

## Introducción de una papa transgénica en su centro de origen desde una perspectiva científica

Marc Ghislain

Laboratorio de Biotecnología Aplicada, División de Mejoramiento de Germoplasma y de Cultivos, Centro Internacional de la Papa, Apartado 1558, Lima 12, Perú

La introducción de variedades genéticamente modificadas (GM) en los países que son centro de origen y diversidad del cultivo, plantea varias inquietudes relacionadas con su impacto sobre la diversidad biológica. Frente a éstas, se propone que los organismos vivos modificados deberían ser prohibidos en su centro de origen y diversidad. Sin embargo, esto significaría prohibir el acceso a la tecnología moderna que le hace falta a los agricultores de escasos recursos que viven en estas regiones de alta biodiversidad. Es un tema que suscita las críticas de la agricultura industrial, de la revolución verde, y de la tecnología. En la presente ponencia trataremos de analizar las evidencias científicas que existen respecto al caso de la papa en su centro de origen, los Andes.

Primero, cabe recordar que la papa fue domesticada, probablemente, a partir de una especie silvestre que produce tubérculos, *Solanum bukasovii*, en una región al norte del lago Titicaca en el sur del Perú (Spooner et al., 2005). Por lo tanto, los Andes albergan una alta diversidad de papa cultivada (nativas) y de especies silvestres. Ese proceso de domesticación involucró múltiples etapas de flujo de genes, saltos en la ploidía, e hibridación inter-específica. Es por eso, que se especula que el movimiento de transgenes de una papa GM llegará, tarde o temprano, a las especies que constituyen la biodiversidad y por lo tanto las afectarán.

Sin embargo, en la definición de una papa GM se tiende a olvidar su componente económico. Debido al sistema regulatorio actual, una papa GM debe poseer un rasgo nuevo y distinto que retribuya al obtentor varias veces el costo de producción y de liberación de la variedad transgénica. Ese costo ha sido estimado entre 7 y 15 millones de dólares americanos para una variedad de maíz GM (Kalaitzandonakes et al., 2007). Por lo tanto, actualmente se considera introducir modificaciones genéticas solamente en variedades mejoradas de mayor producción (en el Perú podría ser Canchán o Perricholi, pero definitivamente ninguna nativa). Por esta característica, el flujo de genes de papas nativas a especies silvestres, que está generalmente referido como frecuente, y una evidencia del movimiento de genes, no es relevante en el caso de la papa GM.

En términos generales, el riesgo es una función del producto de la exposición por el daño. El caso del riesgo del movimiento de transgenes sobre la biodiversidad no es diferente. Cuando no hay flujo, cualquiera que sea el daño,

el riesgo es cero. Igualmente, cualquiera que sea el flujo, si no hay daño, el riesgo es cero. A continuación se analizarán por separado a los componentes de la ecuación.

El flujo de genes de papas comerciales hacia papas nativas y parientes silvestres está condicionado por lo menos por 7 aspectos que han sido estudiados en un proyecto llevado a cabo en el Perú (Celis et al., 2004; Scurrah et al., 2008): (1) La fecundidad de la variedad mejorada: existen variedades que son macho estéril o totalmente estéril; (2) La coincidencia de la floración: esa condición es muy común; (3) La promiscuidad: la hibridación entre parientes es casi inexistente mas allá de 20-25m; (4) La existencia de insectos polinizadores: las flores no poseen néctar y el polen es pesado, por lo tanto los abejorros que visitan las flores inducen mayormente a autofecundaciones o fecundación cruzada dentro de unos cuantos metros de distancia; (5) La germinación de la semilla: en un experimento donde se sembraron 420 bayas, solo 39 produjeron progenie que se multiplicaron solamente por tubérculos; (6) La supervivencia del híbrido: de las progenies que germinaron, todas la plantas murieron debido a heladas y sequía; (7) La selección del híbrido por el agricultor: si un agricultor no identifica y adopta al híbrido rápidamente la planta no sobrevivirá los 7 años que suele tomar una rotación después de 3 o 4 años de producción de papas mejoradas. En conclusión, si bien cada uno de los 7 elementos tiene una probabilidad no nula de ocurrencia, el producto de éstas hace que la exposición al riesgo sea un evento raro, posiblemente muy raro en el caso de las variedades mejoradas.

El segundo componente de la ecuación del riesgo es el daño. Podemos postular tres tipos de daños genéricos debido a la introducción de una papa GM en su centro de origen y diversidad: (1) ¿Podría la papa GM o un híbrido derivado establecerse como población natural?; (2) ¿Podría el cultivo de la papa GM reducir la agro-biodiversidad debido al abandono de ciertas variedades nativas por los agricultores?; y (3) ¿Podrían los transgenes estar presente en el germoplasma cultivado o silvestres en forma no-intencional?

Con el objetivo de evaluar el potencial de naturalización de las papas GM e híbridos derivados, se llevó a cabo en Puno (la cuna de la papa, a 4,000 msnm) un experimento de campo por 4 años, con 94 genotipos (la mitad eran verdaderos híbridos) provenientes de cruces entre 3 variedades de papa nativas (*Solanum tuberosum* ssp *andigena*) y 9 entradas de las tres especies silvestres siguientes: *S. acaule*, *S. bukasovii* y *S. sparsipilum*. Los resultados indican que la supervivencia de los híbridos disminuyó regularmente a lo largo de los años a excepción de 2 genotipos. En este experimento tampoco se detectó germinación de semilla a pesar de la producción de bayas. Por lo tanto, ese experimento de campo en Puno demuestra que la hibridación con especies silvestre no confiere un carácter invasivo que permitiría a una papa GM, o a un híbrido natural, establecerse como población natural.

El segundo daño postulado podría formularse como la desaparición de papas nativas debido al incremento en el cultivo de variedades mejoradas GM. Existen por lo menos 4 observaciones que sugieren que la introducción de variedades mejoradas GM no tendría efecto negativo sobre la diversidad de la papa nativa: (1) No hay estudios que lo demuestre: no se ha documentado la pérdida de diversidad genética en los últimos 60 años desde el lanzamiento de la primera variedad mejorada. Si bien, el área sembrada de las papas nativas ha disminuido debido a que son de menor productividad (5-12 t/ha) y tardías, no se puede hablar de reducción de la diversidad genética; (2) Hay evidencias que el germoplasma es redundante: las colectas *in situ* de papas nativas han mostrado una enorme repetición debido al frecuente cambio de los nombres por parte de los campesinos, lo cual fue corroborado por la reducción de 12,000 a menos de 5,000 entradas en el banco de germoplasma del CIP, y por un estudio muy reciente en Huancavelica, en el cual se encontró que en aproximadamente 1,000 variedades nativas se pudo identificar, a nivel molecular, un poco más de 400 genotipos distintos; (3) Existe una separación geográfica: las papas nativas se cultivan en áreas donde las variedades mejoradas no se producen, no es una separación absoluta, pero en términos generales las papas mejoradas no se mezclan con las papas nativas, y donde se puede producir comercialmente papas mejoradas no se producen papas nativas; (4) Existe un mercado interno y de exportación para las papas nativas: nuevos productos están siendo promocionados para las papas nativas, lo cual ha despertado un nuevo interés en este cultivo por parte de los agricultores.

Finalmente, ¿Podemos considerar como daño la presencia no-intencional de un transgen dentro del germoplasma? La presencia de ADN foráneo dentro del genoma no es solamente el resultado de la ingeniería genética, sino también de fenómenos naturales. Un ejemplo entre muchos: varios genes *Ngrol* (de origen bacteriano *Agrobacterium rhizogenes*) han sido identificados en *Nicotiana glauca* (y otras especies de *Nicotiana*) y que son funcionales (Aoki et al., 1999). La secuenciación de los genomas, inclusive del de la papa, demuestra la presencia de ADN foráneo. Debido a que existen en forma natural, la presencia no-intencional de transgenes no puede ser considerada como un daño *per se*.

En conclusión, la exposición de los transgenes de variedades mejoradas de papa hacia papas nativas o especies silvestres está sujeta a condiciones múltiples de la cual la más crítica es la adopción por el agricultor. Se puede inferir que se trata de un evento raro, muy raro. El daño sobre la biodiversidad no está evidenciado debido a que la siembra de variedades mejoradas en los últimos 60 años no ha resultado en una disminución de la diversidad genética, la papa nativa por su naturaleza mantiene una alta diversidad genética por entrada y las colecciones, tanto *in-situ* como *ex-situ*, demuestran una gran redundancia del germoplasma. Por lo tanto, las variedades mejoradas con historia de uso seguro en los Andes podrían ser objeto de la transgénesis sin poner en riesgo la biodiversidad.

Sin embargo, la ausencia de evidencia de riesgo no debe tampoco ser interpretada como evidencia de ausencia de riesgo. Falta evidenciar si la presencia de variedades mejoradas ha resultado en la introgresión de genes exóticos en el genoma de las papas nativas. Igualmente, falta demostrar que los rasgos que confieren los transgenes no den una ventaja en un ambiente no-intervenido. Estos aspectos por investigar son temas del futuro proyecto regional llamado Proyecto *Bioseguridad LAC* [www.lacbio.org](http://www.lacbio.org).

### Referencias bibliograficas

- Aoki S, Syōno K. (1999) Horizontal gene transfer and mutation: *NgroI* genes in the genome of *Nicotiana glauca*. Proceedings of the National Academy of Sciences 96(23):13299-13234
- Celis C, Scurrah M, Cowgill S, Chumbiauca S, Green J, Franco J, Main G, Kiezebrink D, Visser RG and Atkinson HJ (2004). Environmental biosafety and transgenic potato in a centre of diversity for this crop. Nature 432: 222–225
- Kalaitzandonakes N, Alston JM, Bradford KJ (2007). Compliance costs for regulatory approval of new biotech crops. Nat Biotechnol 25:509–511
- Scurrah M, Celis C, Chumbiauca S, Salas A and Visser RGF (2008). Hybridization between wild and cultivated potato species in the Peruvian Andes and biosafety implications for deployment of GM potatoes. Euphytica 164:881-892
- Spooner DM, McLean K, Ramsay G, Waugh R and Bryan GJ (2005). A single domestication for potato based on multilocus amplified fragment length polymorphism genotyping. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 102: 14694–14699