma produce cambios no sólo en el lugar de inserción y sus cercanías sino también en zonas alejadas del mismo cromosoma o de otros.
3. En numerosos casos ha habido transferencia horizontal del material genético incorporado de una especie a otra.

Los transgénicos se fabrican, se diseñan y se gestionan, pero esto no quiere decir que se tenga control sobre su comportamiento cuando es liberado. La incertidumbre siempre se interpone entre la teoría que se usa para crearlos y el modo en que serán sus relaciones. Es decir, el transgénico sobrepasa su diseño al desconocerse las consecuencias no intencionadas que podría traer, pues al tratarse de un sistema complejo, lo que se pretende con él no tiene por qué coincidir con su devenir.

Existen aún muchas incógnitas en torno a la estructura, dinámica y regulación del genoma. Se sabe que no es constante ni estable, y que está regulado por una red de señales recibidas tanto del ambiente externo como del interno. Por lo que es muy probable que la integración de DNA foráneo dentro de un genoma establecido ocasione efectos colaterales no previstos como los ya mencionados.

El punto de vista antropocéntrico de la biotecnología, sus ideas de dominio, posesión de la naturaleza y racionalidad cartesiana dan como resultado a los OGMs. Aunque la biología molecular transmute a la naturaleza en el laboratorio, es imposible tener control sobre todas las relaciones que surjan cuando un cultivo transgénico sea introducido a un ecosistema, ya que ahí se dan

relaciones entre una multiplicidad de organismos, por lo que existe un alto grado de impredecibilidad y una imposibilidad de determinar lo que puede acontecer entre ellos en el futuro. En pocas palabras, lo que se está manufacturando es un futuro lleno de incertidumbre y riesgo (Mendiola, *op. cit.*, p. 312).

3.8 Cultivos transgénicos en el mundo

A pesar de lo anteriormente discutido, desde 1996 se han aprobado y comercializado más de 10 cultivos transgénicos alimentarios y de fibra en todo el mundo. Entre estos cultivos están el maíz, la soja, el algodón, la papaya, la berenjena y la calabaza. Las supuestas características de dichos cultivos incluyen tolerancia a la sequía, a herbicidas, resistencia a insectos y enfermedades, mayor nutrición y calidad de los alimentos (James, 2014).

Para que los alimentos derivados de plantas transgénicas puedan ser considerados aptos para consumo se toma como válido lo sugerido por la OMS y FAO, que es comprobar la equivalencia sustancial de las propiedades nutritivas de los alimentos transgénicos con los normales. Cuando no existen diferencias se aprueban para el consumo (FAO, 2009). No se toma en cuenta cómo son producidos, ni todos los procesos a los que las plantas que los originaron fueron sometidas, solo se considera la información nutricional.

El área global de cultivos transgénicos comercializados se ha ido incrementando. Mientras en 1996 se cultivaban 1.7 millones de hectáreas, en 2001 ya eran 52.6 millones. En este mismo año los países industrializados contaban con casi tres cuartas partes de la superficie cultivada con plantas transgénicas: EUA tenía 68% y Canadá 6% (James, 2007).

Los países en desarrollo poseían una cuarta parte: Argentina 22% y China 2%. Y sólo 14 países aceptaban el cultivo de plantas transgénicas: Alemania, Argentina, Australia, Bulgaria, Canadá, China, España, EUA, Francia, Indonesia, México, Rumania, Sudáfrica Y Uruguay (*Ibid*, p. 3).

Las plantas transgénicas cultivadas eran soja (63%), maíz (19%), algodón (13%), canola (5%) y la papa, la calabacita y la papaya con menos de 1% cada una. Los fenotipos que más se cultivaban eran los de tolerancia a herbicidas (77%), resistencia a insectos (15%) combinación de las anteriores (8%) y resistencia a virus y otros (menos de 1%) (*Ibid*, p.4).

La superficie cultivable de plantas transgénicas respecto a las naturales fueron las siguientes: 46% de soya, 20% de algodón, 11% de canola y 7% de maíz. Mientras que el área global de estos cuatro cultivos (transgénicos y convencionales) era de 271 millones de hectáreas, por lo que la siembra de estos cultivos transgénicos representaba en ese entonces tan sólo el 19% del área total cultivada a nivel mundial (hablando solamente de los cuatro cultivos anteriormente mencionados) (*Ibid*, p. 5).

En 2014, 18 millones de agricultores -de los cuales el 90% eran “pequeños y con pocos recursos”- cultivaron 181.5 millones de hectáreas en 28 países. De éstos, 20 son países considerados “en vías de desarrollo” y solamente 8 se consideran industrializados. Las hectáreas sembradas con cultivos biotecnológicos aumentaron más de cien veces, de 1.7 millones en 1996 pasaron a ser 181.5 millones en 2014, esto convierte a los cultivos transgénicos en la tecnología de cultivos más rápidamente adoptada en la historia (James, 2014) (Figura 4 y Tabla 1).

EUA se mantuvo como líder con 73,1 millones de hectáreas cultivadas (40% de la superficie mundial); además, contó con una adopción de más del 90% en cultivos principales como maíz (93%), soja (94%) y algodón (96%). También fue el país con mayor crecimiento anual en hectáreas sembradas con cultivos transgénicos, seguido de Brasil, Argentina, India y Canadá (*Ibid*, p. 3).

Estos cinco países poseen poco menos del 90% del área total de cultivos transgénicos sembrados en el mundo (Figura 5 y Tabla 1).

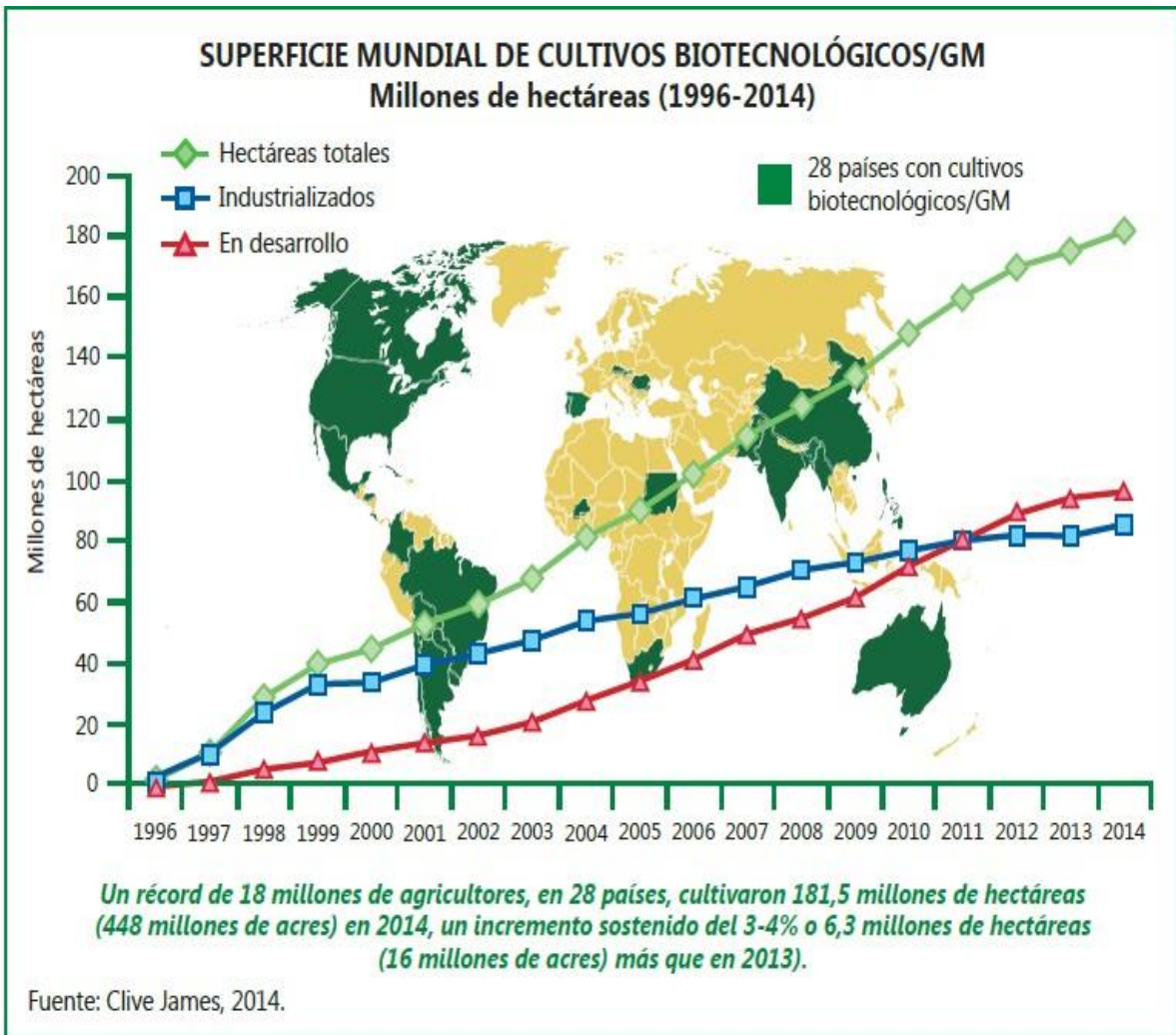


Figura 4. Situación mundial de los cultivos transgénicos en 2014. Tomado de James, 2014.

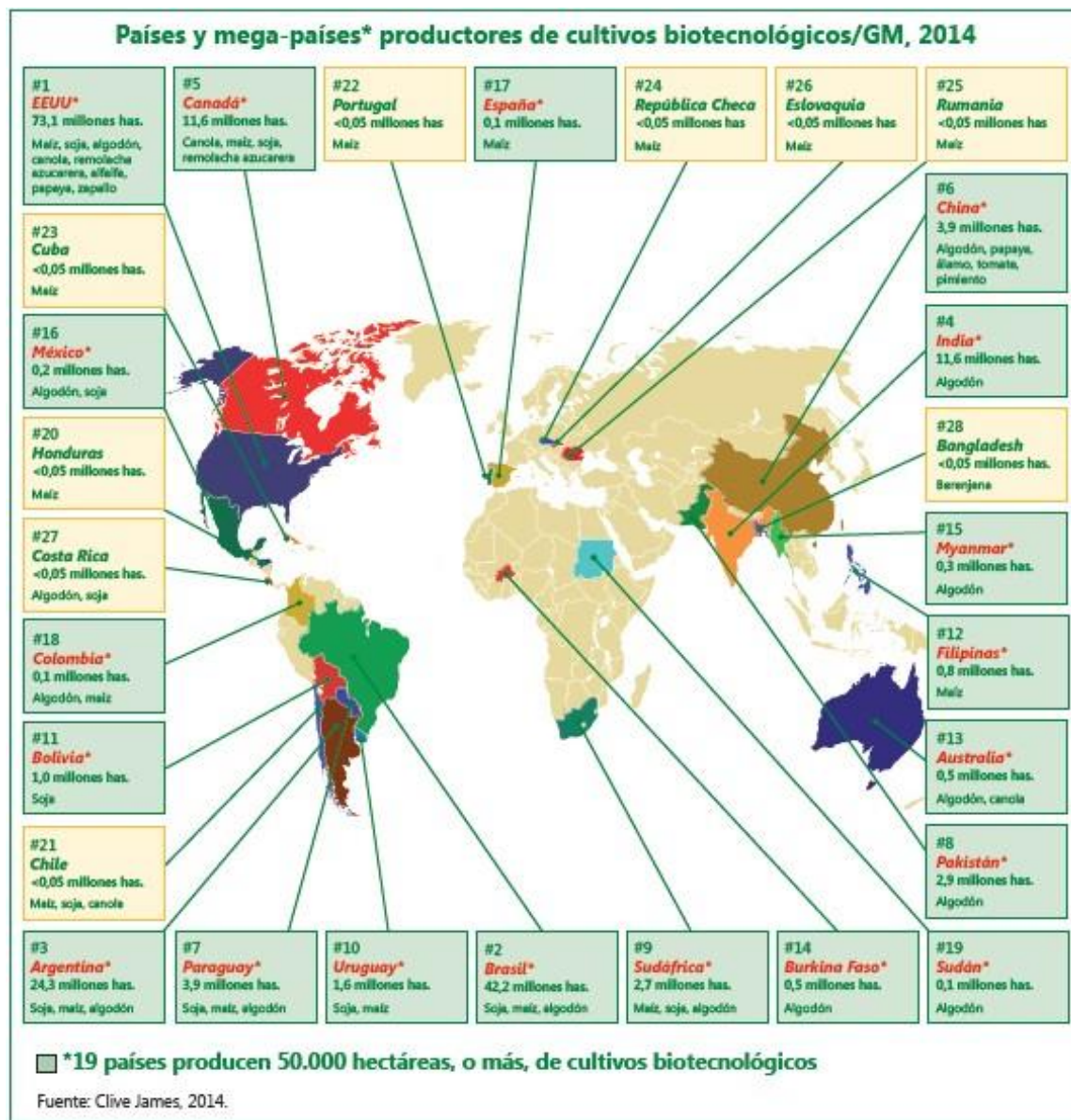


Figura 5. Los 28 países donde se siembran cultivos transgénicos. Tomado de James, 2014.

Table 1. Global Area of Biotech Crops in 2014: by Country (Million Hectares)**

Puesto	País	Superficie (millones de hectáreas)	Cultivos biotecnológicos
1	Estados Unidos*	73,1	Maíz, soja, algodón, canola, remolacha azucarera, alfalfa, papaya, calabaza
2	Brasil*	42,2	Soja, maíz, algodón
3	Argentina*	24,3	Soja, maíz, algodón
4	India*	11,6	Algodón
5	Canadá*	11,6	Canola, maíz, soja, remolacha azucarera
6	China*	3,9	Algodón, papaya, álamo, tomate, pimienta
7	Paraguay*	3,9	Soja, maíz, algodón
8	Pakistán*	2,9	Algodón
9	Sudáfrica *	2,7	Maíz, soja, algodón
10	Uruguay*	1,6	Soja, maíz
11	Bolivia*	1,0	Soja
12	Filipinas*	0,8	Maíz
13	Australia*	0,5	Algodón, canola
14	Burkina Faso*	0,5	Algodón
15	Myanmar*	0,3	Algodón
16	México*	0,2	Algodón, soja
17	España*	0,1	Maíz
18	Colombia*	0,1	Algodón, maíz
19	Sudán*	0,1	Algodón
20	Honduras	<0,1	Maíz
21	Chile	<0,1	Maíz, soja, canola
22	Portugal	<0,1	Maíz
23	Cuba	<0,1	Maíz
24	República Checa	<0,1	Maíz
25	Rumania	<0,1	Maíz
26	Eslovaquia	<0,1	Maíz
27	Costa Rica	<0,1	Algodón, soja
28	Bangladesh	<0,1	Berenjena
Total		181,5	

* 19 mega países biotecnológicos que cultivan 50,000 hectáreas, o más, de cultivos GM

** Redondeo a la cifra de cien mil más cercana

Fuente: Clive James, 2014.

Tabla 1. Superficie mundial de los diferentes cultivos transgénicos comercializados. Tomado de James, 2014.

3.9 Empresas y semillas transgénicas

Para la industria biotecnológica la naturaleza es considerada una moneda de circulación mundial y los ecosistemas depósitos de recursos genéticos. Pues dicha industria los utiliza para realizar comercios internacionales (servicios ecosistémicos, sitios de investigación y derechos de propiedad sobre variedades de cultivos). Es decir, la biotecnología ofrece soluciones de mercado a problemas ambientales, abstrayendo a la naturaleza de su contexto espacial y social (McAfee, 1999).

Independientemente de que las mismas empresas controlan distintos tipos de semillas, son las transgénicas las que más se venden. Las estadísticas oficiales de Estados Unidos de América revelan que las semillas transgénicas son más caras, tienen menor productividad y requieren de una mayor cantidad de agrotóxicos –que también producen las mismas empresas–(Ribeiro, 2014).

A lo anterior se le debe agregar que las semillas transgénicas al estar patentadas vuelven ilegal la posibilidad de poder guardarlas para las siguientes siembras. Eso garantiza dependencia por parte de los agricultores y genera ganancias extras para las empresas al demandar a campesinos cuando sus cultivos están contaminados con genes patentados, lo cual es sumamente sencillo que ocurra (*Ibidem*).

Mientras que en la década de 1980 existían miles de empresas semilleras, a finales de la década de 1990 sólo diez poseían el 30% del mercado comercial global. Monsanto⁶ no se encontraba en esa lista y ahora posee el 26% del mercado global de todo tipo de semillas. Junto con DuPont y Syngenta suma el 53% (ETC Group, 2013).

El negocio de semillas transgénicas se ha convertido en un oligopolio. Actualmente sólo seis empresas transnacionales controlan el 100% de las semillas transgénicas que se cultivan en el mundo⁷: Monsanto, Syngenta (Novartis + Astra Zeneca), DuPont, Bayer (incluida Aventis), Dow y Bast. Las seis eran originalmente fabricantes de agroquímicos y quizá es por ese motivo que ahora más del 85% de sus transgénicos son tolerantes a agrotóxicos (Ribeiro, op. cit., 2004).

⁶ Se seguirá mencionando como independiente a pesar de que fue comprada recientemente (14 de septiembre de 2016) por Bayer por la cantidad de 66 mil millones de dólares.

⁷ Esta información también resulta errónea actualmente debido a las compras de empresas que se han realizado recientemente pero se mantendrá así porque permanecieron vigentes hasta mediados de 2016. Fecha en que se concluyó esta tesis.

La tecnociencia crea nuevas formas de investigación científica regidas por la lógica del mercado, donde los cultivos transgénicos cuentan con derechos de propiedad intelectual (DPI). Esto transforma a las semillas y sus conocimientos asociados en productos con valor agregado y con posibilidades de ser protegidos y apropiados por parte de las empresas biotecnológicas transnacionales (San Vicente Tello y Carreón, 2013).

Las patentes restringen y retrasan la investigación de manera general. Todos los transgénicos están patentados y pertenecen a las empresas que también poseen semillas tradicionales, agroquímicos y una parte significativa de la industria farmacéutica. Al utilizar un transgénico agrícola se pagan regalías a la empresa que lo produce y es ilegal usarlo en la siguiente cosecha, se debe volver a comprar (Ribeiro, *op. cit.*, 2014).

En EUA y Canadá existen más de 2000 juicios contra agricultores por uso indebido de patente pues, como se mencionó anteriormente, muchos cultivos han sido contaminados y los agricultores lo ignoran ya que no es posible reconocer un transgénico de manera fenotípica (Massieu y Barajas, 2001).

Además, se han creado “patentes biológicas”: la tecnología *Terminator* produce semillas estériles en la segunda generación. Las patentes suelen tener una vigencia de 20 años, pero ésta no puede tener fecha de expiración. Se presenta como medida de bioseguridad para combatir la contaminación genética. Sin embargo, su nombre original era “sistema de protección de la tecnología” (Ribeiro, *op. cit.*, 2004). Me parece muy evidente que el interés verdadero es controlar la distribución de sus semillas y a quienes usan.

En las disputas existentes sobre patentar genes, variedades de cultivos, técnicas de ingeniería genética y sobre comerciar productos biotecnológicos y controlar los recursos genéticos del mundo, la posición de los sectores privados está enmarcada por un enfoque neoliberalista de la regulación de la biotecnología. También ellos dependen del reduccionismo genético-molecular y del reduccionismo económico (McAfee, 2003).

El reduccionismo económico apoya la propiedad privada y el manejo de la biotecnología basado en el mercado y los intereses de las firmas biotecnológicas, estos argumentos utilizan las representaciones del reduccionismo genético cuando hablan del gen y del código genético. Es decir, el reduccionismo genético y el económico están ligados y se refuerzan mutuamente en

debates políticos multilaterales, las representaciones reduccionistas de la biotecnología son movilizadas por aquellos que enfatizan su estatus científico y defienden una regulación mínima de los cultivos transgénicos (*Ibidem*).

De las áreas comerciales plantadas en el mundo, el 77% de los cultivos fueron manipulados genéticamente para aumentar su tolerancia a herbicidas patentados por las compañías que venden las semillas, el 15% son plantas insecticidas (Bt) y el 8% son plantas que tienen una combinación de ambas características (Covarrubias Robles, 2004).

El mercado de los transgénicos es un monopolio. El poder de las megaempresas multinacionales se ha extendido hasta el ámbito político, con lo cual controlan el mercado y tienen la certeza de que se realicen normas y legislaciones a su favor (Ribeiro, *op. cit.*, 2004).

La ingeniería del DNA recombinante y la modificación genética en plantas dieron pie a que determinado sector científico prometiera el fin de la hambruna y de la inseguridad alimentaria. Sus investigaciones, sustentadas por el DCBM, se enfocaron en el diseño tecno-científico de la composición molecular no-natural de semillas transgénicas con las que supuestamente se obtendría un beneficio agrícola controlado y sin consecuencias impredecibles. Esta tecnología reduccionista, de manipulación deliberada a nivel molecular e imprecisa en cuanto a la inserción del DNA brindó poder a la industria biotecnológica (Wynne, 2013).

Quienes apoyan a los cultivos transgénicos utilizan el mismo discurso de la Revolución Verde, afirman que es un medio para ayudar a los países pobres y se basan en los mismos conceptos reduccionistas y lineales del mapeo uno a uno entre genotipo-fenotipo, aunque existen pruebas de que su interés principal es poseer un mercado dirigido a los grandes propietarios agrícolas.

La producción de alimentos ha ido aumentando desde la mitad del siglo XX hasta llegar a superar el crecimiento de la población. Desde 1994 existen alimentos suficientes que brindarían una correcta nutrición a toda la población humana si éstos se distribuyeran equitativamente. Actualmente se han superado las necesidades básicas de la humanidad; sin embargo, diversos intereses económicos, políticos y sociales impiden que los alimentos lleguen a toda la población mundial (Bravo, 2010). Con esto se concluye que no se necesita de una tecnología para producir

más alimento y que el problema del hambre no puede ser dirigido ni reducido únicamente al campo tecnológico.

3.10 La importancia de los elementos irracionales en agrobiotecnología: acciones empresariales en torno a los cultivos transgénicos

La cultura científica se adentra en la cultura pública por medio de diversas fuerzas sociales que aceptan o desafían el conocimiento tecnocientífico; aun ejemplo claro de esto ocurre con la biotecnología. La cultura científica en el debate público sobre los OGMs se divide entre los empresarios que presentan esta tecnología como omnipotente, cuyo control a nivel genético dará grandes beneficios a la sociedad -menospreciando los problemas de control sistémicos-; mientras que el otro lado de la discusión cuestiona la posibilidad y certeza de imponer un control total sobre los organismos.

Detrás de los riesgos y beneficios hipotéticos, yacen conflictos de valor sobre cómo la naturaleza está siendo conceptualizada y reconstruida. El desarrollo y la investigación biotecnológica estudian y definen la naturaleza, para después reconstruirla y cosificarla. La biotecnología se adentra en la cultura, es comunicada y controlada, es un modo cultural particular de controlar a la naturaleza y a la sociedad (Levidow, 1992).

Levins y Lewontin (1985) afirman que la ciencia se convirtió en producto del capitalismo desde mediados del siglo XX, la investigación es una inversión de negocios; los descubrimientos científicos se han vuelto cuantificables y los científicos mano de obra científica. La ciencia se ha vuelto elitista, pragmática y reduccionista.

Consideran que la actividad agrícola en el mundo capitalista está interesada en el beneficio empresarial y desinteresada en alimentar a la gente:

“La dirección del cambio técnico en la agricultura capitalista y las estrategias de investigación que apoyan esta dirección son el resultado de dos tipos de factores: la búsqueda de beneficios por la industria y la búsqueda de control social por parte de la clase capitalista en su conjunto.” (Ibid., p. 209).

Entre las prioridades de la industria biotecnológica está el crear productos con valor agregado, mejor adaptados para satisfacer las demandas de la industria transformadora y el

consumidor. Como tecnología innovadora, la biotecnología está cambiando las condiciones económicas y competitivas en el mercado (Levidow, *op. cit.*).

La industria y el gobierno han promovido a la ingeniería genética argumentando que cuenta con nociones precisas de los genes y del código genético. Hacen caso omiso de las interacciones entre moléculas, organismos y sus ambientes, así como de sus marcos sociales.

Este discurso reduccionista se nutre con los argumentos económicos reduccionistas que sugieren que la información genética debería ser patentable y que el manejo de la biotecnología basada en el mercado beneficiará a toda la sociedad (McAfee, *op. cit.*, 2003).

La industria afirma que la biotecnología mejora características naturales de las plantas al darle a la naturaleza un empuje hacia una mayor eficiencia. De esta manera la propia naturaleza es cosificada al ser vista como un producto que se reconstruye al incorporarle eficiencia industrial. Es un intento de controlar de manera total a los biosistemas manipulando unos cuantos parámetros genéticos.

Igual que la estrategia anterior de control puramente químico en la Revolución Verde, el control a nivel genético busca una omnipotencia tecnológica sobre amenazas naturales externas mientras niega fuentes internas de inestabilidad (Levidow, *op. cit.*).

La manera de expresar y comunicar los avances biotecnológicos también ha sido mediante metáforas. Los genes pueden ser convertidos y transformados en información codificada de un lenguaje molecular universal. El carácter tecnocrático impulsado por el mercado de la ciencia moderna se ha dedicado a mantener ideas viejas porque les resultan convenientes. La biotecnología se ha mercantilizado, al ofrecer productos con “genética de valor agregado” (cambios genéticos que supuestamente mejoran el valor de mercado de productos agrícolas) (Levidow, 2004).

A todo esto se le tiene que sumar otro tipo de elementos irracionales: los intereses que se tienen al seguir produciendo este tipo de ciencia. El capitalismo y la globalización han llevado a la apropiación social de la ciencia y la tecnología. La expansión de la cultura científico-tecnológica significa la introducción de prácticas sociales por medio de grupos no científicos ni tecnológicos con distintos intereses. Llegados a este punto, metas como la obtención de conocimiento y la

aproximación a la verdad pueden ser segregadas por la promesa de ganancias económicas y poder sobre la sociedad.

En 2001, Monsanto, BIO (Organización de la Industria Biotecnológica) y el *Council for Biotechnology Information*, financiaron la mayor parte de un estudio realizado por la NCFAP (National Center for Food and Agricultural Policy) en el cual se muestran resultados favorables respecto a la introducción de cultivos transgénicos.

Según éste, los seis cultivos aprobados comercialmente en Estados Unidos (soya, maíz, algodón, canola, papaya y calabaza) aumentaron el ingreso agrícola y redujeron el uso de plaguicidas. Sin embargo, el Dr. Benbrook, economista agrícola, afirma que existen grandes fallas en el estudio; por ejemplo, la mayoría de los datos positivos se basan sólo en el ingreso económico de la soya transgénica y el aumento de volumen de producción de maíz (0.6%) en Estados Unidos (Ribeiro, *op. cit.*, p. 76).

Posteriormente, Benbrook (2002) analizó la producción de maíz de 1996 a 2001 y encontró que los transgénicos no aumentan la producción y son más costosos para el agricultor. Los agricultores afirman que lo siembran al no encontrar suficientes semillas no transgénicas en el mercado.

Otro caso donde se proyecta el gran poder y la fuerte influencia de las empresas hacia el sector científico ocurrió en 2013, cuando Seralini y colaboradores (2012) publicaron un experimento hecho en ratas durante dos años para evaluar los efectos a la salud por parte del maíz NK603 tolerante al Roundup. Los resultados del trabajo fueron: altas tasas de tumores, mortalidad en la mayoría de grupos de tratamiento, daño severo al hígado y riñón y desórdenes hormonales.

Este artículo fue retirado un año después. El director de la revista en la que fue publicado - *Food and Chemical Toxicology*-, A. Wallace Hayes, aseguró que decidió quitarlo debido a que sus resultados no eran concluyentes. La retirada ocurrió pocos meses después de que Richard E. Goodman -exconsejero científico de Monsanto y afiliado a grupos financieros de la Industria de los transgénicos- se incorporara a la revista como editor asociado en biotecnología (Casassus, 2013). En 2014, la revista *Environmental Sciences Europe* decidió republicar el artículo (Seralini, *et al.*, 2014).

3.11 Riesgos, resultados y consecuencias de la siembra de cultivos transgénicos

Covarrubias (*op. cit.*, p. 63) asevera que es muy probable que plantas no transgénicas sean polinizadas con polen transgénico. Existen estudios que corroboran esta afirmación, el caso más sonado en México es probablemente el de Chapela y Quist (2001).

En caso de que una planta silvestre sea contaminada, la permanencia de los transgenes en los individuos que los expresen dependerá de su adecuación: si el transgen la aumenta, se fijará; si la disminuye, desaparecerá; y si es neutra, permanecerá con una frecuencia que dependerá de la periodicidad del flujo génico. Una posible consecuencia de esto sería que plantas no transgénicas expresen toxinas que dañen a insectos benéficos para ellas, un ejemplo muy estudiado es el caso de la mariposa monarca con la toxina Bt (Álvarez-Buylla, 2004).

Los genes pueden presentar efectos pleiotrópicos en todos los organismos. Cuando se desarrollan OGMs, el programa de investigación que se lleva a cabo incluye la evaluación de efectos no esperados en las líneas transgénicas generadas. En estos estudios se comprueba que sólo una mínima fracción de líneas obtenidas cumplen los requisitos que se esperan. Esto se relaciona con que la expresión de los transgenes depende del lugar donde sean insertados en el genoma de la planta (*Ibid.*, p. 198).

Las técnicas actuales que se utilizan para llevar a cabo estos procedimientos no tienen una manera de predecir o saber cuál será el sitio de inserción en el que se instalarán los transgenes. A lo anterior se le debe añadir que los programas de investigación que llevan a cabo estos experimentos, los realizan en ambientes limitados y estudian efectos en los fenotipos a corto y, pocas veces, mediano plazo (*Ibidem*).

El efecto de los genes en la apariencia de los seres vivos también depende del ambiente en el cual se desarrolla el organismo que los contiene. Las combinaciones realizadas por la ingeniería genética abren incertidumbres y riesgos que dependen de la especie en cuestión y del ambiente en el que se liberará, pues se ha visto que factores ambientales pueden afectar la expresión de los transgenes.

De acuerdo con los diferentes niveles de interacción en donde la expresión de un transgén se pueda ver perturbada (genético, genómico y ambiental), las consecuencias nocivas de la

introducción de plantas transgénicas en el ambiente pueden no ser intencionales y mayores a las previstas (Dávila-Velderrain, Álvarez-Buylla, *op. cit.*).

Los cultivos transgénicos conllevan a una situación de riesgo donde puede resultar afectado el medio ambiente, la salud animal y la humana. Resulta evidente que este tema tiene múltiples perspectivas y afecta a diversos sectores, por lo que no es un tema que deba considerarse como exclusivamente científico.

Casi la totalidad de semillas transgénicas que se exportan en el mundo corresponden básicamente a cuatro cultivos: soya, algodón, canola, maíz. Aumentan rendimientos solo en casos muy específicos y por cortos periodos de tiempo, y han incrementado el uso de plaguicidas. Hasta 2001, Monsanto vendió el 91% de las semillas transgénicas plantadas comercialmente (Ribeiro, *op. cit.*, p. 68).

El maíz tolerante a herbicidas es el segundo más usado, reduce el uso de mano de obra y es una gran negocio para compañías como Monsanto, que produce el herbicida que el maíz tolera: RoundUp Ready a base de glifosato, el cual no está aprobado para los mercados de exportación europeos. Se necesitan 140 días para que la mitad del herbicida aplicado se degrade. Puede dispersarse por el viento hasta 400 metros cuando las aplicaciones son terrestres y 800 metros cuando son aéreas. Además, está comprobado que acaba con insectos benéficos (De Ita Rubio, *op.cit.*).

El glifosato constituye una presión de selección que favorece la emergencia de malezas resistentes a su aplicación, lo cual ya está ocurriendo. Se tienen registros que indican que cada vez se utilizan mayores cantidades del herbicida, cuyas concentraciones están alcanzando niveles de toxicidad. En los últimos 8 años más de 22 especies de malezas agrícolas resistentes a glifosato han generado resistencia y son un problema agrícola en varias regiones del mundo, en particular en EUA. Las empresas fabricantes de transgénicos han optado por vender agrotóxicos más fuertes para usarlos junto con el glifosato, y generar nuevas líneas de transgénicos que permitan utilizar otros herbicidas con concentraciones mayores de glifosato durante el ciclo agrícola (Benbrook, 2009).

Según Toledo (*op. cit.*, p. 175), la productividad del maíz mediante prácticas tradicionales, supera la productividad de las variedades transgénicas que se ofertan. Los “abonos verdes”

aumentan al doble o triple los rendimientos del maíz, el suelo es abonado con nitrógeno y se eliminan malezas. Mientras que los transgénicos son monocultivos que necesitan insumos externos y requieren de grandes extensiones de suelo, lejos del alcance de muchísimos campesinos.

Un trabajo que recopila y analiza de manera crítica los estudios de impacto publicados en revistas científicas hasta 2009 concluye que los cultivos resistentes a herbicidas no superan los rendimientos en campo obtenidos con las técnicas tradicionales, ni cumplen la promesa de un menor uso de agroquímicos (Gurian-Sherman, 2009).

Chapela y Quist (*op. cit.*) demostraron –como se mencionó anteriormente- la contaminación por flujo génico de cultivos transgénicos a cultivos tradicionales. Este estudio fue muy debatido al punto que los autores sufrieron campañas de desprestigio, pero finalmente la comunidad científica decidió dar por válido el estudio.

Otra consecuencia es la pérdida de biodiversidad, un ejemplo de esto ocurrió en India. Hace 20 años poseía 300 000 variedades de arroz, mientras que en 2008 se tenían poco más de una docena, esto ocurrió debido a que las variedades de alta productividad sustituyeron a las demás. Con esto se concluye que la diversidad genética de los cultivos agrícolas se encuentra en peligro (Ceccon, *op. cit.*).

3.12 El debate sobre los cultivos transgénicos

Actualmente existe un gran debate en torno a los cultivos transgénicos. Esta tecnociencia ha sido severamente criticada y muy defendida. La opinión científica se encuentra claramente dividida y otros sectores sociales están involucrados en la cuestión debido a que es un tema multiperspectivista y los argumentos provienen de distintos campos y analizan diferentes situaciones. Aun así, poco se ha dicho desde el enfoque filosófico-científico. Considero que la discusión en el aspecto molecular se apega a la tesis de Kuhn respecto al conflicto entre colegas cuando su paradigma presenta anomalías que no puede explicar del todo.

En este debate también se incluyen los elementos extra-científicos, pues los protagonistas disputan cómo definir el problema que la ciencia resolverá promoviendo versiones contendientes de la naturaleza. Cada estrategia sostiene un papel social diferente donde media una lucha sobre valores y poder. A continuación presento la discusión en torno a los cultivos transgénicos.

Las instituciones interesadas en la producción de transgénicos afirman que la humanidad tiene un interés común en mitigar la degradación ecológica del planeta y la premisa que los problemas ambientales globales pueden ser manejados sin necesidad de confrontar las desastrosas consecuencias ambientales e inequitativas de las trayectorias económicas actuales (McAfee, *op. cit.*, 1999).

Los científicos que defienden a los cultivos transgénicos plantean sus argumentos a partir de un enfoque molecular reduccionista, menospreciando o incluso ignorando los descubrimientos que cuestionan tanto al DCBM como al concepto de gen molecular. Aseguran que los genes son los responsables últimos de toda la “información” que controla al organismo y que actualmente contamos con las técnicas adecuadas para separarlos, transferirlos e incluso descifrarlos (Lacadena, 2004).

Según la industria biotecnológica, con los cultivos transgénicos se dejará atrás el hambre, pues supuestamente cuenta con herramientas esenciales para combatir defectos genéticos que limitan el suministro alimenticio y que el fitomejoramiento tradicional no ha podido resolver; además los vegetales producidos por este medio son dependientes de agroquímicos que impactan de manera negativa al ambiente (Herrera Estrella, 2004; López-Munguía, 2006, Bolívar Zapata, 2011).

Los razonamientos anteriores son simplistas y falsos. Al afirmar que las semillas transgénicas ayudarán a reducir el hambre tratan el problema como si la hambruna se debiera única y exclusivamente a una brecha entre la producción de alimentos y el crecimiento de la población, cuando la malnutrición y el hambre son el resultado de una gran y compleja red de factores económicos, sociales, políticos, culturales, productivos y tecnológicos (Toledo, *op. cit.*). Anteriormente se mencionó que está comprobado que existen alimentos suficientes para abastecer la demanda mundial, es la distribución lo que falla (FAO, 2002).

Otro punto que se menciona con frecuencia a favor de los transgénicos es que la transferencia de genes entre organismos de diferentes especies es un proceso natural -no se logra sólo con la biotecnología-, y ha existido desde que los campesinos comenzaron a modificar el ecosistema al seleccionar semillas de sus cosechas para sembrarlas en el siguiente periodo (Covarrubias, 2004).

En mi opinión, con esto tratan de “naturalizar”⁸ a los transgénicos al afirmar que las técnicas de la biotecnología son equiparables a los procesos de cruza naturales. Anteriormente describí los invasivos métodos con los que se realizan estas plantas y me parece evidente que no pueden darse en estado silvestre, por lo que considero incorrecto equiparar a esta tecnociencia con las técnicas que llevan a cabo los campesinos.

Los defensores de los cultivos transgénicos plantean que el incremento en el uso de semillas transgénicas se debe a que dan mayores rendimientos debido al control fitosanitario de plagas y malezas, a la reducción en costos de producción y a la disminución en el uso de plaguicidas químicos (Solleiro-Rebolledo, 2004). Como contraposición se mencionó anteriormente que esto se debe a que cada vez mayor cantidad de semillas transgénicas se ponen a la venta en lugar de las tradicionales (Ribeiro, *op. cit.*, 2004).

Un acuerdo común que se tiene en esta discusión es la existencia de riesgo, pues ninguna tecnociencia puede garantizar una certeza del 100% en cuestiones de daños a la salud (Bolívar Zapata, 2011, Olivé Morett, 2004).

Numerosos estudios biotecnológicos se han enfocado en el aumento y mejoramiento de la producción de cultivos agrícolas capaces de combatir plagas, enfermedades y condiciones ambientales adversas con el fin de aumentar los rendimientos y producir insumos de alto valor económico y ambiental. Las promesas son muchas y los resultados pocos y muy cuestionables. Los científicos que apoyan a los transgénicos tienen grandes expectativas a pesar de que sus bases teóricas -el DCBM y en el gen-, son conceptos muy debatidos actualmente.

En cuanto al ámbito molecular, los argumentos que emplean los defensores de la biotecnología y la ingeniería genética se basan en promover un falso optimismo biotecnológico y una idealizada visión de la naturaleza y del reduccionismo genético y molecular. Emplean los tropos del código genético y del gen para simplificar la relación de la información genética con los rasgos y las conductas de los organismos (McAfee, *op. cit.*, 2003).

⁸ Con esta declaración no es mi intención meterme en la discusión que plantea que, supuestamente, lo natural es “bueno” y lo que no es considerado natural es “malo”. Al contrario, me parece que son los mismos defensores quienes intentan irse por ese camino. Yo solo quiero señalar que no pueden poner en el mismo nivel a las cruza dirigidas que hacen los campesinos y a los métodos experimentales con los que se realiza una planta transgénica.

También conceptualizan a los genes como entidades discretas y funcionales de información que pueden ser caracterizadas de manera precisa, contadas, adheridas o sustraídas; alteradas, encendidas, apagadas o movidas de un organismo o especie a otro por medio de ingeniería genética. La noción de genes como objetos unitarios con propiedades estables y predictivas provee un apoyo conceptual para tratar construcciones genéticas como materias primas que son sujetas a un intercambio de mercado. Este enfoque es reduccionista al tratar a la naturaleza y sus componentes como cuantificables y conceptualmente separables de su contexto en la naturaleza y la sociedad (*Ibid*, p. 204).

Retomando el modelo kuhniano, se espera que la crisis de un paradigma esté acompañada por una división en la comunidad científica. En la actualidad, los argumentos en contra y a favor de los cultivos transgénicos han sido diversos y desde distintas perspectivas. La comunidad científica ha mantenido una discusión acalorada sobre este tema. Tanto la biología molecular como la biotecnología han sido defendidas y atacadas. Es en esta discusión donde entran los temas ya tratados de la crisis racional del DCBM y del concepto de gen, pues cada vez más científicos cuestionan sus capacidades predictivas y su grado de certidumbre. Si se llegara a aceptar que dichos modelos no son suficientes para explicar a la tecnociencia y sus derivados, el cambio científico, social y económico que tendríamos sería revolucionario.

Todas estas controversias politizan esta tecnociencia y su entrada al contexto social-cultural. Cada estrategia mantiene un papel social diferente para la experiencia genética en relación con otros conocimientos. Aunque los protagonistas pueden idealizar o satanizar alguna versión de la naturaleza externa, estos conceptos median una lucha sobre valores y poder. A través del debate, las distintas culturas científicas contienden por tener influencia como cultura pública (Levidow, op. cit. 1992).

Estas son las discusiones actuales en torno a los cultivos transgénicos, discusiones que no han finalizado. Considero que con el paso del tiempo y la ayuda de las futuras generaciones encontraremos respuestas y soluciones ante los problemas y discusiones que han generado el DCBM, el concepto de gen y sus aplicaciones en ingeniería genética. Y quiero pensar que el debate terminará de una manera revolucionaria.

Conclusiones

La investigación y análisis realizados sugieren que el modelo kuhniano es adecuado para analizar a la biología molecular. Su desarrollo, historia, progresos, intereses y objetivos pueden ser entendidos al estudiar esta rama de la biología desde la tesis de Kuhn, aunque ésta haya sido pensada tomando como base a la física.

Esta propuesta también presenta limitantes, como la presencia única de un paradigma como guía de la comunidad científica. En campos científicos que estudian sistemas complejos, la existencia de paradigmas simultáneos se vuelve indispensable debido a la inmensa variedad de problemas, objetos de estudio y resultados. Es en este aspecto donde el modelo de Kuhn tiene su principal falla. Sin embargo, su modelo me parece útil para poder entender los cambios que ocurren en la biología molecular, con qué trabaja y por qué el trabajo se enfoca en ciertos temas y no en otros, en pocas palabras, considero que el modelo kuhniano sirve para entender el desarrollo de esta rama científica y el rumbo al que se dirige al involucrar aspectos históricos y sociales.

Después de analizar al DCBM y al concepto de gen como paradigmas de la biología, los encuentro limitados, insuficientes e incapaces de explicar la complejidad del mecanismo de transmisión hereditaria de los seres vivos. Han pasado casi cincuenta años desde que se enunció el Dogma Central, en todo ese tiempo se han llevado a cabo descubrimientos que vuelven al proceso de transmisión cada vez más complejo, y algunos de estos descubrimientos científicos se presentan como anomalías del modelo propuesto por Francis Crick, varias de ellas, según lo averiguado en este trabajo, no han podido ser acopladas como hipótesis *ad hoc*.

A mí parecer, una de las principales anomalías es presentar al DNA, RNA y proteínas como los protagonistas y responsables del flujo de información sin tomar en cuenta la maquinaria celular, el ambiente intra y extracelular, ni los factores epigenéticos que intervienen en el proceso y que son tan importantes como las macromoléculas mencionadas.

El DCBM tampoco considera a los seres vivos como sistemas complejos, como organismos que están en constante cambio debido a diversos factores. Es una visión reduccionista que retrasa el progreso y limita la capacidad explicativa de la comunidad científica. Por estos motivos califico al DCBM como un paradigma en crisis, ya que en la actualidad resulta insuficiente, inadecuado e incompleto.

Retomaré a Lewontin (*op. cit.*, 1995) para ampliar mi explicación de la crisis del concepto de gen. Como mencioné en el capítulo dos, Lewontin considera que Darwin realizó una importante aportación al separar a los organismos del ambiente, pues al estudiarlos como entidades aisladas se obtuvo un mejor entendimiento de la relación existente entre ellos. Sin embargo, al analizarlos como unidades independientes y autónomas se logró comprender que cada uno de ellos forma parte de una sola unidad. En este ejemplo se puede apreciar como un modelo que en la actualidad presenta complicaciones y genera discusiones, en una determinada época contribuyó al progreso científico.

Me parece que lo mismo ocurre con el concepto de gen como paradigma de diversas disciplinas. Es innegable que su estudio ha llevado a varios y sorprendentes avances en nuestro modo de analizar a los seres vivos y de hacer ciencia. Pero al estudiarlo como ente independiente y autónomo es cuando podemos notar que realmente no funciona así, que depende de numerosos factores al estar interconectado con ellos y que su protagonismo se ha ido perdiendo conforme ha prosperado la ciencia. El concepto de gen forma parte de la transición para obtener un mejor entendimiento de los seres vivos y de su desarrollo, evolución y herencia, mas no es el protagonista de dichos hechos.

Existe evidencia suficiente para afirmar que la transmisión de la herencia es un proceso dinámico e interdependiente que involucra al ambiente (interno y externo), no todo depende de los genes:

“Los genes están totalmente dentro de nosotros, el ambiente está totalmente fuera de nosotros, y nosotros como actores estamos a merced de ambos mundos, tanto internos como externos.” (Lewontin, *op. cit.* 2000)

Respecto a las múltiples definiciones del concepto, pienso que, aunque desde sus inicios ha estado acompañado de ambigüedades, en la actualidad se suma el hecho de que la ciencia es cada vez más especializada, lo que hace que las distintas disciplinas científicas estén cada vez más separadas y esto, a su vez, ocasiona una menor comunicación y entendimiento entre ellas.

En su obra, Kuhn también menciona que las barreras entre las comunidades (distinto vocabulario, teoría, intereses, herramientas, métodos, objetivos, etc.) hacen que éstas vivan “en mundos distintos” (Kuhn, *op. cit.*, p. 233), en el presente, distintas comunidades trabajan con el

mismo paradigma: el gen, pero utilizan distintas herramientas y tienen diferentes objetivos, lo que me lleva a considerar que este factor también está involucrado en las diversas enunciaciones sobre este concepto, y por ende, también se sitúa entre los elementos racionales que llevan a la crisis epistemológica del concepto de gen.

Ante los desafíos a los que se ha enfrentado este concepto, algunos autores proponen dejarlo a un lado y crear nuevas palabras; otros sugieren alternativas para rescatarlo. A pesar de que sus ideas no concuerdan, estos autores están de acuerdo en algo: el concepto de gen actualmente no se sostiene, en términos de Kuhn, experimenta una crisis. Se llega a esta conclusión tomando en cuenta únicamente los factores racionales. Pues este paradigma sigue vigente gracias a los elementos irracionales e intereses carentes de carácter científico que se mueven a su alrededor.

El defender al concepto clásico de gen molecular y pensar que una simple modificación genética logrará cambiar o eliminar situaciones moralmente injustas es:

“una declaración demagógica que intenta legitimar una investigación o es un acto de ingenuidad” (Toledo, 2004).

Si no existe una reformulación y autocrítica de la biotecnología, de sus paradigmas y de sus investigadores, los transgénicos en vez de contribuir a un desarrollo social sólo llevarán a la *“tragedia de la agricultura industrializada”* (Kimbrell, 2002).

Debido a la existencia de una gran cantidad de evidencia que contradice y deja sin soluciones favorables al DCBM y al concepto de gen, postulo que ambos paradigmas se encuentran en crisis desde el punto de vista racional. Una cantidad creciente de miembros de esta comunidad científica apoya esta idea.

Las deficiencias que estos paradigmas presentan, la complejidad de los procesos que intentan explicar, los diversos factores que intervienen en ellos y el hecho de que su capacidad explicativa sea interdependiente provocan que ambos pierdan su capacidad predictiva. Dicha pérdida genera incertidumbre, por lo que me resulta adecuado que, mientras se solucione esta crisis, los científicos decidan y actúen con mucha precaución en todas las investigaciones que los toman como base teórica.

Por otra parte, se debe prestar mucha atención a la persistencia de opiniones que defienden al DCBM y al concepto de gen y que además aseguran que los hallazgos anteriormente mencionados no los invalidan. Dicha posición también encaja con el modelo kuhniano. Éste plantea que las comunidades científicas son cerradas y su ciencia muy rígida. Aquí los defensores pueden ser vistos como los miembros de la comunidad que se niegan a aceptar que el paradigma ya no es suficiente para explicar diversos y nuevos problemas a los que se enfrenta.

Analizando la situación de estos dos paradigmas de la biología molecular, se nota una carencia de propuestas para reemplazarlos, es decir, no han surgido paradigmas rivales que sean capaces de abarcar y explicar mejor su contenido y de expandir las fronteras de sus marcos teóricos. Esto vuelve más comprensible la existencia de conductas defensoras. Kuhn plantea que las comunidades científicas no dejan un paradigma sin antes haber aceptado otro, la ciencia normal no puede trabajar sin uno (Kuhn, *op. cit.*, p. 166).

En esta tesis se expuso que la ingeniería genética no cuestiona la vigencia de estos dos paradigmas y los toma como base de sus investigaciones. Asevera que el DNA controla de manera total y ascendente el desarrollo de los organismos, por lo tanto considera que sólo ahí se encuentra la clave para la manipulación y control de la naturaleza.

Esta creencia ha llevado a la modificación genética de los organismos y esto a los cultivos transgénicos, los cuales son producidos sin considerar que las condiciones del genoma no han sido completamente entendidas, que los procesos de transcripción del RNA, de la proteómica y sus vías metabólicas posteriores pueden afectar de varias formas la función y expresión génica y, por ende, las características orgánicas de los cultivos y de la agricultura en general. Tampoco considera las alteraciones en los mecanismos normales de homeostasis, las probables consecuencias de la recombinación genética del genoma, las variaciones ecológicas, ni las presiones de la población.

Lo anterior demuestra que las investigaciones “científicas” que producen o defienden a los cultivos transgénicos son realizadas sobre una base reduccionista. Esta ideología gobierna la mayoría de las investigaciones de la biología molecular y sus ramas, pero al estudiar a los seres vivos como sistemas complejos podemos notar que son más que la suma de sus partes, las cuales forman diversas dinámicas y tienen variaciones según sus circunstancias e interacciones.

El nivel de certidumbre que se puede obtener empleando al reduccionismo para analizar a los seres vivos es bajo y sumamente limitado debido al contexto cambiante en el que varios procesos se encuentran interactuando de manera constante, lo cual también le otorga una capacidad explicativa restringida e insuficiente, por esto considero que los métodos y teorías que gobiernan a la biología molecular y a sus subdisciplinas son mecanicistas, incorrectas e incompletas; estudian y analizan a los organismos usando abstracciones y creando teorías que sólo funcionarían si se tratara de sistemas simples, no de una compleja dinámica que involucra diversos factores.

De este tipo de investigaciones surgen los cultivos transgénicos, considero que la comunidad científica que los defiende y produce no cuenta con bases teóricas sólidas, ni con las herramientas necesarias para tratar temas tan delicados como la producción, distribución y consumo de éstos, cuyas posibles consecuencias podrían ser desastrosas debido a que involucran aspectos biológicos, culturales, ecológicos, económicos, políticos y sociales.

A lo anterior se le debe sumar que se encuentran rodeados de una multiplicidad de valores e intereses, por lo tanto, resulta pertinente discutir restricciones a ciertas investigaciones y aplicaciones tomando en cuenta no sólo la opinión de los científicos, sino de todos los sectores involucrados. En caso de no permitir la participación general y se restringiera a la científica, las resoluciones que surgieran de dicha discusión serían ilegítimas y generarían una tecnocracia. Mientras se llega a un consenso por parte de la comunidad científica, las investigaciones que se encuentren relacionadas con esta problemática deben ser tratadas con sumo cuidado, y sus probables consecuencias no deben ser tomadas a la ligera.

Tomando como experiencia a la revolución verde, sugiero que los transgénicos no deben ser estudiados ni analizados desde un solo enfoque. Es un asunto complejo que involucra al medio físico-biológico, tecnológico, social, cultural, económico y político. Existen numerosas interrelaciones que forman la estructura de esta totalidad, por lo que deben ser considerados como una cuestión multiperspectivista.

Actualmente la producción agrícola es suficiente para alimentar a la población mundial. Se ha comprobado que los cultivos transgénicos no son necesarios para abastecer la demanda. Sin embargo, las empresas que los promueven utilizan estas ideas para justificar su producción y venta. Los alimentos transgénicos no son más baratos, ni más saludables o más nutritivos; por lo

contrario, se ha demostrado que son más caros, más contaminantes y menos productivos, por lo que no se tendrían que aceptar sus riesgos si no brindan ningún beneficio al consumidor ni a los campesinos y sí podrían tener muchos problemas potenciales.

Esta transformación agrícola ha resultado benéfica para pocos sectores agrícolas e industriales mientras que ha elevado la pobreza en poblaciones con bajos recursos. Respecto a esta situación, se puede decir que se vive una *“acumulación primitiva u originaria”* (Marx, 2005), que se refiere a una creciente acumulación asimétrica de quienes son dueños de los medios de producción frente aquellos que forman la fuerza de trabajo. Este fenómeno llevó a la creación del hombre proletario y a la desigualdad social moderna. Los cultivos transgénicos pueden considerarse la nueva arma del capitalismo ya que grandes empresas promueven su uso con el fin de adquirir privilegios, crear monopolios y contar con leyes de propiedad intelectual; y de esta manera controlar el desarrollo tecnológico y agrícola.

Los beneficios que se pueden obtener tanto de la industria como de la tecnología sólo están al alcance de unos cuantos y no han podido brindar ni el bienestar, ni la calidad de vida que prometen. La biotecnología y la ingeniería genética no responden a la complejidad de los problemas actuales.

Existen alternativas tradicionales, como los sistemas de policultivo, que se deberían estudiar y considerar antes que los cultivos transgénicos. La ciencia reguladora de la política es también una autoridad diseñada e institucionalizada bajo las falacias reduccionistas del DCBM y su idea de control. El avance de la tecnología industrializada y de la agricultura de alto impacto que se realiza en nombre de la ciencia y la modernidad tiene como mensaje publicitario salvar a la humanidad de la hambruna. Con toda la evidencia que se ha expuesto y desarrollado en estos últimos años se debería tomar acciones legales ante los cultivos transgénicos, la aplicación del principio precautorio puede ser un buen comienzo para resolver este problema.

Se puede concluir que el DCBM y el concepto de gen se encuentran en crisis sólo desde el punto de vista epistemológico o *“racional”*, ya que existen numerosas refutaciones que los invalidan. Sin embargo, en la práctica y en lo social, continúan siendo paradigmas de la biología molecular, pues no ha ocurrido una fragmentación ni un debilitamiento de las comunidades que trabajan con ellos y se siguen realizando investigaciones que los colocan como paradigmas científicos.

Esta idea forma parte de los compromisos ideológicos inconscientes y de los elementos irracionales, entre los cuales también se pueden encontrar apoyos económicos o propaganda, tal es el caso del impulso a la industria agrobiotecnológica y del poder que han adquirido con el paso de los años empresas como Monsanto.

La ciencia, al ser una actividad social, depende de factores ajenos a ella. De esto se ha aprovechado la industria capitalista y con ello ha conseguido ejercer un claro dominio y control en la dirección que toman las investigaciones científicas y en la información que distribuyen de ellas los medios de comunicación masiva que además están al servicio de transnacionales, por lo que colaboran con la desinformación de la población.

Con lo anterior se sugiere que en la actualidad el factor económico tiene un enorme peso en la ciencia moderna, que no es más que una ciencia reduccionista-capitalista gobernada por gente totalmente externa a las comunidades científicas. Esto me pone a pensar que quizá se necesite hacer otra modificación al modelo kuhniano: no sólo se necesita una revolución científica para resolver este problema, también se requiere de una revolución social.

Bibliografía

- Alberts, B., D. Bran, J. Lewis, R. Martin, K. Roberts, and J. D. Watson. (1994). *Molecular Biology of the Cell*. New York: Garland
- Alavez, V., Piñeyro Nelson, A. & Wegier, A. (2013). Flujo génico. En E. Álvarez-Buylla y A. Piñeyro (coords.), *El maíz en peligro ante los transgénicos: un análisis integral sobre el caso de México* (pp. 87-110). México: UNAM.
- Álvarez-Buylla, E. (2004). Aspectos ecológicos, biológicos y de agrobiodiversidad de los impactos del maíz transgénico. En J. Muñoz Rubio (Coord.), *Alimentos Transgénicos, Ciencia, Ambiente y Mercado: Un Debate Abierto. México* (pp. 181-218). México: Siglo XXI.
- Álvarez-Buylla, E., Benítez, M., Dávila, E., Chaos, A., Espinosa-Soto, C. & Padilla-Longoria, P. (2007). Gene regulatory network models for plant development. *Current Opinion in Plant Biology*, 10 (1), 83-91.
- Álvarez-Buylla, E., Piñeyro Nelson, A., Turrent, A., Nieto-Sotelo, J., Wegier, A., Alavez, V... Quist, D. (2013). Incertidumbres, riesgos y peligros de la liberación de maíz transgénico en México. En E. Álvarez-Buylla y A. Piñeyro (coords.), *El maíz en peligro ante los transgénicos: un análisis integral sobre el caso de México* (pp. 111-164). México: UNAM.
- Andrade, E. (2006). Más allá de la dualidad genotipo-fenotipo. Complejidad y autorreferencia. *Ludus Vitalis*, XIV (25), 3-23.
- Aranda, A. (1997). The gene as the unit of selection: a case of evolutive delusion. *Ludus Vitalis*, V (9), 91-120.
- Avery, O., MacLeod, C. & McCarty, M. (1944). Studies on the chemical nature of the substance inducing transformation of pneumococcal types: induction of transformation by a desoxyribonucleic acid fraction isolated from pneumococcus type III. *Journal of Experimental Medicine*, 79, 137-158.
- Barahona, A. (2004). Ingeniería Genética: Origen y Desarrollo. En J. Muñoz Rubio (Coord), *Alimentos Transgénicos, Ciencia, Ambiente y Mercado: Un Debate Abierto* (pp. 9-27). México: Siglo XXI.
- Barrera, A. (2011). Nuevas realidades, nuevos paradigmas: la nueva revolución agrícola. *COMUNICA*, 7, 10-21.

- Beadle, G. W. & Tatum, E. L. (1941). Genetic control of biochemical reactions in *Neurospora*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 27, 499-506.
- Bejarano, F. (2002): *La espiral del veneno: guía crítica ciudadana sobre plaguicidas*. De la serie Cuadernos para una agenda ciudadana. Red de Acción sobre Plaguicidas y alternativas en México (RAPAM).
- Benbrook, C. (2002). ¿Cuándo es rentable sembrar maíz Bt? Idaho, Estados Unidos. Recuperado de <http://www.biodiversidadla.org/content/download/14042/58311/v>
- Benzer, S. (1955). Fine structure of a genetic region in bacteriophage. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 41, 344-354.
- Birch, R. (1997). Plant transformation: Problems and strategies for practical application. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, 48, 297-326.
- Bogdanov, A. A., Zinovkin, R. A. & Zamyatnin, A. A. (2011). RNA Editing: Breaking the Dogma. *Biochemistry*, 76 (8), 867-868.
- Bolívar Zapata, F. (Comp. y Ed). (2007). *Fundamentos y casos exitosos de la Biotecnología Moderna*. Segunda edición. México: El Colegio Nacional.
- Bolívar Zapata, F. (Coord.). (2011). *Por un uso responsable de los Organismos Genéticamente Modificados*. México: Academia Mexicana de Ciencias.
- Borlaug, N. (1972). Defensa del DDT y otros plaguicidas. *El Correo*, 25 (2), 4-12.
- Borlaug, N. (2000). Ending World Hunger. The promise of Biotechnology and the Threat of Antiscience Zealotry. *Plant Physiology*, 124, 487-490.
- Bravo, E. (2010). Características de la crisis alimentaria crónica. *Estudios Ecologistas*, 6, 46-60.
- Cairns, J., Overbaugh, J. & Miller, S. (1988). The Origin Of Mutants. *Nature*, 335, 142-145.
- Casassus, B. (2013). Study linking GM maize to rat tumours is retracted. *Nature News*. Recuperado de: [doi:10.1038/nature.2013.14268](https://doi.org/10.1038/nature.2013.14268)
- Ceccon, E. (2008). La revolución verde, tragedia en dos actos. *Ciencias*, 91, 21-29.
- Chapela, I., Quist, D. (2001). Transgenic DNA introgressed into traditional maize landraces in Oaxaca, Mexico. *Nature*, 414, 541-543.
- Chargaff, E. (1950). Chemical specificity of nucleic acids and mechanism of their enzymatic degradation. *Experientia*, 6, 201-209.

- Chen, C., Smye, S., Robinson, M. & Evans J. (2006). Membrane electroporation theories: a review. *Medical & Biological Engineering & Computing*, 44, 5-14.
- Claros, G. (2003). Aproximación histórica a la biología molecular a través de sus protagonistas, los conceptos y la terminología fundamental. *Panacea*, IV (12), 168-179.
- Cooper, M. D., & Alder, M. N. (2006). The Evolution of Adaptive Immune Systems. *Cell*, 124, 815-822.
- Covantes Torres L. (2004). Contaminación genética del maíz. En J. Muñoz Rubio (Coord), *Alimentos Transgénicos, Ciencia, Ambiente y Mercado: Un Debate Abierto* (pp. 233-249). México: Siglo XXI.
- Covarrubias Robles, A. (2004). Ventajas y limitaciones de la biotecnología en la obtención de variedades resistentes a estrés ambiental. En J. Muñoz Rubio (Coord.), *Alimentos Transgénicos, Ciencia, Ambiente y Mercado: Un Debate Abierto* (pp. 51-66). México: Siglo XXI.
- Crick, F. (1958). On Protein Synthesis. *Symposia of the Society for Experimental Biology*, XII, 139-163.
- Crick, F. (1970). Central dogma of molecular biology. *Nature*, 227 (5258), 561-563.
- Danilova, S. (2007). The technologies for genetic transformation of Cereals. *Russian Journal of Plant Physiology*, 54 (5), 569-581.
- Dávila-Velderrain, J. & Álvarez-Buylla, E. (2015). Esquemas de causación lineales en biología postgenómica: la subliminal y conveniente suposición del mapeo uno a uno entre genotipo y fenotipo. *Interdisciplina*, 3 (5), 61-76.
- De Ita Rubio, A. (2004). Maíz transgénico en México: apagar el fuego con gasolina. En J. Muñoz Rubio (Coord.), *Alimentos Transgénicos, Ciencia, Ambiente y Mercado: Un Debate Abierto* (pp. 251-260). México: Siglo XXI.
- Díaz Granados, C. & Chaparro-Giraldo, A. (2012). Transformación genética de plantas. *Revista U.D.C.A Actualidad & Divulgación Científica*, 15 (1), 49-61.
- Dounce, A. (1952). Duplicating mechanism for peptide chain and nucleic acid synthesis. *Enzymologia*, 15 (5), 251-258.
- Eapen, S. (2008). Advances in development of transgenic pulse crops. *Biotechnology Advances*, 26, 162-168.
- Eckholm, E. (1978). Disappearing species. The social challenge. *Worldwatch Paper*, 22, 1-38.

- El-Hani, C. N. (2007). Between the cross and the sword: The crisis of the gene concept. *Genetics and Molecular Biology*, 30, 297-307.
- Escalona Aguilar, M. A. (2005). La biodiversidad como estrategia para la seguridad alimentaria. *La ciencia y el hombre*, 18 (2), 41-46.
- ETC group, (2013). El carro delante del caballo. Semillas, suelos y campesinos. ¿Quién controla los insumos agrícolas? Informe 2013. Cuaderno 111. Recuperado de <http://www.etcgroup.org/sites/www.etcgroup.org/files/Cartel%20Before%20Horse%20SPANISH-web-Oct2013%20.pdf>
- Falk, R. (1986). What is a gene? *Studies in History and Philosophy of Science*, 17, 133-173.
- Falk, R. (2010). What is a gene? – Revisited. *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 41, 396-406.
- FAO (2009). *Evaluación de la inocuidad de los alimentos genéticamente modificados instrumentos para capacitadores*. Recuperado de <http://www.fao.org/docrep/004/y3557s/y3557s06.htm>
- FAO (2002). *Agricultura mundial: Hacia los años 2015-2030*. Recuperado de <http://www.fao.org/docrep/004/y3557s/y3557s06.htm>
- Filipecki, M. & Malepszy, S. (2006). Unintended consequences of plant transformation: a molecular insight. *Journal of Applied Genetics*, 47 (4), 277-286.
- Fogle, T. (1990). Are genes units of inheritance? *Biology & Philosophy*, 5, 349-371.
- Fogle, T. (2000). The dissolution of protein coding genes. En P. J. Beurton, R. Falk & H. Rheinberger (eds.), *The Concept of the Gene in Development and Evolution* (pp. 3-25). Cambridge: Cambridge University Press.
- Fox, M. B., Esveld, D. C., Valero, A., Luttge, R., Mastwijk, H. C., Bartels, P. V... Boom, R. M. (2006). Electroporation of cells in microfluidic devices: a review. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 385, 474-485.
- Franco Vera, L. (2003). Doble hélice, genes y cromosomas. *Real Academia de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales*, 97 (2), 203-222.
- Franklin, R. & Gosling, R. (1953). The structure of sodium thymonucleate fibres. I. The influence of water content. *Acta Crystallographica*, 6, 673-677.
- Gálvez Mariscal, A. (2004). Consecuencias de la industria alimentaria de la utilización de organismos genéticamente modificados. En J. Muñoz Rubio (Coord.), *Alimentos*

Transgénicos, Ciencia, Ambiente y Mercado: Un Debate Abierto (pp. 219-231). México: Siglo XXI.

- García, R. (2006). *Sistemas complejos. Conceptos, método y fundamentación epistemológica de la investigación interdisciplinaria*. Barcelona: Gedisa.
- Gericke, N. & Hagberg, M. (2007). Definition of historical models of gene function and their relation to students' understanding of genetics. *Science & Education*, 16, 849-881.
- Gerstein, M. B., Bruce, C., Rozowsky, J. S., Zheng, D., Du, J., Korb, J. O... Snyder, M. (2007). What is a gene, post-ENCODE? History and updated definition. *Genome Research*, 17, 669-681.
- Gesteland, R. E., Weiss, R. B. & Atkins, F. (1992). Recoding: Reprogrammed genetic decoding. *Science*, 257, 1640-1641.
- Gingeras, T. R. (2007). Origin of phenotypes. Genes and transcripts. *Genome Research*, 17, 682-690.
- Gleba, Y., Marillonnet, S. & Klimyuk, V. (2004). Engineering viral expression vectors for plants: the 'full virus' and the 'deconstructed virus' strategies. *Current Opinion in Plant Biology*, 7, 182-188.
- Graveley, B. R. (2001). Alternative Splicing: Increasing Diversity in the Proteomic World. *Trends in Genetics*, 17, 100-107.
- Griffith, F. (1928). The significance of pneumococcal types. *Journal of Hygiene*, 27, 113-159.
- Griffiths, P. E. (2001). Genetic Information: A Metaphor In Search of A Theory. *Philosophy of Science*, 68 (3), 394-412.
- Griffiths, P. E. & Neumann-Held, E. (1999). The Many Faces of the Gene. *BioScience*, 49 (8), 656-662.
- Griffiths, P. E. & Stotz, K. (2006). Genes in the Postgenomic Era. *Theoretical Medicine and Bioethics*, 27, 499-521.
- González-Casanova, P. (2005). *Las Nuevas Ciencias y las Humanidades: De la Academia a la Política*. 2da. Edición. México: Editorial Anthropos.
- Guevara-Pardo, G. (2004). DNA: Historia de un éxito científico. *Revista Colombiana de Filosofía de la Ciencia*, 3 (10), 9-40.
- Gurian-Sherman D. (2009). *Failure to yield: evaluating the performance of genetically modified crops*. Cambridge: UCS Publications.

- Hall, B. (2003). Unlocking the black box between genotype and phenotype: cell condensation as morphogenetic (modular) units. *Biology and Philosophy*, 18,219-247.
- Hanson, M. R. (1996). Protein Products of Incompletely Edited Transcripts are Detected in Plant Mitochondria. *The Plant Cell*, 8 (1), 1-3.
- Hershey, A. D. & Chase, M. (1952). Independent functions of viral protein and nucleic acid in growth of bacteriophage. *Journal of General Physiology*, 36, 39-56.
- Herrera Estrella, L. & Martínez Trujillo, M. (2004). Plantas transgénicas: potencial, uso actual y controversias. En J. Muñoz Rubio (Coord.), *Alimentos Transgénicos, Ciencia, Ambiente y Mercado: Un Debate Abierto* (pp. 29-50). México: Siglo XXI.
- Ho, M. W. (2003). Transgenic lines proven unstable. *Science in Society*, 20,35-36.
- Jablonka, E. & Lamb, M. (2005). *Evolution in Four Dimensions: Genetic, Epigenetic, Behavioral and Symbolic Variation in the History of the Life*. Cambridge, Massachusetts: The MIT Press.
- James, C. (2014). *Situación mundial de los cultivos biotecnológicos/GM comercializados: 2014. Resumen ejecutivo*. Informe 49, ISAAA. Recuperado de <http://isaaa.org/resources/publications/briefs/49/executivesummary/pdf/B49-ExecSum-Spanish-Spain.pdf>
- Johannsen, W. (1909). *Elemente der exakten Erblchkeitslehre*, Jena. Citado por Roll-Hansen, N. (2014). The holist tradition in twentieth century genetics. Wilhelm Johannsen's genotype concept. *The Journal of Physiology*, 592 (11), 2431–2438.
- Kay, L., E. (2000). *Who Wrote the Book of Life? A History of the Genetic Code*. Stanford: Stanford University Press.
- Keller E. F. (2000). *The Century of the Gene*. Cambridge: Harvard University Press
- Keller, E. F. & Harel, D. (2007). Beyond the gene. *PLoS ONE*, 2 (11), 1-11.
- Kimbrell, A. (2002). *Fatal Harvest: The Tragedy of Industrial Agriculture*. Washington, DC: Island Press.
- Kisselev, L. (2000). Molecular Biology from 1970 to 2000 and Its Future. *Russian Journal of Biorganic Chemistry*, 26 (10), 692-695.
- Köhler, G. & Milstein, C. (1975). Continuous cultures of fused cells secreting antibody of predefined specificity. *Nature*, 5517, 495-497.
- Koonin, E. (2012). Does the Central Dogma still stand? *Biology Direct*, 7 (27). Recuperado de: <http://doi.org/10.1186/1745-6150-7-27>.

- Kuhn, T. S. (1971). *La Estructura de las Revoluciones Científicas*. México: Fondo de Cultura Económica.
- Lacadena, J. R. (2004). Horizontes y retos de la biotecnología. *Thémata*, 33, 17-50.
- Latham, J. R., Wilson, A. K. & Steinbrecher, R. A. (2006). The Mutational Consequences of Plant Transformation. *Journal of Biomedicine and Biotechnology*, 2006, 1-7.
- Lederberg, J. & Lederberg, E. (1952). Replica plating and indirect selection of bacterial mutants. *Journal of Bacteriology*, 63 (3), 399-406.
- Lev-Maor, G., Sorek, R., Levanon, E. Y., Paz, N., Eisenberg, E. & Ast, G. (2007). RNA-editing-mediated Exon Evolution. *Genome Biology*, 8, R29.
- Levene, P. (1919). The Structure of Yeast Nucleic Acid: IV. Ammonia Hydrolysis. *Journal of Biological Chemistry*, 40, 415-424.
- Levene, P. & London, E. (1928). On the structure of thymonucleic acid. *Science*, 68, 572.
- Levidow, L. (1992). *Debating the real Jurassic Park: Agricultural biotechnology as culture*. Recuperado de www.cirst.uqam.ca/PCST3/PDF/Communications/LEVIDOW
- Levidow, L. (2004): ¿Democratizando la tecnología o tecnologizando la democracia? Respuestas europeas a los cultivos transgénicos. En J. Muñoz Rubio, (Coord.), *Alimentos Transgénicos, Ciencia, Ambiente y Mercado: Un Debate Abierto* (pp. 285-298). México: Siglo XXI.
- Levins, R., Lewontin, R. (1985). *The Dialectical Biologist*. Cambridge, Massachusetts: Harvard University Press.
- Lewontin, R. C. (1995). *Biology as ideology. The Doctrine of DNA*. Segunda edición. Canadá: CBC Massey Lecture Series.
- Lewontin, R. (2000). *Genes, organismo y ambiente*. España: Gedisa.
- Lodish, H., D. Baltimore, A. Berk, S. L. Zipursky, P. Matsudaira, & J. Darnell. (1995). *Molecular Cell Biology*. New York: W. H. Freeman.
- López Munguía, A. (2006). *El metro, los alimentos y la biotecnología*. México: UNAM.
- Luria, S. E. & Delbrück, M. (1943). Mutations of Bacteria from Virus Sensitivity to Virus Resistance. *Genetics*, 28 (6), 491-511.
- Masterman, M. (1970). The Nature of a Paradigm. En Lakatos y Musgrave, 59 – 89.
- Martín, S. (2010). Sobre genes y metáforas científicas. *Fragmentos de Filosofía*, 8, 121-137.

- Marx, K. (2005). *El Capital*. Tomo I. México: Siglo XXI.
- Massieu, Y. & Barajas, R. (2001). La tecnología Terminator: corporaciones multinacionales y movilización global. *Sociedades rurales, producción y medio ambiente*, 2 (1), 83-91.
- McAfee, K. (1999). Selling Nature to save It? Biodiversity and Green Developmentalism. *Environment and Planning D: Society and Space*, 17, 133-154.
- McAfee, K. (2003). Neoliberalism on the molecular scale. Economic and genetic reductionism in biotechnology battles. *Geoforum*, 34, 203-219.
- McClintock, B. (1929). A Cytological and Genetical Study of Triploid Maize. *Genetics*, 14, 180-222.
- Medina, L. M. (2009). El gene a cien años de su origen, *Cienciabierta*, 17, 1-4.
- Mendel, Gregor. (1865). Experiments in plant hybridization. *Meetings of the Brünn Natural History*, 1-39.
- Mendiola, I. (2006). *El Jardín Biotecnológico. Tecnociencia, transgénicos y biopolítica*. Madrid, España: Catarata.
- Meselson, M. & Stahl, F.W. (1958). The Replication of DNA in Escherichia coli. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 44, 671-682.
- Meyer, L. M. N., Bomfim, G. C. & El-Hani, C. N. (2013). How to understand the gene in the 21st century. *Science & Education*, 22 (2), 345-374.
- Mohan Babu, R., Sajeenab, A. & Seetharamanb, K. (2003). Advances in genetically engineered (transgenic) plants in pest management an over view. *Crop Protection*, 22, 1071-1086.
- Montell, L (2004). La 'ingeniería genética' ¿es ingeniería? Algunas observaciones críticas a las bases científicas de la 'Ingeniería Genética'. *Thémata*, 33, 201-229.
- Morange, M. (2004). The death of Francis Crick: the end of a golden age in biology. *Journal of Biosciences*, 29 (4), 378-380.
- Morange, M. (2009). The Central Dogma of Molecular Biology: A Retrospective after Fifty Years. *Resonance*, 14 (3), 236-247.
- Morgan, T. H. (1910). Sex-limited inheritance in Drosophila, *Science*, 32, 120-122.
- Moss, L. (2001). Deconstructing the gene and reconstructing molecular developmental systems. En S. Oyama, P. E. Griffiths, & R. D. Gray, (eds.), *Cycles of Contingency: Developmental Systems and Evolution* (pp. 85-97) Cambridge: MIT Press.

- Muller, H. J. (1927). Artificial transmutation of the gene. *Science*, 66, 84-87.
- Mullins, N. C. (1972). The development of a scientific speciality: The Phage group and the origins of molecular biology. *Minerva*. 10 (1), 51-82.
- Muñoz Rubio, J. (2004). Ciencia y reduccionismo: una crítica a la concepción cartesiana del mundo en la producción de alimentos transgénicos. En J. Muñoz Rubio, (Coord.), *Alimentos Transgénicos, Ciencia, Ambiente y Mercado: Un Debate Abierto* (pp. 98-114). México: Siglo XXI.
- Murre, C. (2007). Epigenetics of Antigen-receptor Gene Assembly. *Current Opinion in Genetics & Development*, 17, 415-421.
- Neumann-Held, E. (2001). Let's talk about genes: The process molecular gene concept and its context. En S. Oyama, P. E. Griffiths, & R. D. Gray, (Eds.) *Cycles of Contingency: Developmental Systems and Evolution* (pp. 69-84). Cambridge: MIT Press.
- Nirenberg, M. (2004). Historical review: Deciphering the genetic code – a personal account. *Trends in Biochemical Sciences*, 29 (1), 46-54.
- Smemo, S., Tena, J. J., Kim, K. H., Gamazon, E. R., Sakabe, N. J., Gómez-Marín, C... Nóbrega, M. A. (2014). Obesity-associated variants within FTO form long-range functional connections with IRX3. *Nature*, 507 (7492), 371-375.
- Olivé Morett, L. (2004). Transgénicos, riesgo y participación pública. En J. Muñoz Rubio (Coord.), *Alimentos Transgénicos, Ciencia, Ambiente y Mercado: Un Debate Abierto* (pp. 131-147). México: Siglo XXI.
- Olivé Morett, L. (2013). La Estructura de las Revoluciones Científicas: cincuenta años. *Revista CTS*, 22 (8).
- Padilla Acero, J. (2004). Análisis de riesgos y percepción pública de los alimentos transgénicos. En J. Muñoz Rubio (Coord.), *Alimentos Transgénicos, Ciencia, Ambiente y Mercado: Un Debate Abierto* (pp. 115-130). México: Siglo XXI.
- Pardini, M. & Guimarães, R. C. (1992). A systemic concept of the gene. *Genetics and Molecular Biology*, 15, 713-721.
- Pauling, L. & Corey, R. (1951). Configurations of polypeptide chains with favored orientations around single bonds: two new pleated sheets. *Proceedings of the National Academy of Science*, 37, 282-285.
- Pauling, L. & Corey, R. (1953). Structure of the Nucleic Acids. *Nature*, 171, 346.

- Peralta, L y Marielle, C. (2013). La protección oficial del maíz frente a los transgénicos: una simulación de estado. En E. Álvarez-Buylla & A. Piñeyro (Coords), *El maíz en peligro ante los transgénicos: un análisis integral sobre el caso de México* (pp. 441-454). México: UNAM.
- Pearson, H. (2006). Genetics: What is a gene? *Nature*, 441, 398-401.
- Pichardo González, B. (2006). La revolución verde en México. *Agraria*, 4, 40-68.
- Primavesi, A. & Molina J. S. (Ed.). (1984). *Manejo ecológico del suelo: la agricultura en regiones tropicales*. Quinta Edición. México: El Ateneo Editorial.
- Portin, P. (2009). The elusive concept of the gene. *Hereditas*, 146, 112-117.
- Rao, A. Q., Bakhsh, A., Kiani, S., Shahzad, K., Shahid, A.A., Husnain, T. & Riazuddin, S. (2009). The myth of plant transformation. *Biotechnology Advances*. 27, 753-763.
- Ribeiro, S. (2014). *Asalto corporativo a las semillas*. Recuperado de <http://www.etcgroup.org/es/content/asalto-corporativo-las-semillas>
- Ribeiro, S. (2004). Cultivos transgénicos: Contexto empresarial y nuevas tendencias. En J. Muñoz Rubio (Coord.), *Alimentos Transgénicos, Ciencia, Ambiente y Mercado: Un Debate Abierto* (pp. 67-87). México: Siglo XXI.
- Sanders, A. R., Martin, E. R., Beecham, G. W., Guo, S., Dawood, K., Rieger, G... Bailey J. M. (2015). Genome-wide scan demonstrates significant linkage for male sexual orientation. *Psychological Medicine*, 45, 1379-1388.
- Sanford, J. (2000). The development of the biolistic process. *In Vitro Cellular and Developmental Biology – Plant*, 36, 303-308.
- San Vicente Tello, A. & Carreón, A. (2013). La disputa por el maíz: comunalidad vs transgénicos en México. En E. Álvarez-Buylla & A. Piñeyro, (Coords.), *El maíz en peligro ante los transgénicos: un análisis integral sobre el caso de México* (pp. 493-526). México: UNAM.
- Scherrer, K. & Jost, J. (2007): Gene and genon concept: coding versus regulation: A conceptual and information-theoretic analysis of genetic storage and expression in the light of modern molecular biology. *Theory in Biosciences*, 126, 65-113.
- Schultz, T. (1964). *Transforming traditional agriculture*. EUA: Yale University Press.
- Schleiden, M. J. (1838). Beiträge zur Phytogenesis. *Archiv fur Anatomie, Physiologie und Wissenschaftliche Medicin*, 1838, 137-176.

- Schrödinger, E. (2008). *¿Qué es la vida?* Séptima edición. Barcelona, España: Tusquets Editores.
- Seralini, G., Clair, E., Mesnage, R., Gress, S., Defarge, N., Malatesta... de Vendomois, J. (2012). Long term toxicity of a Roundup herbicide and a Roundup-tolerant genetically modified maize. *Food and Chemical Toxicology*, 50, 4221–4231.
- Seralini, G., Clair, E., Mesnage, R., Gress, S., Defarge, N., Malatesta... de Vendomois, J. (2014). Republished Study: Long term toxicity of a Roundup herbicide and a Roundup-tolerant genetically modified maize. *Environmental Sciences Europe*, 26, 14.
- Serratos, J. A., Willcox, M. C. & Castillo, F. (eds.) (1996). *Flujo genético entre maíz criollo, maíz mejorado y teocintle: implicaciones para el maíz transgénico*. México: CIMMYT.
- Smith, H. O. & Wilcox, K. W. (1970). A restriction enzyme from *Hemophilus influenzae*. I. Purification and general properties. *Journal of Molecular Biology*. 51 (2), 379-391.
- Solleiro Rebolledo, J. L. (2004). Biotecnología para un desarrollo agrícola sustentable. En J. Muñoz Rubio (Coord.), *Alimentos Transgénicos, Ciencia, Ambiente y Mercado: Un Debate Abierto* (pp. 149-160). México: Siglo XXI.
- Stacey, D., Bilbao, A., Maroteaux, M., Jia, T., Easton, A. C., Longueville, S... IMAGEN Consortium (2012). RASGRF2 regulates alcohol-induced reinforcement by influencing mesolimbic dopamine neuron activity and dopamine release. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109(51), 21128–21133.
- Stadler, P., Prohaska, S., Forst, C. & Krakauer, D. (2009). Defining genes: a computational framework. *Theory in Biosciences*. 128 (3), 165–170.
- Stent, G. (1968). That Was the Molecular Biology That Was. *Science*, 160 (3826), 390-395.
- Stotz, K., Bostanci, A. & Griffiths, P. (2006). Tracking the shift to postgenomics. *Community Genetics*, 9, 190-196.
- Stotz, K., Griffiths, P. & Knight, R. (2004). How biologists conceptualize genes: an empirical study. *Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 35, 647-673.
- Sturtevant, A. H. (1913). The linear arrangement of six sex-linked factors in *Drosophila*, as shown by their mode of association. *Journal of Experimental Zoology*, 14, 43-59.

- Suárez, E. y Barahona, A. (1992). Física y biología en el nacimiento de la biología molecular: la determinación de la estructura del ADN, *Llull*, 15, 395-414.
- Snyder, M. & Gerstein, M. (2003). Defining Genes in the Genomics Era. *Science*, 300, 258-260.
- Temin, H. M. & Mizutani, S. (1970). RNA-dependent DNA polymerase in virions of Rous sarcoma virus. *Nature*, 226 (5252), 1211-1213.
- Thuillier, P. (1998). Cómo nació la biología molecular. En *Biología Molecular* (pp. 9-28). México: CONACYT.
- Tickner, J., Kriebel, D. & Wright, S. (2003). A compass for health: rethinking precaution and its role in science and public health. *International Journal of Epidemiology*, 32 (4), 489-492.
- Toledo, F., Chávez-Serbia, J. L. & de Ávila, A. (2013). *El maíz transgénico en México (en 15 píldoras)*. Oaxaca de Juárez, México: UCCS.
- Toledo Manzur, V. (2004). Ciencia, sustentabilidad y sociedad del riesgo. El caso de la biotecnología agrícola (transgénicos). En J. Muñoz Rubio (Coord.), *Alimentos Transgénicos, Ciencia, Ambiente y Mercado: Un Debate Abierto* (pp. 131-147). México, D. F. Siglo XXI.
- Trujillo Arriaga, J. (1990). Desarrollo de una agricultura sustentable en México: el paradigma agroecológico. *Comercio Exterior*, 40 (10), 953-958.
- Vasil, I. (2007). A short history of plant biotechnology. *Phytochemistry Reviews*, 7, 387-394.
- Venegra Muñoz, A. (2005). Darwin y los demonios. *La ciencia y el hombre*, 15 (2), 1-5.
- Von Bertalanffy, L. (2006). *Teoría general de los sistemas: Fundamentos, desarrollo, aplicaciones*. Segunda edición. México: FCE.
- Wain, H.M., Bruford, E.A., Lovering, R.C., Lush, M.J., Wright, M.W. & Povey, S. (2002). Guidelines for human gene nomenclature. *Genomics*, 79, 464-470.
- Walum, H. (2008). Genetic variation in the vasopressin receptor 1a gene (AVPR1A) associates with pair-bonding behavior in humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 105 (37), 14153–14156.
- Watanabe, F., Robles, M. & García, J. (2007). Sobre el origen del código genético. *Revista del Centro de Investigación*, 7 (28), 93-110.

- Watson, J. & Crick, F. (1953). Molecular structure of nucleic acids. *Nature*, 171, 737-738.
- Watve, M. & Deshpande, N. (1996). Questioning a Dogma: Do Bacteria Know When and How to Mutate. *Resonance*, 34-42.
- Weismann, A. (1891). *Essays upon heredity*. Segunda Edición. Oxford: Clarendon Press.
- Wynne, B. (2013). Ciencia global, el maíz transgénico y el neoliberalismo molecular: cambiando los fundamentos de la ciencia, innovación y políticas para una alimentación y una agricultura sostenibles. En E. Álvarez-Buylla & A. Piñeyro, (Coords.), *El maíz en peligro ante los transgénicos: un análisis integral sobre el caso de México* (pp. 279-312). México: UNAM.