

INGENIERÍA GENÉTICA EN PLANTAS: CONCEPTOS, CASOS Y CONTROVERSIAS

Jhesel Almeida-Cunguan
Pedro D. Cadena-Nogales
Christhoper Carrasco-Sánchez
Nathaly Maldonado-Taipe
Jessica Sánchez-Moreano
Iverson Sinaluisa-Pilataxi



Revisión técnica:

Editorial CEDIA

Corrección de estilo:

Editorial CEDIA

Portada:

Cortesía de Pedro D. Cadena-Nogales,
2026

Diseño y diagramación:

Daniel Peña Ullauri

Coordinación:

Laura Malache S.
Editorial CEDIA

Una publicación de la Editorial CEDIA,
arbitrada por pares académicos de doble ciego.

cedia

CEDIA

Gonzalo Cordero 2-111 y
J. Fajardo
Cuenca – Ecuador
cedia.edu.ec

Ikiam
Universidad Regional Amazónica

**UNIVERSIDAD REGIONAL
AMAZÓNICA**

Parroquia Muyuna, kilómetro 7 vía
a Alto Tena
Tena - Ecuador
ikiam.edu.ec

Primera edición

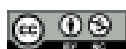
ISBN: 978-9907-9549-1-3

DOI: <https://doi.org/10.48661/47m3-p224>

Tena, Ecuador
Julio de 2026

Citación:

Almeida-Cunguan, J., Cadena-Nogales, P. D.,
Carrasco-Sánchez, C., Maldonado-Taipe, N.,
Sánchez-Moreano, J., & Sinaluisa-Pilataxi, I. (2026).
Ingeniería genética en plantas: Conceptos, casos y
controversias. Editorial CEDIA.



This book is licensed by Creative Commons,
Attribution-NonCommercial 4.0 International
<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>

Ingeniería genética en plantas:

Conceptos, casos y controversias

Jhesel Almeida-Cunguan
Pedro D. Cadena-Nogales
Christhoper Carrasco-Sánchez
Nathaly Maldonado-Taipe
Jessica Sánchez-Moreano
Iverson Sinaluisa-Pilataxi

Universidad Regional Amazónica Ikiam
Facultad de Ciencias Socio Ambientales

Índice

Prefacio	07
Sobre este libro	08
Sobre los autores	09

1

FUNDAMENTOS Y CONCEPTOS DE LA INGENIERÍA GENÉTICA EN PLANTAS

1.1 ¿Qué es la biotecnología vegetal?	12
1.2 El descubrimiento y estudio del ADN como base de la biotecnología vegetal	14
1.3 Domesticación, mejoramiento convencional e ingeniería genética	18
1.4 Impacto de la ingeniería genética de plantas en la agricultura y producción	25
1.5 Técnicas de ingeniería genética en plantas	30
1.5.1 Diseño de constructos	30
1.5.2 Cultivo in vitro	36
1.5.3 Métodos de transformación genética	39
1.5.4 Sistemas de edición del genoma	47
1.5.5 Técnicas que no modifican el ADN	51
1.5.6 Validación y análisis	56
1.6 Terminología y clasificación en ingeniería genética vegetal	61
1.7 Preguntas de discusión y temas para ampliar	67
1.8 Referencias	68

2

CASOS REALES Y REPRESENTACIONES MEDIÁTICAS

2.1 Evidencia y debate sobre la presencia de transgenes en maíz mexicano	72
2.1.1 El caso	76
2.1.2 La explicación	77
2.1.3 Representación mediática	79
2.1.4 Ciencia vs. percepción pública	80
2.2 Trigo HB4 en Argentina: entre la adaptación al estrés hídrico y las controversias	82
2.2.1 El caso	82
2.2.2 La explicación	84
2.2.3 Representación mediática	85

2.2.4	Ciencia vs. percepción pública	86
2.3	El arroz dorado biofortificado	88
2.3.1	El caso	88
2.3.2	La explicación	89
2.3.3	La controversia	90
2.3.4	Ciencia vs. percepción pública	92
2.4	Papaya transgénica en Hawái: entre la recuperación productiva y el debate público	93
2.4.1	El caso	93
2.4.2	La explicación	94
2.4.3	La controversia	95
2.4.4	Ciencia vs. percepción pública	95
2.5	CRISPR en plantas: alcances técnicos y desafíos	98
2.5.1	La técnica	98
2.5.2	Representación mediática	99
2.5.3	Ciencia vs. percepción pública	100
2.6	“Frankenfoods” en el discurso público: lenguaje y percepción del riesgo	102
2.6.1	La controversia	104
2.6.2	Ciencia vs. percepción pública	106
2.7	Preguntas de discusión y temas para ampliar	107
2.8	Referencias	109

3

TENSIONES SOCIOCULTURALES Y POLÍTICAS EN TORNO AL USO DE LA INGENIERÍA GENÉTICA EN PLANTAS

3.1	La anatomía de la percepción pública, más allá de la "alfabetización"	117
3.2	El nudo de la controversia, tensiones socioculturales y políticas	117
3.3	Gobernanza, ¿quién decide y cómo se regula?	119
3.4	El desafío de la edición genética	121
3.5	La próxima década de la biotecnología vegetal	123
3.6	La urgencia de una alfabetización para la acción	125
3.7	Preguntas de discusión y temas para ampliar	127
3.8	Referencias	128

Prefacio

Este libro, *Ingeniería genética en plantas: Conceptos, casos y controversias*, nace con la intención de ofrecer una visión amplia y estructurada de una de las áreas más influyentes, debatidas y transformadoras de la biotecnología contemporánea. Su enfoque combina tres dimensiones que suelen presentarse de manera fragmentada:

1. Los fundamentos técnicos que sustentan la ingeniería genética vegetal.
2. Los casos de aplicaciones reales y las controversias asociadas a ellas.
3. El entramado sociocultural que moldea la percepción pública, la construcción de controversias y las decisiones políticas.

Al integrar estas perspectivas, el libro busca que el lector no solo comprenda cómo funcionan las técnicas, sino también *por qué generan debates, cómo se regulan, qué impactos tienen y de qué manera se representan en los medios*.

La conversación global sobre la ingeniería genética en plantas muestra una brecha persistente entre el avance científico y el contexto social y político que rodea estas tecnologías. Mientras la evidencia técnica progresa rápidamente, las percepciones públicas siguen influidas por preocupaciones sobre riesgo, mensajes mediáticos simplificados y tensiones históricas. Este contraste no es menor: influye en la formulación de políticas, en la aceptación social de tecnologías agrícolas, en las decisiones de productores y consumidores, y en la dirección futura de la investigación. Por ello, uno de los propósitos centrales del libro es ofrecer un espacio donde la ciencia pueda dialogar con las narrativas públicas, no para reemplazarlas, sino para contextualizarlas, comprenderlas y facilitar una discusión informada y matizada.

Sobre este libro

Este libro está diseñado para una audiencia diversa:

- Estudiantes universitarios y de posgrado en biotecnología, agronomía, genética, ciencias ambientales o comunicación científica.
- Docentes que requieren una síntesis sólida, actualizada y pedagógica.
- Investigadores que buscan una mirada integradora entre técnica y sociedad.
- Profesionales del sector agrícola, regulatorio o biotecnológico.
- Periodistas, comunicadores y actores de políticas públicas que enfrentan debates sobre ciencia y tecnología.
- Cualquier lector interesado en comprender la ingeniería genética vegetal en su dimensión técnica y sociocultural.

La estructura del libro permite abordarlo tanto como un manual de conceptos fundamentales, presentados en el capítulo 1 junto con recuadros

explicativos que destacan términos y nociones clave, como una guía para examinar situaciones reales a través del capítulo 2, desarrollado en forma de casos de estudio. El capítulo 3 complementa estos análisis al profundizar en las tensiones sociopolíticas asociadas a la ingeniería genética en plantas. En conjunto, los tres capítulos integran explicaciones técnicas, ejemplos aplicados y perspectivas socioculturales, apoyados por esquemas, diagramas y fotografías. Los pies de página aportan aclaraciones que facilitan la lectura sin interrumpir el hilo principal. Aunque el libro puede consultarse de manera no lineal, se sugiere comenzar por el capítulo 1 para adquirir las bases conceptuales y continuar luego con los capítulos 2 y 3, que ofrecen el contexto aplicado, político y social necesario para interpretar los debates actuales. Asimismo, al final de cada capítulo se incluyen preguntas de discusión y sugerencias de temas para ampliar, orientadas a promover la reflexión crítica y facilitar su uso en contextos educativos interdisciplinarios.

Sobre los autores

Nathaly Maldonado-Taípe es profesora en la Universidad San Francisco de Quito (USFQ). Estudió una maestría en Agroingeniería y un doctorado en Mejoramiento y Genética de Plantas en la Universidad de Kiel (Alemania), además de realizar una estancia posdoctoral centrada en mutación química en plantas. Su investigación se ha enfocado en quinua, soya, rosas, cannabis y especies amazónicas, con énfasis en cultivo in vitro, mapeo genético y tecnologías ómicas. Más allá de la investigación, le apasionan profundamente las plantas y la vinculación de la ciencia con los desafíos locales, así como la difusión del conocimiento y la formación de nuevas generaciones en biotecnología vegetal.

Pedro Cadena-Nogales es docente-investigador en la Universidad Regional Amazónica Ikiam. Realizó una maestría en Investigación en Didáctica de las Ciencias Experimentales en la Universidad de Valencia (España) y actualmente cursa su doctorado en la misma área. Su línea de investigación se centra en el desarrollo del pensamiento crítico, la creatividad y la formación docente en contextos de ciencias experimentales. Ha impulsado procesos de divulgación científica y estrategias didácticas innovadoras. Sus trabajos combinan enfoques pedagógicos, con miras a formar profesionales críticos, informados y comprometidos con los desafíos sociocientíficos de la Amazonía y del país.

Jessica Sánchez-Moreano es docente en la Universidad Técnica de Ambato e investigadora de la Universidad Regional Amazónica Ikiam. Cursó sus estudios de maestría en la Fujian Agriculture and Forestry University – FAFU (China). Su trabajo investigativo abarca genómica y fisiología vegetal, interacciones planta-microorganismos, ecofisiología e impacto del cambio climático en sistemas agrícolas. Ha participado en estudios sobre regulación génica en banano y cítricos, control biológico y biodiversidad amazónica. Su experiencia profesional incluye el diseño e implementación de sistemas de riego, cálculos de requerimientos hídricos y capacitación a agricultores en manejo sostenible de nutrición vegetal, suelo y agua. Su labor se dirige a fortalecer sistemas productivos resilientes y biodiversos. Contribuye a la formación crítica para impulsar una agricultura más sostenible y beneficiosa para la sociedad.

Jhesel Melanie Almeida Cunguan es ingeniera en Biotecnología por la Universidad Regional Amazónica Ikiam. Su trabajo de grado abordó el estudio metabolómico y la actividad antimicrobiana de plantas amazónicas, integrando técnicas analíticas avanzadas con ensayos experimentales. Ha presentado sus resultados en espacios académicos nacionales e internacionales y ha participado en la organización de eventos científicos. Sus intereses profesionales se enfocan en el análisis de compuestos bioactivos

de origen vegetal y en su aplicación en biotecnología y salud. Además, participa activamente en iniciativas de divulgación científica orientadas a fortalecer el vínculo entre la investigación, el territorio y las comunidades. Su trayectoria refleja un compromiso con la investigación responsable y con la valoración del conocimiento biológico y cultural de la Amazonía.

Iverson Sinaluisa-Pilataxi es ingeniero en Biotecnología graduado de la Universidad Regional Amazónica Ikiam. Su investigación de titulación se enfocó en analizar las diferencias metabolómicas y antimicrobianas asociadas al estado fisiológico y ontogénico de las hojas de guayusa, así como a las condiciones de cultivo y la calidad del suelo. Ha participado como ponente en eventos nacionales e internacionales, fortaleciendo su formación científica y su compromiso social. Su trayectoria sobresale por la articulación de saberes ancestrales con procesos de escalado en laboratorio y proyecciones hacia aplicaciones industriales. En los últimos años, ha colaborado en voluntariados de conservación, educación ambiental y manejo de fauna silvestre en centros de paso de la provincia de Napo. En el futuro, orienta

sus intereses profesionales al descubrimiento de compuestos bioactivos con potencial terapéutico frente a enfermedades de relevancia global.

Christhoper Alexander Carrasco Sánchez es ingeniero en Biotecnología graduado de la Universidad Regional Amazónica Ikiam, con experiencia en cultivo in vitro de especies amazónicas y análisis cuantitativo de datos experimentales. Su trabajo de investigación se enfocó en el mejoramiento genético de plantas mediante la aplicación de modelos mixtos y metodologías BLUP para la estimación de parámetros genéticos. Este enfoque permite predecir valores genéticos aditivos y determinar el potencial de diversas variedades como progenitores en programas de selección dirigidos al mejoramiento de rasgos en rosas. Ha participado en proyectos relacionados con cultivo in vitro, fitorremediación y análisis estadístico avanzado, así como en la redacción y estructuración de artículos científicos. Su interés profesional se centra en la comprensión profunda de los patrones complejos de herencia y en su integración con herramientas cuantitativas para optimizar procesos de mejoramiento vegetal.

Fundamentos y conceptos de la ingeniería genética en plantas

Nathaly Maldonado-Taípe^{1} y Christopher Carrasco-Sánchez²*

¹Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Universidad San Francisco de Quito (USFQ),
Diego de Robles y Vía Interoceánica s/n, Quito, 170901, Ecuador.

Correo: nmaldonadot@usfq.edu.ec

ORCID: 0000-0002-1057-2200

²Universidad Regional Amazónica Ikiam. Vía Muyuna - Alto Tena km7, Tena, Napo, Ecuador

Este capítulo presenta los fundamentos conceptuales y técnicos de la ingeniería genética en plantas. Su propósito es ofrecer al lector una base sólida sobre los principios biológicos, las herramientas y los procedimientos que sustentan esta disciplina, comenzando con los hitos históricos que sentaron sus bases y con la distinción entre mejoramiento genético convencional y la ingeniería genética moderna. A lo largo de la lectura se presentan las principales técnicas de transformación y edición del genoma, así como los métodos emergentes que permiten modular la expresión génica sin alterar la secuencia del ADN. Dado que el debate en torno a la biotecnología vegetal suele estar atravesado por interpretaciones sociales, políticas y mediáticas, se ha optado por iniciar el libro con un enfoque predominantemente explicativo, que permita comprender con claridad los procesos científicos involucrados. Este énfasis técnico constituye el punto de partida necesario para abordar, en los capítulos siguientes, las dimensiones críticas y controversiales asociadas a estas tecnologías.

1.1. ¿Qué es la biotecnología vegetal?

La biotecnología es una disciplina científica que integra principios biológicos, químicos y de ingeniería para utilizar organismos vivos o sus componentes celulares en la generación de productos, procesos o servicios que satisfagan necesidades humanas. Su aplicación abarca diversos campos como la medicina, la agricultura, la industria y la protección ambiental.

Dentro de este contexto, la biotecnología vegetal se posiciona como una rama especializada de la biotecnología que se enfoca en la comprensión, manipulación y aplicación de los sistemas biológicos de las plantas. Esta disciplina utiliza organismos vegetales, células y tejidos como modelos experimentales y plataformas de producción para generar conocimiento o productos con valor agronómico, industrial o ambiental. Entre sus principales objetivos se encuentran mejorar el potencial genético de las especies cultivadas y aprovechar sus capacidades metabólicas para resolver problemas asociados con la producción agrícola, la nutrición y la conservación de recursos naturales.

Biotecnología:

Uso de organismos vivos, células o componentes biológicos para desarrollar productos o procesos útiles para la salud, la agricultura, la industria o el ambiente.

Biotecnología vegetal:

Rama de la biotecnología que aplica herramientas científicas, como el cultivo de tejidos, los marcadores moleculares y la edición genética, para mejorar plantas, desarrollar nuevas variedades vegetales o producir compuestos de interés agrícola, alimentario o medicinal.

Las aplicaciones de la biotecnología vegetal son diversas y han transformado la agricultura y la industria (Figura 1.1). En el ámbito agrícola, las técnicas biotecnológicas han permitido desarrollar cultivos con resistencia a plagas y enfermedades, tolerancia a la sequía y a la salinidad, y mejoras en la calidad nutricional y postcosecha. En la industria farmacéutica y biotecnológica, las plantas se han convertido en biofábricas naturales capaces de producir proteínas terapéuticas,

vacunas, anticuerpos o metabolitos de interés médico. En el ámbito ambiental, se utilizan especies vegetales modificadas para la biorremediación de suelos contaminados y bioadsorción de metales pesados, contribuyendo a la mitigación de los impactos ambientales. Estos avances demuestran que la biotecnología vegetal no solo busca incrementar la productividad, sino también promover la sostenibilidad y el equilibrio ecológico (Hu y Liu, 2025).

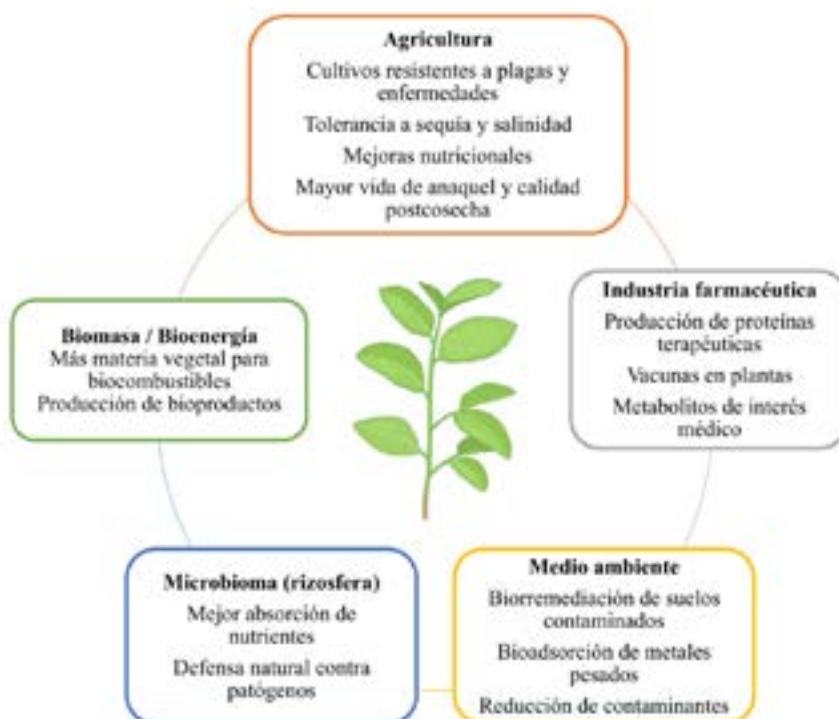


Figura 1.1. Aplicaciones de la biotecnología vegetal. La biotecnología vegetal contribuye al desarrollo de la agricultura, la industria y la gestión ambiental mediante cultivos mejorados, producción de compuestos farmacéuticos en plantas y aplicaciones en remediación ambiental. *Biorremediación*: uso de organismos vivos para eliminar o transformar contaminantes; *bioadsorción*: unión pasiva de contaminantes a la superficie de biomasa; *rizósfera*: zona del suelo influenciada por las raíces y sus microorganismos asociados.

1.2. El descubrimiento y estudio del ADN como base de la biotecnología vegetal

El ácido desoxirribonucleico (ADN) es hoy reconocido como la molécula central de la biología, el soporte físico de la herencia y la base de la biotecnología moderna. El reconocimiento del ADN como molécula

fundamental fue el resultado de un proceso histórico sustentado en múltiples descubrimientos que se sucedieron a lo largo de más de un siglo (Figura 1.2).

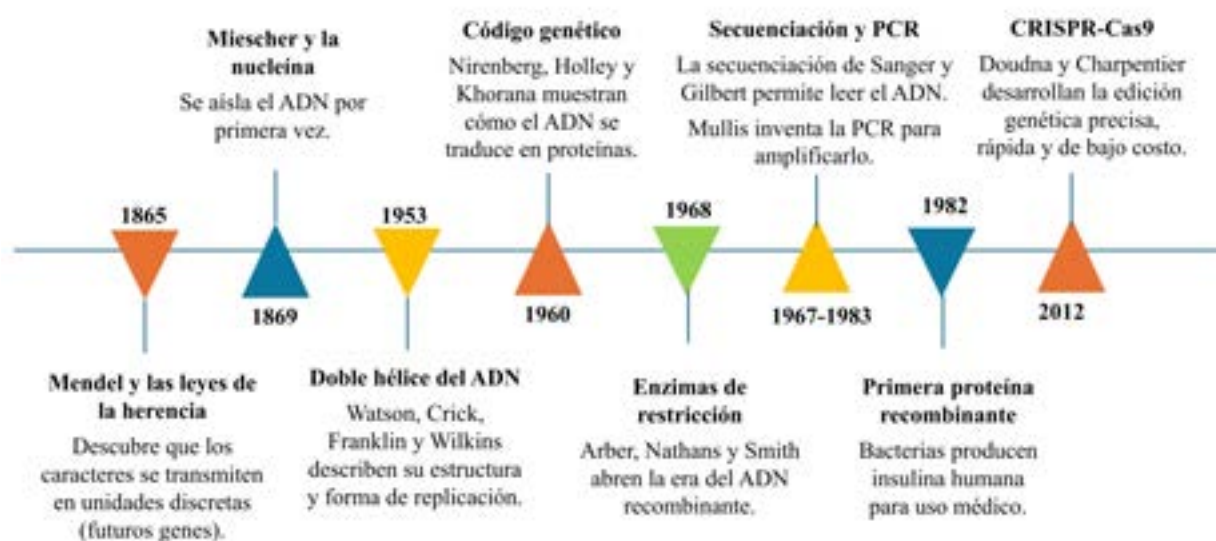


Figura 1.2. Principales hitos en el desarrollo de la genética molecular y la biotecnología moderna. Se muestran hitos clave desde los primeros descubrimientos sobre la herencia y el ADN hasta el desarrollo de la edición genética mediante CRISPR-Cas9.

El primer evento se dio en 1865, cuando el monje agustino Gregor Mendel, a partir de sus experimentos con guisantes, estableció las leyes de la herencia. Sus resultados demostraron que los caracteres se transmitían de manera predecible de una generación a otra mediante unidades hereditarias discretas que posteriormente serían denominadas genes. Apenas cuatro años después, en 1869, el médico suizo Friedrich Miescher aisló a partir de leucocitos¹ una sustancia hasta entonces desconocida, rica en fósforo, a la que denominó *nucleína*; sin saberlo, había identificado por primera vez lo que hoy conocemos como ADN.

En 1911, Thomas Hunt Morgan demostró que los genes residen en los cromosomas. Su alumno Alfred Sturtevant, en 1913, mostró que los genes ocupan posiciones ordenadas a lo largo de los cromosomas. Durante las primeras décadas del siglo XX surgieron además importantes innovaciones conceptuales: en 1909, Wilhelm Johannsen acuñó la palabra gen, y en 1919, Karl Ereky utilizó por primera vez el término *biotecnología*.

¹**Leucocitos:** Células del sistema inmunitario encargadas de defender al organismo frente a infecciones y agentes extraños.

Gen:

Secuencia de ADN que contiene la información necesaria para producir un producto funcional, normalmente una proteína.

En los humanos, entre el 1% y el 2% de ADN corresponde a secuencias que codifican proteínas. El 98–99% restante incluye regiones reguladoras, secuencias repetitivas, partes con funciones desconocidas y fragmentos de origen viral o evolutivo antiguo.

En las plantas ocurre algo similar: en promedio, entre el 2% y el 5% del ADN corresponde a genes.

El siguiente gran avance se produjo en 1928, cuando Frederick Griffith descubrió el fenómeno de la transformación bacteriana. En su experimento, bacterias no patógenas adquirían virulencia al ser expuestas a extractos de bacterias muertas patógenas. Este hallazgo sugirió la existencia de un “principio transformante” capaz de transmitir información genética. El descubrimiento más trascendental llegó en 1953, cuando James Watson y Francis Crick, basándose en una fotografía obtenida por Rosalind Franklin y en los datos de Maurice Wilkins, propusieron el modelo de la doble hélice (Figura 1.3). Esta estructura explicaba cómo el ADN podía replicarse mediante la complementariedad de las bases y cómo su secuencia codi-

fica la información biológica. A partir de ese momento, la biología ingresó en la era molecular.

En los años sesenta, Nirenberg, Holley y Khorana descifraron el código genético, demostrando cómo la información contenida en el ADN (genotipo) se traduce en proteínas, un proceso fundamental para la expresión de los caracteres observables en los organismos (fenotipo) (Figura 1.4), y en 1968, Arber, Nathans y Smith descubrieron las enzimas de restricción, que permitieron cortar y manipular el ADN en sitios específicos (Figura 1.5) (Klug y Cummings, 2013).

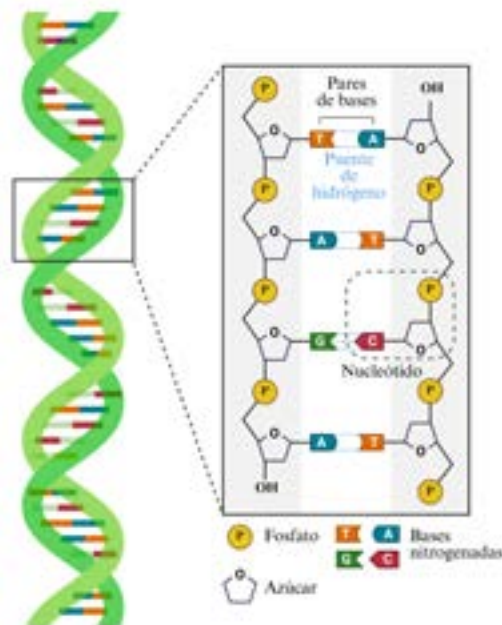


Figura 1.3. Estructura del ADN. Representación de la doble hélice de ADN y sus bases nitrogenadas: adenina (A), timina (T), citosina (C) y guanina (G). Estas moléculas forman los “escalones” de la hélice y se unen mediante pares específicos (A–T y C–G), lo que permite el almacenamiento de la información genética. Un nucleótido está formado por una base nitrogenada, un azúcar pentosa (desoxirribosa) y un grupo fosfato.



Figura 1.5. Acción de una enzima de restricción. La “tijera” representa una enzima de restricción, una proteína natural que corta ADN en secuencias específicas. El ejemplo muestra a EcoRI, que reconoce el sitio GAATTC y corta en puntos definidos, generando extremos cohesivos. Estas enzimas fueron descubiertas en bacterias y actualmente se utilizan ampliamente en biotecnología para la manipulación del ADN.

Código genético:

Conjunto de reglas mediante las cuales la información almacenada en el ADN se traduce en proteínas.

1) ADN a ARNm (transcripción):

El ADN se copia en una molécula de ARN. Existen diferentes tipos de ARN, como el ARN mensajero (ARNm), ARN de transferencia (ARNt) y ARN ribosomal (ARNr). En este texto, cuando se utilice el término ARN sin especificación, se hará referencia de manera general a estas moléculas, y cuando sea necesario se indicará el tipo específico. En el proceso de transcripción, se genera principalmente ARN mensajero (ARNm), que es el que transporta la información genética para la síntesis de proteínas.

2) ARNm → proteína (traducción):

El ARNm se lee en grupos de tres bases llamados codones, y cada codón corresponde a un aminoácido.

Los aminoácidos se unen para formar proteínas.

Las proteínas participan en la mayoría de los procesos celulares y contribuyen a determinar muchas características observables de los organismos.

Genotipo:

Conjunto de genes que posee un organismo. Es la información genética “escrita” en el ADN.

Fenotipo:

Resultado observable de la información genética: color de ojos, altura, forma de una semilla, resistencia a enfermedades, etc. El fenotipo es la expresión visible del genotipo, influida también por el ambiente.

En 1977, Frederick Sanger y Walter Gilbert desarrollaron técnicas de secuenciación² que permitieron leer por primera vez fragmentos completos de ADN. En 1982 ocurrió un hito importante: por primera vez se produjo insulina humana usando bacterias modificadas genéticamente. En lugar de obtenerla de animales, las bacterias fueron modificadas genéticamente para incorporar el gen humano de la insulina y comenzaron a producir esta proteína. Estos avances sentaron las bases para trasladar las herramientas moleculares al mundo vegetal.

Posteriormente, en 1983, Kary Mullis inventó la técnica PCR y posibilitó la amplificación de fragmentos de ADN en pocas horas.

Hoy en día, el conocimiento del ADN ha alcanzado una escala difícil de imaginar hace apenas algunas décadas. Miles de genomas completos han sido secuenciados, desde bacterias, hongos y virus hasta animales domésticos, cultivos agrícolas, plantas silvestres y seres humanos. Existen bases de datos que reúnen más de 600 000 genomas de microorganismos, así como secuencias genómicas com-

pletas o parciales de cientos de miles de especies vegetales, incluidos cultivos clave como arroz, trigo, maíz, papa, tomate, cacao, soya y cientos de frutas y especies forestales (Schwacke et al., 2025). Esta diversidad genética digitalizada permite comparar especies entre sí, entender su evolución, identificar genes útiles y diseñar herramientas de mejoramiento con una precisión inédita.

Finalmente, en 2012, Jennifer Doudna y Emmanuelle Charpentier demostraron que el sistema CRISPR-Cas9 podía utilizarse como una herramienta eficiente de edición genética. Este avance marcó un punto de inflexión al permitir modificar genomas con rapidez, precisión y un costo relativamente bajo, impulsando desarrollos en biotecnología vegetal, medicina y biología molecular (Mukhtiar et al., 2025). En poco más de un siglo, la ciencia pasó de identificar una sustancia presente en el núcleo celular a intervenir de manera controlada los genomas completos de diversos organismos. Estos progresos consolidaron las bases de la biotecnología vegetal moderna.

1.3. Domesticación, mejoramiento convencional e ingeniería genética

La domesticación, el mejoramiento convencional y la ingeniería genética son etapas de un mismo proceso histórico mediante el cual las sociedades humanas han transformado las plantas: primero seleccionando variación natural y, más recientemente, modificando genes de forma directa y precisa para responder a necesidades agrícolas y ambientales.

La primera gran “tecnología genética” aplicada por la humanidad fue la domesticación de plantas. Mucho antes de la existencia de laboratorios, los agricultores seleccionaban las semillas de las plantas más productivas, más dulces, más grandes o fáciles de cosechar, y descartaban las que no cumplían con estas características. Con cada ciclo de siembra y cosecha, la selección humana favorecía

determinadas variantes genéticas presentes en las especies silvestres, favoreciendo mutaciones útiles y eliminando aquellas que dificultaban su consumo. Así, el teocintle dio origen al maíz moderno; las primeras papas amargas y tóxicas se convirtieron en tubérculos grandes y comestibles; y los plátanos silvestres, originalmente llenos de semillas duras, dieron lugar a las variedades actuales de pulpa abundante y prácticamente sin semillas (Romero et al., 2025). La domesticación fue, en esencia, un proceso de modificación genética indirecta guiado por selección artificial. La biotecnología vegetal retoma esta misma lógica: modificar plantas para mejorar su rendimiento, resistencia o nutrición, pero con herramientas que permiten hacerlo con mayor rapidez, precisión y conocimiento científico.

²**Secuenciación:** Procedimiento analítico que permite identificar el orden preciso de nucleótidos en un fragmento de ADN o ARN, mediante tecnologías que detectan y registran la incorporación o lectura de bases durante su síntesis o separación.

Mutación:

Cambio en el material genético de un organismo. Proviene del latín *mutare* (cambiar). Las mutaciones ocurren de manera natural y frecuente. La mayoría pasan desapercibidas, pero algunas generan variaciones que pueden heredarse y ofrecen ventajas al individuo.

Domesticación:

Proceso mediante el cual una especie silvestre se transforma a través de la selección realizada por seres humanos. Proviene de *domus* (casa), aludiendo al paso de lo salvaje a lo manejado por las personas. La domesticación modifica rasgos físicos, fisiológicos y reproductivos para hacer a las especies más útiles y manejables para el ser humano.

La domesticación constituye la forma más antigua de mejoramiento, basada en la selección empírica de variantes favorables. En la actualidad, objetivos similares se alcanzan mediante el mejoramiento

convencional, que cruza y selecciona plantas para combinar rasgos útiles, y mediante la ingeniería genética, que modifica genes de forma directa y precisa (Tabla 1.1).

Tabla 1.1. Comparación entre mejoramiento genético convencional e ingeniería genética en plantas.

Parámetro	Mejora genética convencional	Ingeniería genética
Fuente de variación genética	Surge de la variación natural o inducida (mutaciones, recombinación ³).	Se seleccionan genes o secuencias específicas para modificarlas o incorporarlas.
Eficiencia técnica	La fecundación y desarrollo suelen ser exitosos si hay compatibilidad.	No es un proceso “instantáneo”: la transformación exitosa tiende a ocurrir en porcentajes bajos y requiere que la edición sea precisa y funcional. Además, el código genético debe generar cambios útiles en la proteína.
Barreras reproductivas	Generalmente requiere cruzar individuos compatibles de la misma especie o especies emparentadas. En casos excepcionales, se han logrado híbridos entre especies distintas.	No depende de la compatibilidad reproductiva. Permite editar genes dentro de una misma especie o incorporar genes provenientes de otras especies.

³**Recombinación:** proceso biológico en el que dos moléculas de ADN intercambian partes de su secuencia, generando nuevas combinaciones genéticas.

Velocidad del proceso	Lento; requiere varios ciclos de cruce y selección durante años o décadas.	Rápido en comparación con métodos convencionales; las modificaciones se pueden introducir y evaluar en menos generaciones.
Precisión	Baja: se recombina gran parte del genoma, incluyendo genes no deseados.	Alta: se modifican genes específicos o incluso bases puntuales del ADN.
Tipo de modificación genética	Mezcla y recombina genomas completos mediante cruces.	Puede incorporar genes nuevos, editar secuencias existentes (edición génica) o modular la expresión genética mediante ARN sin modificar permanentemente la secuencia del ADN.
Dependencia del azar	Alta: se depende de que surjan combinaciones útiles por recombinación natural.	Baja: se diseña la modificación de forma dirigida con un objetivo definido.
Herramientas requeridas	Polinización controlada, selección fenotípica, manejo agronómico.	Transformación genética (<i>Agrobacterium tumefaciens</i> , biobalística, CRISPR-Cas), cultivo in vitro y bioinformática.
Estabilidad y heredabilidad	Rasgos heredables en reproducción sexual.	Las modificaciones pueden integrarse de forma estable en el genoma y heredarse durante generaciones. Alternativamente, algunas estrategias basadas en ARN producen efectos temporales y no hereditarios.
Uso de cultivo in vitro	Generalmente no es necesario.	Frecuentemente utilizado para regenerar plantas transformadas.
Regulación*	Menos estricta, por ser un proceso histórico y conocido.	Regulación específica debido a la introducción de modificaciones dirigidas.
Aceptación social*	Alta, generalmente percibida como “natural” o tradicional.	Variable; puede generar resistencia por percepciones de riesgo o desconfianza tecnológica.

*Boora et al. (2025).

La ingeniería genética vegetal se centra en la modificación precisa del material genético de las plantas con fines de investigación, mejoramiento o producción. A diferencia de otras ramas de la biotecnología, su objetivo no es solo comprender los procesos biológicos, sino también modificar de manera dirigida la composición genética de los organismos vegetales para conferirles características de interés agronómico, industrial o científico. La ingeniería genética actúa sobre el ADN y mecanismos

que regulan su expresión mediante la utilización de herramientas que permiten insertar, eliminar o modificar genes específicos de manera controlada. Este nivel de intervención representa una diferencia importante respecto a los métodos convencionales, no porque genere combinaciones genéticas imposibles en la naturaleza, sino porque permite orientar estos procesos de manera más precisa y en plazos más cortos, reduciendo la dependencia de múltiples generaciones de selección (Wang et al., 2025).

Ingeniería genética:

Rama de la biotecnología que modifica el ADN de un organismo para agregar, quitar o cambiar genes o bases específicos. En un sentido más amplio, incluye la manipulación del material genético y de los mecanismos que regulan su expresión, como el ARN y los procesos epigenéticos. Permite introducir características nuevas, estudiar funciones genéticas o producir compuestos útiles en medicina, agricultura e industria.

Transformación genética:

Introducción estable de ADN en las células de una planta con el fin de incorporar o modificar una característica nueva, como resistencia a enfermedades, tolerancia a sequía o producción de un compuesto específico. En la mayoría de los casos, el ADN se inserta en células cultivadas in vitro y luego, gracias a la totipotencia, esas células regeneran plantas completas que expresan el nuevo gen.

Planta transgénica:

Planta a la que se le ha incorporado un gen de otro organismo. El término proviene de trans- (a través de) y gen (unidad de herencia). Este proceso se basa en un mecanismo natural observado en la bacteria *A. tumefaciens*, que transfiere fragmentos de ADN llamados T-DNA a ciertas plantas. Algunas especies vegetales conservan fragmentos de ese ADN incorporados de forma natural en su genoma y se conocen como “plantas naturalmente transgénicas”.

El proceso general de la ingeniería genética vegetal depende del cultivo y la regeneración in vitro, que permite obtener plantas completas a partir de células modificadas y asegurar que los cambios sean estables y heredables. A su vez, la biotecnología vegetal moderna integra varias plataformas: métodos de transformación genética como *Agro-*

bacterium tumefaciens o la biobalística (explicados más adelante en este capítulo) y herramientas de bioinformática⁴, disciplina que utiliza computación para analizar secuencias y diseñar modificaciones genéticas con precisión. Esta sinergia técnica constituye la base operativa de la ingeniería genética en plantas (Figura 1.6).

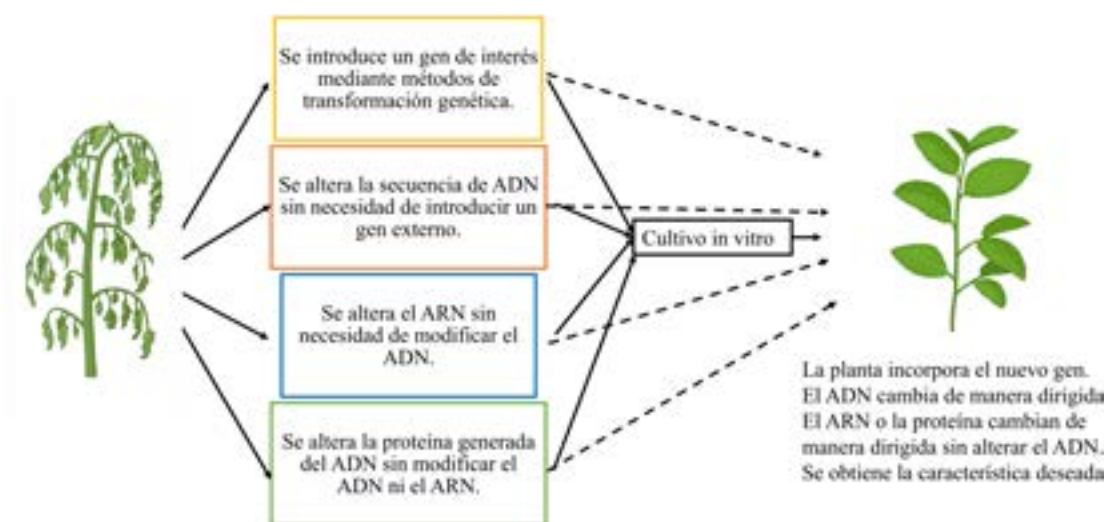


Figura 1.6. Proceso general de ingeniería genética en plantas. Una planta con un problema inicial (por ejemplo, susceptibilidad a plagas o bajo rendimiento) puede ser mejorada mediante distintas estrategias de ingeniería genética. Dependiendo de la técnica, el proceso puede requerir el cultivo in vitro para regenerar plantas completas. El resultado final es una planta estable que expresa la característica deseada, como mayor resistencia o frutos de mejor calidad.

⁴**Bioinformática:** Disciplina que utiliza métodos computacionales y estadísticos para analizar, interpretar y gestionar datos biológicos, especialmente secuencias de ADN, ARN y proteínas.

El mejoramiento genético convencional y la ingeniería genética buscan obtener plantas con rasgos ventajosos, pero difieren en cómo generan variación. Mientras el mejoramiento tradicional se basa en cruces y selección, procesos lentos y limitados por la compatibilidad reproductiva, la ingeniería genética permite modificar genes de forma dirigida y acceder a fuentes genéticas externas (Akhtar et al., 2023).

El mejoramiento genético convencional puede generar diversos tipos de materiales vegetales según la estrategia empleada y el objetivo biológico planteado (Tabla 1.2) (Akhtar et al., 2023). Estos productos, como líneas puras, híbridos o variedades, representan formas estructuradas de combinar, fijar o explotar la variabilidad genética existente en una especie.

Mejora genética convencional:

Proceso de cruzar y seleccionar plantas con rasgos deseables para obtener variedades mejoradas, sin modificar directamente sus genes mediante técnicas de laboratorio.

Tabla 1.2. Resultados posibles del mejoramiento genético convencional y sus definiciones técnicas esenciales.

Producto del mejoramiento	Definición técnica
Línea pura	Genotipo homogéneo y altamente uniforme obtenido mediante varias generaciones de autofecundación ⁵ o endogamia controlada ⁶ , donde la mayoría de los loci se encuentran en condición de homocigoto ⁷ .
Híbrido F ₁	Progenie resultante del cruce entre dos líneas puras o parentales genéticamente distintas, caracterizada por el vigor híbrido o heterosis ⁸ .
Variedad (cultivar)	Material vegetal estable, uniforme y distinguible (novedoso), seleccionado por su desempeño agronómico o características particulares, que puede corresponder a una línea pura, híbrido u otro tipo de material genético.
Población mejorada	Conjunto de individuos genéticamente heterogéneos sometidos a ciclos de selección recurrente ⁹ para aumentar la frecuencia de alelos favorables.

⁵**Autofecundación:** Fertilización en la que una planta utiliza su propio polen para producir semillas.
⁶**Endogamia controlada:** Cruce planificado entre plantas emparentadas para hacer más uniforme su composición genética.
⁷**Homocigoto:** Organismo que tiene dos copias iguales de un mismo gen.
⁸**Vigor híbrido (heterosis):** Superioridad fenotípica observada en un híbrido respecto a sus progenitores para uno o más caracteres de interés, como consecuencia de la combinación de variantes genéticas procedentes de ambos parentales.
⁹**Selección recurrente:** Método que mejora una población eligiendo y cruzando, en varias rondas, a las plantas con mejor desempeño.

Clon	Material propagado vegetativamente ¹⁰ que es genéticamente idéntico al individuo original; utilizado principalmente en cultivos perennes, frutales y ornamentales.
Variedad sintética	Población creada mediante la mezcla y libre apareamiento de varias líneas o parentales seleccionados por su buena aptitud combinatoria.

La mejora convencional puede hacer uso de mutaciones generadas de manera aleatoria. Un ejemplo común es el uso de EMS (etilmetanosulfonato)¹¹, un agente químico que induce miles de mutaciones en el genoma (Akhtar et al., 2023). Estos cultivos no se consideran organismos transgénicos ni mutantes¹² regulados y su uso ha sido aceptado durante décadas sin restricciones equivalentes a las de la ingeniería genética.

Otra diferencia importante es la capacidad de dirigir y caracterizar con mayor detalle las modificaciones. En el mejoramiento clásico, la recombinación es en gran medida aleatoria y afecta múltiples regiones del genoma a la vez, lo que puede implicar la incorporación de genes no deseados (ligamiento genético) o efectos colaterales. Por esta razón, es necesario realizar varias generaciones de retrocruzamientos para recuperar el genotipo original con el rasgo nuevo (Akhtar et al., 2023). Por su lado, la ingeniería genética permite, en ciertos casos, modificar un solo gen o una secuencia reguladora específica, con

un mayor nivel de control sobre las modificaciones introducidas y, dependiendo de la tecnología empleada, sobre su localización y número de copias. Hoy en día la ingeniería genética permite cambiar el fenotipo incluso sin haber alterado el ADN (Mukhtiar et al., 2025).

Finalmente, tanto el mejoramiento genético convencional como la ingeniería genética pueden generar efectos no previstos derivados de la recombinación genética al azar, la introducción de nuevas combinaciones alélicas y posibles efectos pleiotrópicos no previstos, los cuales históricamente han sido aceptados dentro de los sistemas agrícolas. En contraste, la ingeniería genética presenta riesgos principalmente de carácter técnico, como efectos fuera del objetivo (*off-target effects*), inserciones no deseadas o alteraciones en la regulación génica, aspectos que son evaluados mediante análisis molecular detallado y cuyos marcos específicos de bioseguridad aún están en constante actualización y adaptación conforme avanza la evidencia científica.

¹⁰**Propagado vegetativamente:** Multiplicado a partir de partes de la planta, sin semillas, produciendo copias genéticas idénticas.

¹¹**Etilmetanosulfonato:** Compuesto químico mutagénico que provoca cambios aleatorios en el ADN, principalmente durante los procesos de replicación celular.

¹²**Mutante:** Organismo que presenta una o más mutaciones heredables respecto a una referencia o población original.

1.4. Impacto de la ingeniería genética de plantas en la agricultura y producción

La ingeniería genética ha transformado el panorama agrícola mundial. Su impacto se evidencia en la expansión de cultivos transgénicos, que actualmente ocupan más de 190 millones de hectáreas a nivel mundial, y también en la diversificación de rasgos desarrollados, que incluyen resistencia a plagas, tolerancia a herbicidas, eficiencia en el uso de agua y nutrientes, y mejor calidad de los alimentos (Tabla 1.3).

Tabla 1.3. Principales países productores de cultivos genéticamente modificados y su superficie cultivada aproximada*

País	Hectáreas aproximadas cultivadas (2023)	Cultivos principales	Año de adopción comercial
Estados Unidos	~71 millones ha	Maíz, soya, algodón, alfalfa, canola, remolacha azucarera	1996
Brasil	~57 millones ha	Soya, maíz, algodón	1998-2003
Argentina	~25 millones ha	Soya, maíz, algodón	1996
Canadá	~12 millones ha	Canola, maíz, soya	1996
India	~11 millones ha	Algodón Bt	2002
Paraguay	~4 millones ha	Soya, maíz, algodón	2004
China	~3,4 millones ha	Algodón Bt, papaya transgénica, tomate, álamo	1997
Pakistán	~3 millones ha	Algodón Bt	2010
Sudáfrica	~2,7 millones ha	Maíz, soya, algodón	1998
Filipinas	~0,6 millones ha	Maíz	2002
Australia	~0,8 millones ha	Algodón, canola	1996-2008

*Datos según registros FAO (2023) y Li et al. (2026).

Uno de los impactos más notorios de la ingeniería genética vegetal es el incremento en la productividad y estabilidad de los rendimientos agrícolas. Los cultivos modificados genéticamente, como el maíz, la soya y el algodón, han demostrado rendimientos promedio entre 25 % y 60 % superiores respecto a sus contrapartes convencionales, especialmente bajo condiciones de estrés biótico y abiótico (Kumar et al., 2024). En el caso de cultivos resistentes a insectos mediante la expresión de proteínas Bt¹³ (toxinas derivadas de la *Bacillus thuringiensis*), se ha registrado una reducción de más del 35 % en el uso de insecticidas (Kumar et al., 2024).

La ingeniería genética también desempeña un papel crucial en la adaptación de los cultivos a las condiciones climáticas extremas y ambientes desfavorables. Por ejemplo, la sobreexpresión¹⁴ del gen *DREB1A* ha conferido tolerancia a sequía y frío en especies como el trigo y el arroz, mientras que la edición del gen *TaERF3* en trigo ha mejorado su desempeño bajo déficit hídrico y salinidad (Ahmad et al., 2023; Zhang et al., 2024). Más recientemente, se han obtenido variedades de maíz y sorgo genéticamente editadas que mantienen altos rendimientos bajo estrés térmico prolongado (Namata et al., 2025).

El uso de cultivos resistentes a herbicidas, por ejemplo, ha facilitado la adopción de prácticas de labranza reducida o siembra directa, disminuyendo la erosión del suelo o las emisiones de CO₂ derivadas del laboreo (Khare y Zilberman, 2025). A nivel global, los cultivos genéticamente modificados (GM) han permitido evitar la liberación de más de 39 mil millones de kg de CO₂ equivalentes por año, lo que representa una contribución tangible a los compromisos climáticos internacionales (Li et al., 2026).

El impacto de la ingeniería genética también se extiende al ámbito nutricional y de calidad de los alimentos, con el desarrollo de cultivos biofortificados con perfiles composicionales mejorados. Ejemplos emblemáticos incluyen el arroz dorado, diseñado para producir β -caroteno y prevenir la deficiencia de vitamina A; el maíz enriquecido en lisina y triptófano para combatir la malnutrición proteica; y la soya con aceites de mayor estabilidad oxidativa y beneficios para la salud cardiovascular (Arvas, 2025; Hossain et al., 2025; Song et al., 2023).

Estudios de metaanálisis muestran que los agricultores que adoptan cultivos GM obtienen, en promedio, un aumento del 22 % en los beneficios netos y una reducción del 40 % en los costos de producción, debido al menos uso de insumos químicos y al aumento en la eficiencia productiva (Nayab, 2023). En países en desarrollo, estos impactos se traducen en mayores oportunidades para pequeños productores, quienes se benefician de menores pérdidas y mayor estabilidad económica.

A pesar de los beneficios reportados, existen preocupaciones asociadas a los cultivos GM entre las que se incluyen posibles riesgos para la salud humana, alergenidad, pérdida de diversidad genética, flujo de genes hacia parientes silvestres, aparición de “súper malezas” resistentes a herbicidas, dependencia tecnológica, concentración corporativa de semillas y agroquímicos, impactos en pequeños agricultores y efectos ecológicos en los ecosistemas agrícolas (Nishtar et al., 2024; Wang et al., 2025). Sin embargo, la magnitud y relevancia de estos riesgos continúan siendo objeto de debate científico, particularmente en relación con sus efectos a largo plazo y bajo condiciones ambientales complejas que no siempre son completamente representadas en evaluaciones regulatorias.

¹³**Proteínas Bt:** Toxinas producidas por *Bacillus thuringiensis* que confieren a las plantas resistencia a insectos.

¹⁴**Sobreexpresión:** Aumento artificial de la cantidad de ARN o proteína producida por un gen.

La distribución desigual de las tecnologías y la concentración del mercado en pocas empresas biotecnológicas han generado debates sobre acceso equitativo, dependencia tecnológica y soberanía alimentaria (Raimi y Masri, 2025). Estos debates no solo responden a aspectos técnicos, sino también a dimensiones sociales, económicas y políticas que influyen en la adopción y percepción de estas tecnologías.

Estas preocupaciones también se han observado en sistemas de agricultura intensiva convencional, ampliamente utilizados para la producción de alimentos a gran escala, y que no dependen necesariamente del uso de cultivos transgénicos. La Tabla 1.4 resume las principales preocupaciones asociadas a los cultivos GM y su comparación con sistemas de agricultura intensiva sin ellos, según lo reportado en la literatura científica (FAO, 2023; Smyth et al., 2025).

Tabla 1.4. Principales preocupaciones asociadas a los cultivos genéticamente modificados y su comparación con sistemas de agricultura intensiva convencional.

Preocupación	Descripción	Evidencia disponible y comparación con agricultura intensiva convencional
Riesgos para la salud humana	Temor a efectos tóxicos o dañinos por consumir alimentos transgénicos.	Hasta la fecha, las evaluaciones regulatorias y la evidencia disponible no han demostrado daños atribuibles a cultivos genéticamente modificados (GM) aprobados. No obstante, algunos estudios señalan limitaciones en estudios a largo plazo, especialmente en relación con efectos acumulativos o en poblaciones vulnerables. Sin embargo, la agricultura intensiva puede implicar exposición a altos niveles de pesticidas, lo que sí representa riesgos documentados.
Alergenicidad	Posibilidad de que un nuevo gen cause o aumente alergias alimentarias.	El riesgo es evaluado antes de aprobar un cultivo GM. Aun así, la predicción de alergenidad no siempre es absoluta, y pueden existir incertidumbres asociadas a la expresión de proteínas en diferentes contextos biológicos. Los alimentos convencionales también pueden causar alergias sin intervención genética (maní, mariscos, trigo, etc.).
Pérdida de diversidad genética	Amplias superficies cultivadas con el mismo evento transgénico pueden reducir la diversidad agrícola.	La agricultura intensiva es la principal causa histórica de pérdida de diversidad (monocultivos de trigo, arroz, banano, etc.). Sin embargo, el uso extensivo de eventos transgénicos específicos puede contribuir a procesos de homogeneización genética en ciertos sistemas agrícolas.

Flujo génico hacia especies silvestres	Transferencia de genes del cultivo a otras plantas que viven en el ambiente.	Muchos cultivos se cruzan con parientes cercanos, sea transgénico o no. El rasgo transferido puede ser o no problemático, dependiendo del manejo. No obstante, en especies con alta compatibilidad con parientes silvestres, este riesgo puede ser más relevante y difícil de controlar en condiciones de campo abierto.
Malezas resistentes a herbicidas	Malezas que evolucionan resistencia a herbicidas usados junto a cultivos tolerantes a herbicidas.	El uso repetido del mismo herbicida favorece resistencia evolutiva, independientemente del tipo de cultivo o del uso de cultivos GM. En sistemas con cultivos diseñados para tolerar herbicidas, la presión de selección puede intensificarse, acelerando la aparición de resistencias.
Dependencia tecnológica	Agricultores que dependen de insumos diseñados por una empresa (semillas específicas, agroquímicos).	La dependencia existe también con variedades creadas con métodos convencionales, fertilizantes, pesticidas y licencias de propiedad intelectual sin cultivos GM. En el caso de los cultivos GM, esta dependencia puede verse reforzada por esquemas de propiedad intelectual más estrictos y por la integración de paquetes tecnológicos.
Concentración corporativa	Pocas empresas controlan semillas y agroquímicos a nivel mundial.	La concentración empresarial es previa a los cultivos GM y afecta tanto a semillas convencionales como GM. Sin embargo, la introducción de tecnologías patentadas ha contribuido a consolidar aún más esta concentración en ciertos segmentos del mercado.
Impacto en pequeños agricultores	Costos, patentes o acceso desigual a tecnología pueden afectar a productores de menor escala.	La agricultura intensiva tradicional también puede desplazar agricultores o exigir insumos costosos. Existen casos positivos y negativos en ambos modelos. No obstante, en contextos con menor acceso a financiamiento o asistencia técnica, la adopción de estas tecnologías puede profundizar desigualdades existentes.

Efectos ecológicos	Cambios en polinizadores, suelos, insectos o plantas nativas; aparición de resistencias; reducción de diversidad.	La agricultura intensiva sin cultivos GM es una de las principales causas históricas de degradación ecológica (deforestación, uso de agroquímicos, erosión del suelo, monocultivos). Sin embargo, algunos estudios han documentado efectos específicos asociados a determinados cultivos GM sobre dinámicas ecológicas locales, cuyos impactos pueden variar según el contexto ambiental.
--------------------	---	---

Entre todas ellas, los efectos ecológicos merecen especial atención. Cuando un cultivo transgénico interactúa con el ambiente, puede modificar las dinámicas ecológicas a distintas escalas: desde la microbiota del suelo hasta insectos, polinizadores y plantas silvestres cercanas. Uno de los riesgos más discutidos es el flujo génico, es decir, que un gen introducido en un cultivo (por ejemplo, resistencia a herbicidas o a insectos) pase a plantas silvestres compatibles, generando ventajas competitivas y aumentando su expansión en la naturaleza. También se ha documentado que el uso intensivo y continuado de un mismo rasgo, como tolerancia a herbicidas, ejerce presión selectiva sobre insectos y malezas, favoreciendo la evolución de poblaciones resistentes y obligando a aplicar mayores dosis o nuevos químicos. Además, la homogeneización de grandes extensiones con el mismo evento transgénico puede contribuir a la reducción de la diversidad agrícola, alterar redes tróficas, afectar enemigos naturales de plagas y modificar los ciclos ecológicos del suelo (Nishtar et al., 2024).

A pesar de los avances en evaluación de bioseguridad, persisten incertidumbres sobre los efectos acumulativos y a largo plazo, especialmente en ecosistemas biodiversos donde las interacciones ecológicas son altamente complejas y difíciles de predecir. Las evaluaciones de riesgo se realizan comúnmente en condiciones controladas o en periodos definidos, lo que puede limitar la identificación de efectos que se manifiestan tras múltiples ciclos de cultivo o bajo variabilidad ambiental. Además, la interacción entre cultivos genéticamente modificados y otros componentes del sistema agrícola, como el uso de agroquímicos, las prácticas de manejo del suelo o factores climáticos, puede generar respuestas combinadas que no siempre son evaluadas de manera integral. Por esta razón, se han desarrollado esquemas de monitoreo post-liberación orientados a la recopilación de información en condiciones de campo y a lo largo del tiempo. Estos enfoques permiten complementar las evaluaciones iniciales y contribuir a una caracterización más completa del comportamiento de los cultivos en distintos contextos productivos.

1.5. Técnicas de ingeniería genética en plantas

Las técnicas de ingeniería genética vegetal pueden seguir un esquema general de pasos, en el que el primer paso consiste en diseñar y ensamblar el constructo genético, que usualmente incluye el gen de interés o la secuencia a modificar. En algunos casos, se incorporan secuencias para edición dirigida, según la técnica. La siguiente fase es el transporte del ADN hacia la célula vegetal, que puede realizarse mediante distintos mecanismos físicos o biológicos. Finalmente, el proceso culmina con la obtención de plantas (que a veces implica regenerar el organismo completo a partir de células o tejidos, bajo condiciones controladas de cultivo in vitro). En cada etapa es necesario verificar que la inserción, modificación o regulación genética se realizó correctamente, que produce el efecto esperado y que se mantiene estable cuando corresponde.

En biotecnología vegetal no todas las intervenciones actúan del mismo modo sobre el material genético. Algunas modifican directamente la secuencia del ADN, mientras que otras simplemente controlan cuándo y cuánto se expresa un gen sin alterarlo (Mukhtiar et al., 2025):

1. Modificar el ADN (ingeniería genética clásica): Consiste en agregar, eliminar o reemplazar genes completos. Puede incorporar ADN de otra especie (transgénesis) o de la misma especie (cisgénesis/intragénesis).

2. Editar el ADN (edición génica): Cambia secuencias específicas dentro del mismo genoma.

3. Regular la expresión génica (control sin cambiar el ADN): El gen queda intacto, pero se modifica cuánto, dónde o cuándo se expresa. Útil para silenciar genes indeseados o activar respuestas sin alterar permanentemente el genoma.

1.5.1. Diseño de constructos

El diseño de constructos genéticos constituye la base de cualquier estrategia de transformación o edición en plantas y requiere una planificación precisa tanto de los elementos que conforman la arquitectura del cassette como de los pasos técnicos necesarios para ensamblarlo y transferirlo.

Cassette genético:

Es un *fragmento de ADN* diseñado para contener todas las partes necesarias para que un gen funcione. Generalmente incluye:

- un promotor (que inicia la expresión genética),
- el gen de interés,
- un terminador (que indica dónde detener la transcripción).

Dependiendo de la aplicación, también puede incorporar marcadores o genes reporteros. Todo este conjunto funciona como una unidad lista para ser expresada cuando se inserta en un vector.

Vector (o vector de clonación/entrega):

Es una *molécula de ADN utilizada* como vehículo para transportar un cassette genético. Su función principal es facilitar la clonación, mantenimiento y transferencia de dicho cassette genético en distintos organismos hasta llegar a la planta.

1.5.1.1. Arquitectura de un cassette genético

El diseño de un constructo genético requiere seleccionar y organizar cuidadosamente los elementos que permitirán la expresión o regulación eficiente y controlada del gen de interés en la planta (Tabla 1.5 y Figura 1.7) (Stewart, 2025).

Tabla 1.5. Elementos esenciales y auxiliares en un constructo genético.

Categoría	Elemento	Descripción
Esenciales	Promotor (constitutivo, tisular, inducible)	Regula la transcripción, es decir, determina dónde, cuándo y cuánto se expresa el gen de interés (GOI). Los promotores constitutivos (CaMV35S, Ubiquitina) activan la expresión en la mayoría de los tejidos; los tisulares restringen la actividad a órganos específicos; y los inducibles responden a señales ambientales, químicas u hormonales, permitiendo control temporal.
	Gen de interés (GOI, Gene of interest)	Secuencia central del cassette que puede corresponder a un gen codificante, una secuencia regulatoria o una herramienta de edición genética ¹⁵ . Su naturaleza define la función biológica buscada y suele optimizarse para mejorar traducción y actividad en la especie vegetal objetivo.
	Terminador y Regiones no traducidas (UTRs, Untranslated Regions 5' y 3') ¹⁶	El terminador asegura la finalización adecuada de la transcripción y evita lectura continua; las UTRs regulan la estabilidad del ARNm, la eficiencia de traducción y la acumulación del transcrito ¹⁷ .

¹⁵Codificante, cuando contiene una secuencia que será traducida a una proteína funcional; regulatoria, cuando incluye elementos que controlan cuándo, dónde o cuánto se expresa un gen; o de edición, cuando incorpora componentes diseñados para modificar secuencias genómicas o regular la expresión.

¹⁶**Regiones no traducidas (UTRs, Untranslated Regions) (5' y 3'):** Segmentos del ARNm ubicados antes del codón de inicio (UTR 5') y después del codón de terminación (UTR 3'). No codifican proteínas, pero participan en la regulación de la estabilidad, localización y eficiencia de traducción del mensajero.

¹⁷**Transcrito:** Molécula de ARN sintetizada a partir de una secuencia de ADN durante el proceso de transcripción.

Auxiliares	Marcadores de selección	Permiten distinguir células transformadas mediante resistencia a antibióticos (kanamicina, espectinomicina) o herbicidas (glufosinato, glifosato). Alternativamente, existen marcadores basados en metabolitos (ptx, manA).
	Genes reporteros (<i>GUS</i> , <i>GFP</i> , <i>RFP</i> , <i>LUC</i>)	Facilitan la identificación visual o cuantitativa de eventos transformados. <i>GUS</i> produce señal azul; <i>GFP/RFP</i> emiten fluorescencia; y <i>LUC</i> genera luminiscencia proporcional a la expresión. Permiten evaluar la integridad, localización y actividad del constructo.
	Etiquetas peptídicas	Pequeñas secuencias peptídicas añadidas al GOI que permiten purificación, detección o localización de la proteína mediante anticuerpos o afinidad a metales.

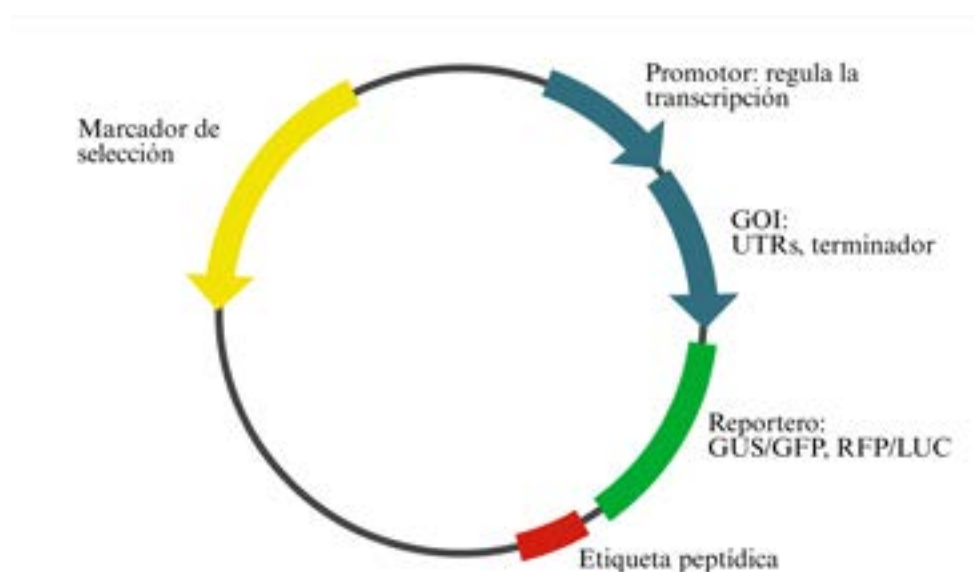


Figura 1.7. Esquema general de un plásmido¹⁸ que muestra la organización típica de los elementos esenciales y auxiliares que conforman un cassette genético. Los elementos esenciales incluyen el promotor, el gen de interés (GOI), las regiones UTR 5' y 3', y el terminador, responsables de regular y sostener la expresión de la secuencia genética de interés. Los elementos auxiliares, como los marcadores de selección, genes reporteros y etiquetas peptídicas facilitan la identificación, selección y validación funcional de los eventos transformados.

¹⁸**Plásmido:** ADN circular.

Transformado (derivado de la transformación):

Incluye a las células que reciben y expresan el ADN externo, y a las plantas regeneradas a partir de esas células, que conservan o expresan la secuencia incorporada.

Transformado (evento):

Un evento se refiere a la inserción específica generada durante la transformación, definida por el sitio y la configuración particular con que el ADN se integra en el genoma.

En el proceso de diseño del cassette, los marcadores de selección son fundamentales porque permiten distinguir células transformadas de aquellas que no lo son. Su funcionamiento se basa en conferir resistencia a antibióticos o herbicidas, o en permitir el uso exclusivo de ciertos metabolitos, de modo que únicamente las células que portan el constructo prosperen en el medio selectivo. Su utilización ha generado controversias regulatorias y ambientales especialmente cuando involucran genes de resistencia a antibióticos en plantas transgénicas (Wang et al., 2025).

Los genes reporteros, por otro lado, cumplen la función principal de facilitar la identificación visual o cuantitativa de los eventos transformados. Su funcionamiento se basa en producir señales fácilmente detectables, como coloración azul, fluorescencia o luminiscencia. Estos sistemas permiten confirmar la actividad del promotor, verificar la integridad del cassette y evaluar patrones espaciales o tempora-

les de expresión¹⁹ (Stewart, 2025). Al igual que los marcadores de selección, constituyen secuencias accesorias que pueden no ser deseables en líneas destinadas a liberación comercial (Nishtar et al., 2024).

Existen métodos para eliminar marcadores una vez cumplida su función, con el fin de obtener plantas libres de secuencias accesorias y más compatibles con normativas de bioseguridad y requisitos comerciales. La eliminación de marcadores se logra mediante sistemas de recombinación sitio-específica como Cre/loxP, FLP/FRT²⁰ o PiggyBac, que permiten excisar selectivamente los genes de resistencia o reporteros tras la transformación, dejando un sitio residual mínimo o, en algunos sistemas, sin dejar secuencias adicionales detectables en el genoma. Alternativamente, las estrategias marker-free²¹ permiten evitar desde el inicio la incorporación de genes marcadores dentro del cassette (Wang et al., 2025).

¹⁹**Patrón de expresión génica:** Formas en que un gen se expresa según el lugar (tejido, órgano o tipo celular) y el momento (etapa de desarrollo o condición ambiental) en que se activa o se silencia, reflejando su regulación biológica.

²⁰**Cre/loxP, FLP/FRT o PiggyBac:** Conjuntos de elementos que permiten cortar, invertir o eliminar fragmentos de ADN únicamente donde existen motivos (secuencias) específicos.

²¹**Estrategias marker-free:** Incluyen la excisión posterior del marcador mediante enzimas, el uso de cassettes temporales o sistemas de selección positivos transitorios que no permanecen en el producto final.

1.5.1.2. Ensamblaje bacteriano y preparación del vector para transformación vegetal

Una vez diseñado el cassette genético, el siguiente paso consiste en ensamblarlo y validarlo en *Escherichia coli*, que actúa como plataforma inicial para la construcción, amplificación y verificación del plásmido. Esta fase bacteriana constituye el enfoque más utilizado para garantizar que el vector contenga

ga el cassette correcto, libre de errores y listo para transferirse a un sistema de entrega compatible con plantas. Posteriormente, el plásmido validado se introduce en vectores de transformación vegetal (Figura 1.8) (Stewart, 2025).

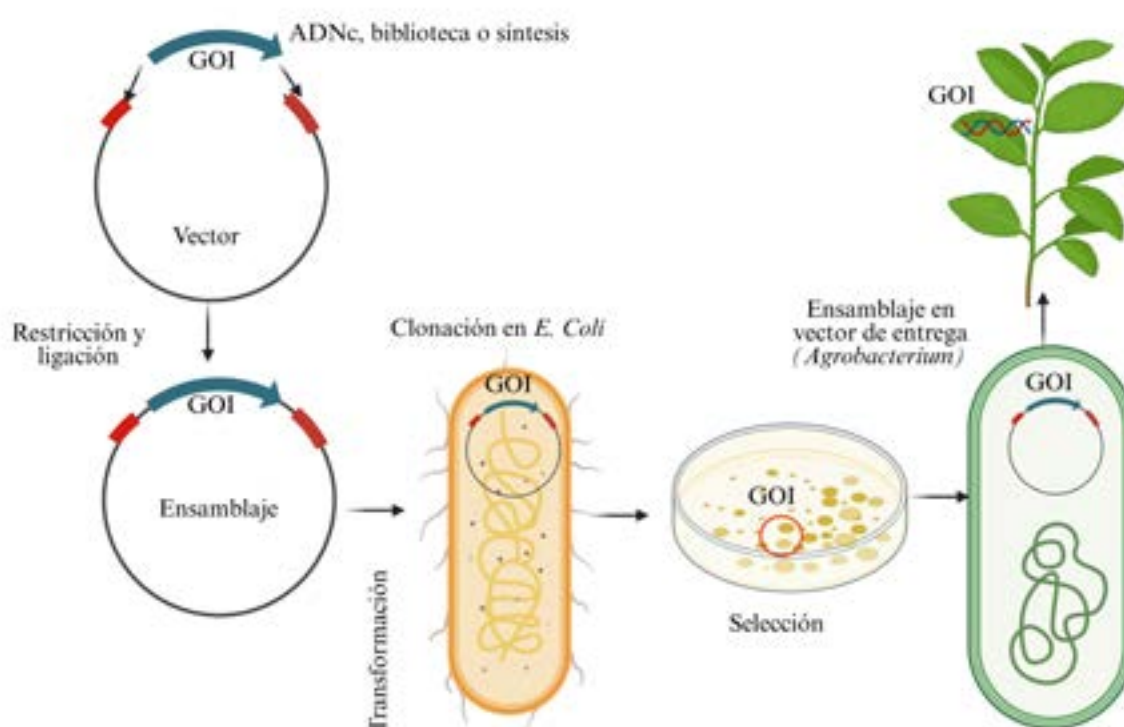


Figura 1.8. Esquema general del flujo de construcción de un constructo genético desde la obtención del gen de interés (GOI) hasta su preparación para la transformación vegetal. La secuencia del GOI puede provenir de cDNA (ADNc, ADN complementario) obtenido a partir de ARNm, bibliotecas genómicas o síntesis química. Tras su ensamblaje en un plásmido

mediante métodos como restricción y ligación²², el constructo se introduce en *E. coli* mediante transformación química o electroporación. Las colonias transformadas se seleccionan en medios con antibiótico y el plásmido confirmado se transfiere posteriormente a un vector de entrega, como *A. tumefaciens*, para su introducción final en la planta.

La obtención de la secuencia de interés es el punto de partida del ensamblaje y puede lograrse a partir de diferentes fuentes según el tipo de gen o fragmento requerido. Las secuencias codificantes suelen derivarse de cDNA obtenido a partir de ARNm, mientras que las regiones promotoras suelen recuperarse de bibliotecas genómicas o de secuencias de referencia disponibles en bases de datos²³. Cuando el gen es difícil de aislar o se necesita una variante específica, se procede a sintetizar el ADN. En un segundo paso, la secuencia se inserta en un plásmido de clonación²⁴ que permite su replicación en *E. coli*.

El plásmido recombinante²⁵ se introduce luego en células competentes de *E. coli* mediante transformación química o electroporación. En la transfor-

mación química, determinadas sales y tratamientos químicos aumentan temporalmente la permeabilidad de la membrana celular durante un choque térmico; en la electroporación, un pulso eléctrico genera poros transitorios que facilitan la entrada del ADN. Las bacterias transformadas se seleccionan y las colonias positivas se cultivan en medios líquidos para obtener grandes cantidades de plásmido puro, listas para pasar a la siguiente etapa (Stewart, 2025).

El ensamblaje del plásmido en vectores de entrega marca la transición entre la clonación bacteriana y la preparación del ADN para su ingreso en células vegetales. En la bacteria *A. tumefaciens*, por ejemplo, el plásmido requerido se transfiere desde la bacteria *E. coli* mediante electroporación, conjugación triparental²⁶ o el método freeze-thaw²⁷, escogido según la cepa y el tamaño del vector. La eficiencia depende, entre otros factores, de la condición de la bacteria y la integridad del plásmido (Stewart, 2025). Además de *A. tumefaciens*, existen otros métodos de entrega, que se verán más adelante, que permiten adaptar el constructo a diferentes necesidades.

²²**Restricción y ligación:** Método clásico de ensamblaje molecular en el que enzimas de restricción, proteínas que reconocen y cortan secuencias específicas del ADN llamadas sitios de restricción, generan extremos compatibles, y la ligasa une esos fragmentos para formar un constructo estable.

²³**Bibliotecas:** Colecciones organizadas de fragmentos de ADN genómico o ADNc (ADN que proviene de ARNm) que representan, respectivamente, el contenido total del genoma o los genes expresados en un tejido u organismo.

²⁴**Clonación:** Conjunto de procedimientos mediante los cuales una secuencia de ADN se inserta en un vector y se replica en un organismo hospedero para obtener múltiples copias idénticas.

²⁵**Plásmido recombinante:** Molécula de ADN circular construida en laboratorio que combina un plásmido con un fragmento de ADN insertado. Puede replicarse dentro de un organismo hospedero y servir para la expresión o propagación del ADN incorporado.

²⁶**Conjugación triparental:** método de transferencia de plásmidos en el que intervienen tres cepas bacterianas: una donadora con el plásmido de interés, una cepa “ayudante” que aporta las funciones de transferencia (tra), y una receptora que recibirá el plásmido.

²⁷**Método freeze-thaw:** técnica de transformación bacteriana basada en ciclos de congelación y descongelación que generan alteraciones momentáneas en la membrana celular, permitiendo la entrada del plásmido.

1.5.2. Cultivo in vitro

El cultivo in vitro juega un rol relevante en la ingeniería genética vegetal por varias razones. La razón primaria es que esta técnica permite regenerar una planta completa a partir de una sola célula o tejido transformado. Cuando se introduce un nuevo gen o se edita el ADN, ese cambio ocurre inicialmente

solo en unas pocas células; sin cultivo in vitro, sería muy difícil que toda la planta lo heredara. Gracias a esta técnica, esas células transformadas pueden multiplicarse y dar origen a una planta entera donde la modificación genética está presente en todos los tejidos.

Cultivo in vitro: Técnica que permite cultivar y multiplicar células, tejidos u órganos vegetales en condiciones estériles y controladas de laboratorio, utilizando medios nutritivos específicos para regenerar plantas completas a partir de una pequeña porción de tejido.

El cultivo in vitro de plantas consiste en mantener y multiplicar células o tejidos vegetales bajo condiciones controladas de laboratorio. El proceso inicia con la selección de un explante²⁸, que puede ser una hoja, raíz, tallo, meristemo²⁹ o incluso una sola célula. Para evitar que microorganismos contaminen el cultivo, el explante debe pasar por una desinfección rigurosa mediante soluciones esterilizantes. Luego se coloca en un medio de cultivo estéril que contiene nutrientes, azúcares, vitaminas y sales minerales, cuya función es análoga a la del suelo, al proporcionar agua, nutrientes minerales y soporte para el crecimiento celular. También se agregan hormonas vegetales como auxinas y citoquininas³⁰, sustancias naturalmente presentes en la planta responsables de inducir la formación de raíces, brotes, callo³¹ u órganos completos. Además de la composición química del medio, otras condiciones como la temperatura, el pH, la intensidad de luz y la esterilidad del ambiente son esenciales para que el tejido crezca de manera controlada (Pasternak y Steinmacher, 2024).

Además, el cultivo in vitro asegura estabilidad y heredabilidad. Una planta regenerada a partir de una célula modificada suele transmitir el cambio a su descendencia a través de semillas. Esto es importante, porque la ingeniería genética busca producir líneas estables y no simplemente células aisladas con la modificación.

En esta regeneración la primera etapa suele ser la formación de un callo, un tejido indiferenciado compuesto por células que han perdido temporalmente su identidad original. A partir del callo pueden inducirse dos rutas: la organogénesis, en la que se forman nuevos brotes y raíces hasta generar una planta completa; o la embriogénesis somática, en la que las células forman estructuras similares a embriones sin pasar por fertilización (Pasternak y Steinmacher, 2024). Ambos procesos permiten reconstruir organismos completos a partir de material muy reducido (Figura 1.9).

²⁸**Explante:** Fragmento de tejido vegetal aislado (hoja, tallo, raíz, meristemo u otro órgano) que se coloca en cultivo in vitro para regenerar nuevas plantas.

²⁹**Meristemo:** Tejido vegetal formado por células indiferenciadas en división activa capaz de generar nuevos órganos y de regenerar plantas completas en cultivo.

³⁰**Auxinas y citoquininas:** Hormonas vegetales que regulan el crecimiento y desarrollo; su proporción en el medio de cultivo dirige la formación de raíces (auxinas) o brotes (citoquininas).

³¹**Callo:** masa de células vegetales desdiferenciadas que prolifera en cultivo in vitro y puede redirigirse hacia órganos o plantas completas según las hormonas aplicadas.

Es importante recalcar que el cultivo in vitro es una aplicación de la biotecnología vegetal que no se utiliza exclusivamente para la ingeniería genética. También se emplea para la micropropagación, la conservación de germoplasma (almacenamiento a largo plazo de diversidad genética), el rescate de embriones (cultivo de embriones inviables o inma-

duros para obtener plantas viables), la producción de metabolitos (obtención de compuestos especializados a partir de tejidos cultivados), la recuperación de plantas libres de patógenos y la multiplicación masiva de variedades de interés agrícola. Todo esto es posible gracias a la totipotencia de las células vegetales (Pasternak y Steinmacher, 2024).

Totipotencia: Capacidad de una célula vegetal para generar todos los tipos de tejidos y regenerar una planta completa cuando se encuentra en condiciones adecuadas de desarrollo.



Figura 1.9. Regeneración de plantas mediante cultivo in vitro. Explantes cultivados en un medio estéril forman un callo, un tejido indiferenciado en el cual pueden aplicarse métodos de transformación o edición genética. Posteriormente, el callo se induce a regenerar una planta completa, que crece con la nueva característica incorporada.

Aunque el cultivo in vitro es la ruta más estable y universal para regenerar plantas transformadas, presenta varias limitaciones. La eficiencia de transformación suele ser baja: el ADN debe integrarse correctamente en una sola célula, y esa célula tiene que sobrevivir, multiplicarse y dar origen a una planta completa con la modificación presente de

forma estable en la mayor parte o en la totalidad de sus tejidos. Este proceso es técnicamente exigente y puede fallar en muchas etapas, especialmente en especies recalcitrantes que forman callo con dificultad o regeneran con baja frecuencia (Wang et al., 2025).

Especie recalcitrante:

Especie vegetal que muestra baja respuesta a procedimientos de cultivo in vitro o transformación genética, debido a su dificultad para regenerar tejidos, formar callo o producir plantas completas bajo condiciones controladas.

Por ello, hoy existen sistemas que no requieren regeneración in vitro, aunque funcionan en muy pocas especies específicas (Tabla 1.6). La agroinfiltración permite introducir genes en hojas adultas para producir proteínas sin integrar el ADN en el genoma; la edición directa en meristemas apunta a tejidos ya en crecimiento; y algunos métodos basa-

dos en virus permiten expresar transitoriamente un gen sin generar una línea transgénica permanente. Sin embargo, estas alternativas rara vez producen modificaciones heredables y, por ahora, siguen siendo excepciones frente al uso generalizado del cultivo in vitro en la transformación genética de plantas (Mukhtiar et al., 2025; Wang et al, 2025).

Tabla 1.6. Métodos de modificación genética que no requieren cultivo in vitro.

Método	Cómo funciona
Agroinfiltración	Se introduce una suspensión de <i>A. tumefaciens</i> en hojas adultas mediante presión o vacío.
Edición directa en meristemas	Sistemas de edición genética (como CRISPR-Cas9) se aplican a tejidos meristemáticos, donde crecen nuevos brotes.
Vectores virales (virus como vehículos)	Virus modificados transportan el gen o la secuencia de silenciamiento dentro de la planta.

1.5.3. Métodos de transformación genética

Los métodos de transformación genética constituyen la base para introducir y expresar nuevos genes en las plantas. Estos procesos pueden dar lugar tanto a expresión transitoria como a expresión estable, dependiendo del objetivo experimental y

de la estrategia utilizada. Existen diversos métodos de transformación que difieren en sus fundamentos biológicos y en las plataformas técnicas utilizadas para llevarlos a cabo.

Expresión estable:

Expresión de un gen introducido que se integra en el genoma de la planta y se transmite durante la división celular y a las generaciones posteriores, manteniéndose activa a lo largo del tiempo.

Expresión transitoria:

Expresión temporal de un gen introducido que no se integra en el genoma. Ocurre durante un periodo limitado, mientras persisten las moléculas o vectores que lo transportan, y no se hereda durante la división celular ni a las generaciones posteriores.

1.5.3.1. Transformación por *Agrobacterium tumefaciens*

La transferencia de genes mediada por *A. tumefaciens* se fundamenta en un mecanismo natural de transferencia horizontal de ADN³² que esta bacteria utiliza para causar la enfermedad conocida como agalla de corona en plantas. Este proceso está

controlado por el plásmido Ti (inductor de tumor en plantas), que contiene la región transferible (T-DNA) y un conjunto de genes de virulencia (vir) esenciales para su procesamiento y transporte (Tabla 1.7) (Stewart, 2025).

Tabla 1.7. Elementos que actúan en la infección por *A. tumefaciens* y su coordinación.

Elemento	Qué hace	Cómo interactúa y se coordina
Factores de virulencia (genes vir)	Conjunto de genes (VirA, VirG, VirB, VirC, VirD, VirE) que activan y ejecutan la transferencia del T-DNA.	Se activan cuando la bacteria detecta señales de la planta. Trabajan en cadena: detección, corte del T-DNA, transporte a la célula vegetal.
VirA / VirG (sistema sensor)	VirA detecta compuestos secretados por la planta herida y activa a VirG.	VirG es el regulador maestro: al activarse, enciende al resto de genes vir. Es el “interruptor” que inicia toda la infección.

³²**Transferencia horizontal de ADN:** Proceso en el que el material genético pasa de un organismo a otro sin reproducción sexual.

VirD1 / VirD2 (corte del T-DNA)	Cortan el T-DNA exactamente en los bordes izquierdo y derecho para liberarlo como molécula lineal.	VirD2 se une al extremo del T-DNA como una “etiqueta” que guía el ADN a través de la maquinaria de exportación y luego dentro del núcleo vegetal.
VirE2 (protección del T-DNA)	Se une al T-DNA una vez que entra a la célula vegetal y lo protege de ser degradado.	Forma un complejo proteína-ADN y facilita su transporte por el citoplasma y hasta el núcleo.
Sistema VirB (canal / pilus)	Construye un canal (tipo IV) que atraviesa la pared bacteriana y permite exportar el T-DNA.	El T-DNA unido a VirD2 es empujado a través del canal hacia la planta. VirB actúa como “puerta de salida”.
T-DNA (fragmento transferido)	ADN que será integrado en el genoma vegetal. En los plásmidos desarmados se reemplaza por genes de interés.	Se escolta por VirD2 y VirE2 hasta llegar al núcleo vegetal, donde pueda integrarse al ADN de la célula huésped.
Secuencias bordes (LB y RB)	Marcan el inicio y final del T-DNA.	VirD reconoce estos bordes y corta justo en esos puntos; si no están, no hay transferencia. Son la “dirección postal” del T-DNA.
Planta herida (señales)	Libera fenoles (como acetosiringona) y azúcares que activan al sistema vir.	Sin señales de herida, la bacteria no enciende sus genes virulencia. Las moléculas liberadas por tejidos dañados actúan como señales que activan los genes de virulencia de la bacteria.

El plásmido Ti de *A. tumefaciens* tiene dos partes importantes. La primera es el T-DNA, un fragmento que la bacteria transfiere a la planta y que está delimitado por dos secuencias que funcionan como “bordes” y le indican a la maquinaria bacteriana qué fragmento debe escindirse y transferirse. La segunda es la región vir, donde están los genes (como VirA, VirG, VirB y VirE) que codifican las proteínas necesarias para procesar, proteger y transferir el

T-ADN hacia la célula vegetal. En ingeniería genética, el T-DNA original, que induce la formación de tumores y la síntesis de opinas³³ en la planta, se reemplaza por los genes de interés del investigador, pero se mantienen sus bordes, porque son los que permiten que el ADN sea transferido. La maquinaria de la región vir sigue haciendo el trabajo, pero desde un plásmido “desarmado”, logrando una transferencia segura y controlada hacia la planta (Figura 1.10).

³³**Opinas:** Compuestos derivado de aminoácidos y azúcares que las células vegetales transformadas por *A. tumefaciens* sintetizan a partir de genes del T-DNA. Sirve como fuente de carbono y nitrógeno utilizada preferentemente por la bacteria, actuando como un marcador natural de infección.

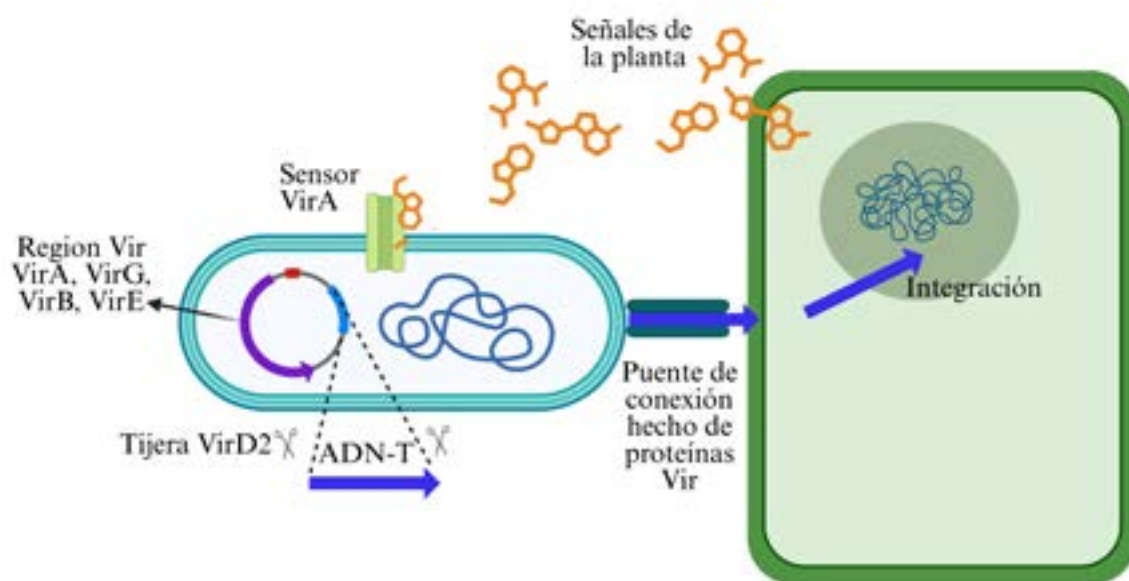


Figura 1.10. Transferencia del ADN-T de *A. tumefaciens* hacia la célula vegetal. Las señales liberadas por la planta son detectadas por el sensor VirA, que activa la expresión de genes Vir. La enzima VirD2 actúa como una “tijera”, cortando el ADN-T en los bordes derecho e izquierdo. Este fragmento es luego guiado a través de un puente de conexión formado por proteínas Vir (tipo IV pilus), que permite la transferencia del ADN-T hacia la célula vegetal, donde puede integrarse en el genoma de la célula vegetal.

El proceso inicia con el reconocimiento químico del hospedero, en el cual moléculas liberadas por tejidos vegetales dañados, principalmente fenoles y azúcares, son detectadas por VirA. La eficiencia de esta fase depende de la composición química del medio, el estado fisiológico del explante y la presencia de compuestos adicionales como poliaminas³⁴. Simultáneamente, la bacteria establece un reconocimiento físico con el hospedero. La susceptibilidad de la planta depende de factores como el estado de la pared celular, la composición de los exudados y la presencia de receptores específicos (Stewart, 2025).

La inserción estable de ADN se realiza principalmente mediante recombinación no homóloga y microhomología-mediada³⁵, utilizando las enzimas de reparación de la planta (Figura 1.11). La integración mediada naturalmente por *A. tumefaciens* ocurre generalmente de forma aleatoria. En contraste, herramientas modernas de edición genética como CRISPR permiten decidir exactamente dónde se realiza la inserción (Wang et al., 2025).

³⁴**Poliaminas:** Moléculas orgánicas cargadas positivamente (como putrescina, espermidina y espermina) presentes en los exudados vegetales y asociadas a la división y diferenciación celular, que pueden favorecer la adhesión de *A. tumefaciens* y contribuir al establecimiento de la infección.

³⁵**Recombinación no homóloga y microhomología-mediada:** Vías de reparación del ADN que unen extremos rotos. La recombinación no homóloga (NHEJ) liga los fragmentos de manera directa y frecuentemente imprecisa, mientras que la microhomología-mediada (MMEJ) utiliza pequeñas secuencias idénticas de pocos nucleótidos como guía, generando uniones más dirigidas pero asociadas a deleciones características.

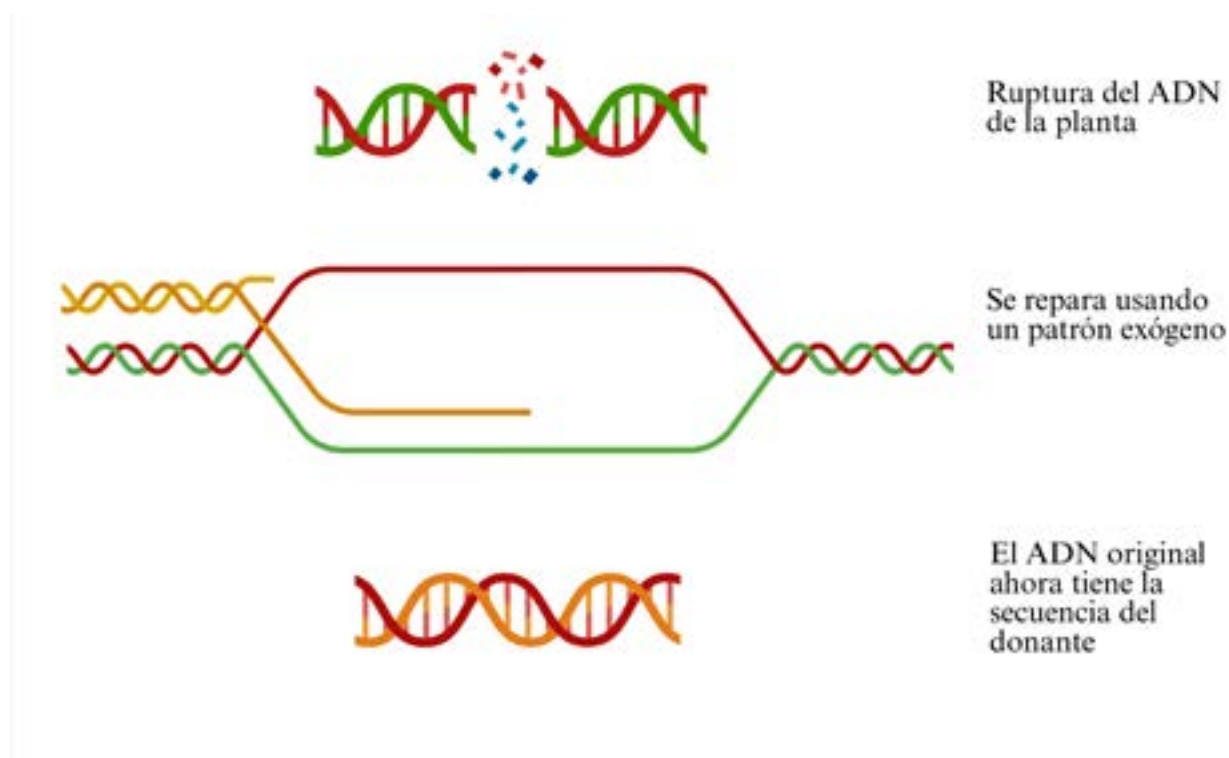


Figura 1.11. Esquema simplificado de la integración del ADN-T en el genoma vegetal mediante mecanismos de recombinación homóloga. Primero ocurre una ruptura en el ADN de la planta, generando un sitio de reparación. Luego, un patrón donante (que puede ser el ADN-T transferido por *A. tumefaciens*) se alinea con la región dañada. Durante la reparación del ADN, la célula utiliza este patrón como molde, incorporando su secuencia en el genoma. Finalmente, el ADN reparado contiene la secuencia donante integrada, estableciendo una modificación estable en la planta.

En la agroinfiltración, que es una técnica que permite introducir genes directamente en tejidos adultos, generalmente en hojas, utilizando suspensiones de *A. tumefaciens*, el ADN transferido no se integra de forma permanente en el genoma, por lo que la expresión del gen es temporal y queda limitada al tejido infiltrado (Stewart, 2025).

1.5.3.2. Método de biobalística

La biobalística o bombardeo de microproyectiles es un método de transferencia directa de material genético basado en la aceleración física de micropartículas metálicas recubiertas con ADN, ARN o complejos ribonucleoproteicos³⁶ (RNPs) hacia cé-

lulas vegetales. Esta técnica permitió transformar especies recalcitrantes a *A. tumefaciens*, especialmente monocotiledóneas como maíz, trigo, arroz y cebada. Su fundamento es físico: partículas inertes de oro o tungsteno (0.6–2 µm) son impulsadas por una descarga de gas inerte, atraviesan pared y membrana celular y liberan el material genético en el interior (Stewart, 2025).

La unión del ADN a las micropartículas ocurre gracias a una atracción electrostática: el calcio y la espermidina ayudan a que el ADN se adhiera firmemente a la superficie metálica. Cuando las partículas ingresan al citoplasma de la célula, las condiciones internas (iones y pH) hacen que el ADN se libere. Ese

³⁶**Complejo ribonucleico:** Complejo molecular formado por una o más moléculas de ARN asociadas a proteínas.

ADN puede expresarse por un tiempo o integrarse al genoma de manera permanente, normalmente por recombinación no homóloga (Hu y Liu, 2025).

Las células viables regeneran su pared celular, retoman la división y pueden originar plantas completas gracias a su totipotencia. En tejidos meristemáticos, callos o embriones inmaduros³⁷, la eficiencia de transformación suele ser mayor; en contraste, en hojas o tejidos diferenciados la expresión suele ser transitoria debido al daño físico y al estrés oxidativo³⁸ que compromete la viabilidad y la regeneración (Wang et al., 2025).

Cabe recalcar que la eficiencia de regeneración celular varía ampliamente entre especies y tejidos, y continúa siendo uno de los principales factores limitantes para la aplicación generalizada de este método. En muchas plantas, la reconstrucción de

la pared celular y la reprogramación del ciclo celular ocurren de manera lenta o incompleta, lo que reduce la formación de brotes y la obtención de líneas transgénicas estables (Zhang et al., 2025).

Las plantas poseen, además del genoma nuclear, el ADN mitocondrial y plastidial localizado en los organelos. La biobalística tiene la particularidad de que el ADN introducido puede integrarse de manera aleatoria tanto en el genoma nuclear como en el plastidial. En el caso de los cloroplastos, este método es especialmente útil porque permite dirigir el material genético directamente hacia ellos. Gracias a esto, los cloroplastos pueden alcanzar niveles muy altos de expresión y, en muchas especies, los genes plastidiales se transmiten predominantemente por vía materna, reduciendo el riesgo de flujo génico a través del polen (Narra et al., 2025; Occhialini y Lenaghan, 2023).

ADN nuclear:

Material genético ubicado en el núcleo de la célula vegetal. Contiene la mayoría de los genes que regulan el desarrollo, metabolismo y reproducción, organizado en cromosomas lineales.

ADN cloroplastidial (genoma plastidial):

ADN presente dentro de los cloroplastos. Codifica genes relacionados con la fotosíntesis y el metabolismo energético. Generalmente presenta una estructura circular y, en muchas especies, se hereda por vía materna.

ADN mitocondrial (genoma mitocondrial):

ADN localizado en las mitocondrias. Codifica proteínas involucradas en la respiración celular y producción de energía. Tiende a ser de herencia materna.

³⁷**Embriones inmaduros:** Estructuras embrionarias aún no viables para germinar de forma natural, pero útiles como explantes en cultivo in vitro por su alta capacidad de regeneración.

³⁸**Estrés oxidativo:** Desequilibrio celular causado por la acumulación de especies reactivas de oxígeno, que supera la capacidad antioxidante del tejido y provoca daño en lípidos, proteínas y ADN.

1.5.3.3. Transformación genética mediante protoplastos y electroporación

La transformación de protoplastos³⁹ constituye un método directo de introducción de material genético que aprovecha la ausencia de la pared celular para facilitar la entrada de ADN, ARN o complejos proteicos en células vegetales aisladas. El procedimiento se basa en generar protoplastos viables (células sin

pared celular, pero con membrana plasmática intacta) mediante digestión enzimática controlada⁴⁰, y luego aplicar un estímulo físico o químico que permita el ingreso del material genético (Figura 1.12) (Wang et al., 2025).

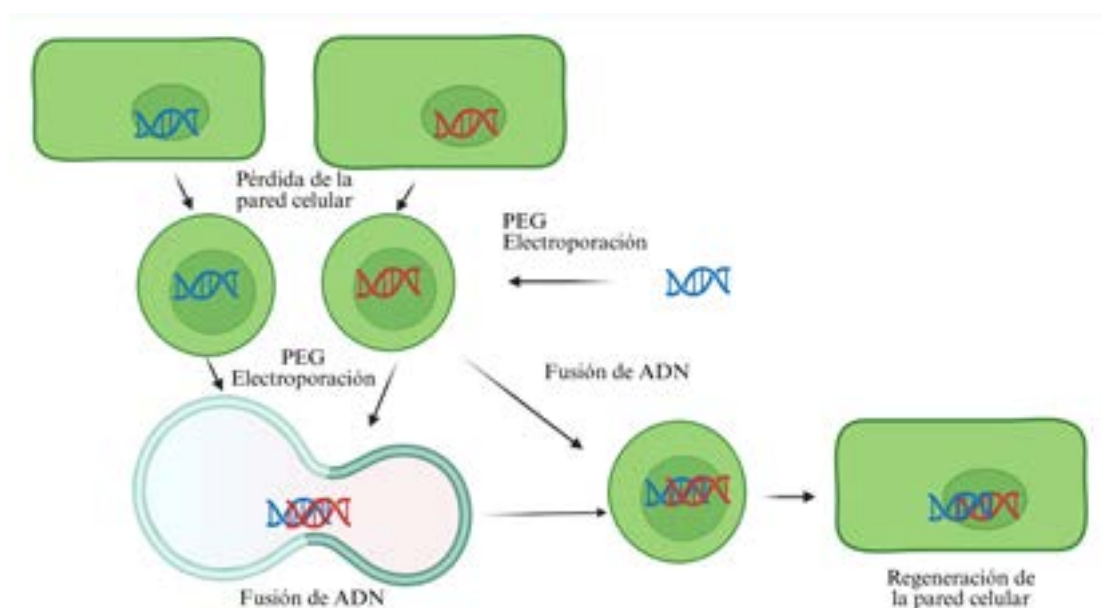


Figura 1.12. Proceso de transformación de protoplastos vegetales mediante electroporación o tratamiento con PEG (polietilenglicol). Primero, las células pierden su pared celular para formar protoplastos, que luego se exponen al ADN externo. Este ADN puede ingresar al protoplasto y expresarse de forma transitoria o integrarse en su genoma. Cuando la modificación se mantiene y la célula conserva su viabilidad, se obtiene un protoplasto transformado que puede regenerar una planta completa. Alternativamente, ocurre la fusión⁴¹ y recombinación, seguida de la regeneración de la pared celular, dando lugar a una célula transformada estable.

³⁹**Protoplasto:** Célula vegetal a la que se ha eliminado completamente la pared celular, conservando la membrana plasmática y viabilidad metabólica.

⁴⁰**Digestión enzimática controlada:** Proceso en el que se emplean enzimas específicas para degradar de manera regulada la pared vegetal sin dañar el resto de la célula.

⁴¹**Fusión de protoplastos:** Proceso mediante el cual dos protoplastos se combinan para formar una célula híbrida.

En este método se elimina la pared celular que actúa como una barrera rígida que impide la entrada de macromoléculas grandes (como el ADN). Los protoplastos resultantes mantienen una membrana plasmática funcional y su metabolismo puede sostenerse en soluciones isotónicas⁴² (generalmente manitol o sorbitol) que evitan la lisis osmótica⁴³. La introducción de material genético directamente al citoplasma mediante métodos como la electroporación o la transformación mediada por PEG (polyethylene glycol) (Wang et al., 2025):

- Transformación mediada por PEG: El polietilenglicol induce la fusión temporal de membranas en presencia de Ca^{2+} , deshidrata temporalmente la superficie celular y facilita la entrada del ADN al citoplasma.
- Electroporación: Pulsos eléctricos breves generan poros transitorios en la membrana plasmática, permitiendo la entrada de ADN, ARN o proteínas.

Una vez incorporado el material genético, el ADN puede expresarse transitoriamente o integrarse en el genoma por recombinación. Para obtener plan-

tas estables, los protoplastos transformados deben regenerarse mediante cultivo in vitro con hormonas vegetales que induzcan el desarrollo de brotes y raíces. No obstante, la regeneración sigue siendo un desafío en muchas especies, ya que depende de la capacidad del protoplasto para reconstruir su pared celular y reactivar los programas de desarrollo (Stewart, 2025).

1.5.3.4. Transformación genética mediante vectores virales

La utilización de vectores virales se basa en aprovechar la capacidad natural de ciertos virus vegetales para infectar, replicarse y movilizar material genético entre células, empleando su propia maquinaria replicativa para expresar genes externos sin necesidad de una integración estable en el genoma vegetal (Figura 1.13). En esencia, los virus se convierten en vehículos biológicos de expresión, donde algunas secuencias virales asociadas a virulencia o estructurales son sustituidos por secuencias de interés biotecnológico, conservando únicamente las regiones esenciales para la replicación y el movimiento intracelular (Belaffif et al., 2025).

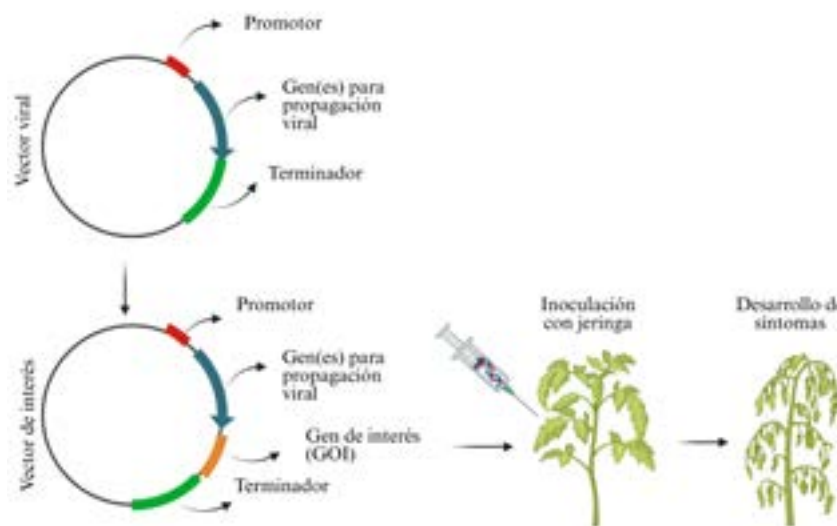


Figura 1.13. Esquema de transformación mediada por virus. Un fragmento del gen de interés se inserta en un vector viral bajo el control de un promotor y un terminador. El vector recombinante se inocula en la planta (por ejemplo, mediante jeringa en hojas jóvenes), donde el genoma viral se replica, evidenciado por el desarrollo de síntomas en los tejidos vegetales.

⁴²**Solución isotónica:** Medio con una concentración de solutos equivalente a la del interior celular.

⁴³**Lisis osmótica:** Ruptura de una célula causada por un desequilibrio osmótico, generalmente cuando está en un medio hipotónico que provoca entrada excesiva de agua y estallido de la membrana.

Los vectores virales primero se ensamblan en plásmidos y luego se introducen a la planta mediante agroinfiltración. Cuando el vector entra en las células vegetales, las secuencias virales activan su ciclo normal de replicación. Esto hace que la célula produzca múltiples copias del genoma viral recombinante que lleva el gen que se desea expresar, y los ribosomas de la planta lo traducen rápidamente en proteína. Sistemas basados en Tobacco mosaic virus (TMV) y el Potato virus X (PVX), dos virus modelo que han permitido comprender cómo los virus de ARN utilizan estrategias simples pero efectivas para multiplicarse y dispersarse dentro del tejido vegetal, pueden producir grandes cantidades de proteína en solo unos días, llegando a representar hasta un 5–10 % del peso fresco del tejido (Stewart, 2025).

Los vectores virales en general se han consolidado en la última década como plataformas muy eficaces para la edición génica y la expresión transitoria de proteínas. Su principal ventaja es que reducen o eliminan la necesidad de procesos complejos de regeneración y selección asociados con otros métodos de transformación. Sin embargo, también presentan limitaciones: la capacidad de inserción es reducida, la expresión puede ser transitoria y es común que se activen mecanismos de silenciamiento antiviral. Además, se requiere un control riguroso de bioseguridad para prevenir recombinaciones no deseadas o la diseminación del vector hacia otras plantas (Wang et al., 2025).

Silenciamiento antiviral:

Mecanismo de defensa de las plantas en el que se degradan o bloquean los ácidos nucleicos virales (ARN o ADN) para detener su replicación y limitar la infección, reduciendo la expresión de genes introducidos por vectores virales.

1.5.3.5. Microinyección y nanotecnología genética en plantas

Estas técnicas se basan en el principio de que la transferencia de información genética no requiere necesariamente intermediarios biológicos, sino que puede lograrse mediante la interacción controlada entre materiales y estructuras celulares (Chen et al., 2022; Squire et al., 2023).

El fundamento biológico de la microinyección consiste en introducir manualmente una aguja micrométrica dentro del citoplasma o núcleo de una célula, depositando una pequeña cantidad de material genético (ADN, ARN o proteínas) bajo control microscópico. Las microagujas, fabricadas a partir de vidrio capilar y calibradas a diámetros de 0.1–0.5 μm , se conectan a sistemas de presión controlada que permiten inyectar volúmenes en el rango de picolitros. La presión debe ajustarse cuidadosamente para atravesar la membrana plasmática sin dañar la célula. La microinyección es uno de los métodos más antiguos de transferencia directa de genes; sin embargo, en plantas su aplicación ha sido histórica-

mente limitada por la presencia de la pared celular. Los avances en técnicas de aislamiento y manejo de protoplastos han reactivado su interés como método de precisión (Szabala et al., 2024).

La nanotecnología ha permitido diseñar materiales muy pequeños (nanomateriales) capaces de llevar ADN, ARN o complejos CRISPR dentro de las células vegetales sin quitar la pared celular ni causar daño físico importante. Estos nanovehículos funcionan gracias a interacciones electrostáticas y propiedades químicas ajustadas para atravesar la pared de celulosa y pectina. Entre los más usados se encuentran nanotubos de carbono, nanocelulosas, nanopartículas de sílice y polímeros cargados positivamente. El ADN se adhiere a su superficie y, al entrar en la célula, cambios de pH o enzimas internas liberan el material genético de forma segura. Debido a que estos vehículos pueden aplicarse directamente sobre tejidos intactos, incluso hojas o raíces, tienen el potencial de facilitar la transformación de plantas sin requerir procesos extensivos de regeneración in vitro y con mínima lesión celular (Squire et al., 2023).

Sin embargo, la nanotecnología genética enfrenta varios desafíos. La biocompatibilidad de los nanomateriales, su degradación dentro del tejido vegetal y los posibles impactos ambientales a largo plazo aún están en evaluación. Además, la falta de protocolos universales limita su transferencia eficiente entre especies (Squire et al., 2023).

1.5.4. Sistemas de edición del genoma

La edición del genoma constituye una de las herramientas más importantes desarrolladas por la biología moderna, al permitir modificar de manera precisa, dirigida y eficiente la información genética de prácticamente cualquier organismo. A través de

sistemas como CRISPR, TALENs y ZFNs, hoy es posible corregir mutaciones, inactivar genes, introducir variantes deseadas o regular la expresión génica.

Antes de la popularización de CRISPR-Cas9, las tecnologías de edición del genoma más utilizadas fueron TALENs (Transcription Activator-Like Effector Nucleases) y ZFNs (Zinc Finger Nucleases). Aunque hoy CRISPR es dominante debido a su mayor simplicidad y versatilidad, tanto TALENs como ZFNs siguen utilizándose en aplicaciones específicas, especialmente en aplicaciones donde se busca una alta especificidad de reconocimiento, con menor riesgo de efectos fuera de objetivo (*off-target effects*), o cuando las regulaciones biotecnológicas limitan el uso de CRISPR.

Off-target effects (efectos fuera del objetivo):

Efectos no deseados que ocurren cuando una herramienta de edición molecular (como CRISPR) reconoce o actúa sobre secuencias distintas a su blanco específico en el genoma.

Los ZFNs son herramientas de edición genética formadas por varias unidades llamadas dedos de *zinc*, y cada dedo de zinc suele reconocer aproximadamente un triplete (ADN), pero no siempre una correspondencia de tres bases por dedo. Al juntar varios dedos, se obtiene una proteína capaz de unirse exactamente a la secuencia que se quiere editar. Esta proteína se conecta a una tijera molecular llamada FokI, que solo corta el ADN cuando dos ZFNs se colocan uno frente al otro. Ese corte genera una ruptura de doble cadena que la célula repara, produciendo mutaciones o permitiendo insertar cambios específicos (Mohanta et al., 2017). Los TALENs funcionan de manera muy parecida, pero usan módulos llamados TAL, derivados de una bacteria, y cada módulo reconoce una sola letra del ADN, lo que simplificó considerablemente su diseño en comparación con los ZFNs y favoreció su adopción en numerosos sistemas biológicos.

1.5.4.1. Edición génica CRISPR

CRISPR destaca como una herramienta de edición directa del genoma capaz de modificar secuencias del genoma con una precisión comparable a la de los procesos naturales de mutación. Esta tecnología no solo amplió las posibilidades del mejoramiento genético, sino que también redefinió los límites entre lo natural y lo diseñado, impulsando un nuevo paradigma en la biotecnología agrícola.

El sistema CRISPR, descubierto como un mecanismo de defensa en bacterias y arqueas, funciona como una especie de “memoria inmunológica” molecular donde se guarda en su genoma pequeños fragmentos de ADN de virus que las infectaron anteriormente. Cuando un virus intenta atacar de nuevo, la bacteria transcribe las secuencias en pequeños ARN guía (ARNg) que dirigen a las proteínas Cas hacia la secuencia invasora, permitiendo reconocerla con precisión y cortarla para detener la infección. Este mecanismo natural, basado en recordar secuencias y destruir ADN extraño, fue aprovechado y adaptado para convertir CRISPR en una herramienta poderosa de edición genética en plantas y otros organismos (Stewart, 2025).

El sistema CRISPR-Cas9 de *Streptococcus pyogenes* (SpCas9) fue el primero en adaptarse con éxito para la ingeniería genética en organismos eucariotas, dando origen a la herramienta que hoy conocemos como CRISPR-Cas9. El 2013, tres grupos de investigación demostraron de una manera independiente que este sistema podía aplicarse eficazmente

a plantas superiores, incluyendo modelos y especies agrícolas como *Oryza sativa* (arroz), *Triticum aestivum* (trigo), *Nicotiana benthamiana* (tabaco) y *Arabidopsis thaliana*. A continuación, se describen los componentes esenciales del sistema y cómo interactúan entre sí para lograr una edición dirigida del genoma vegetal (Gilbertson, 2025) (Figura 1.14).

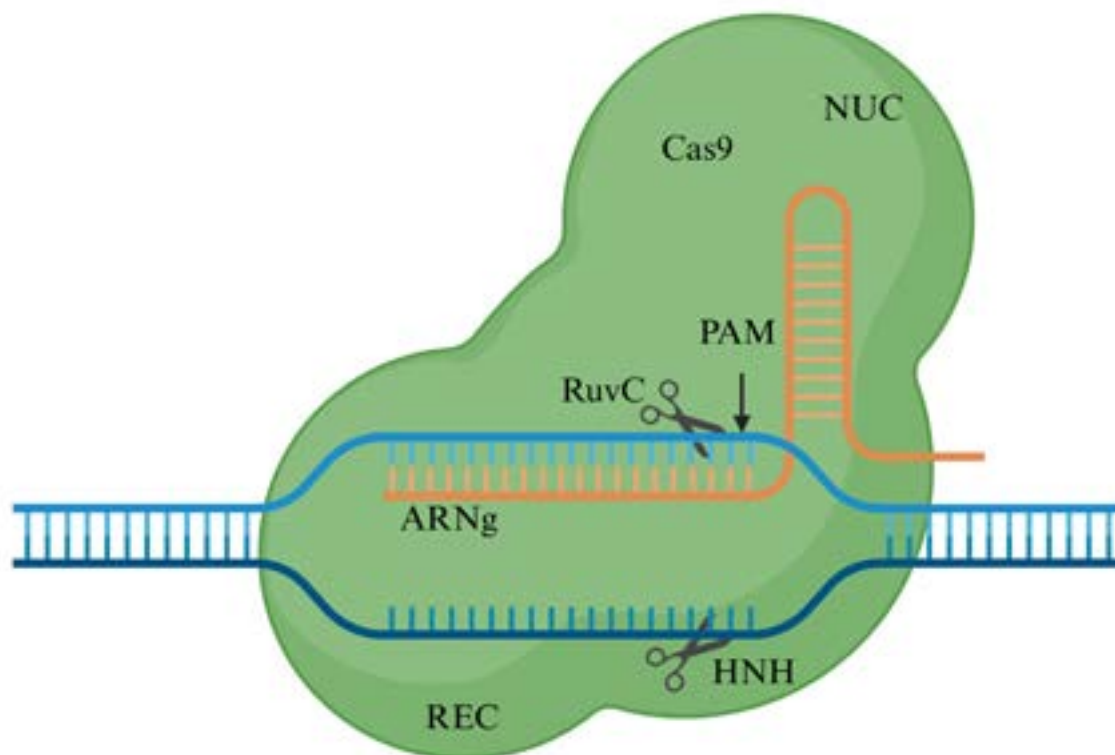


Figura 1.14. Estructura de Cas9 con su ARN guía (ARNg). Cas9 está formada por dos partes principales, denominadas REC y NUC. El ARNg se une en la región REC, que se encarga de identificar las secuencias de ADN. La región NUC contiene un dominio⁴⁴ que reconoce la secuencia PAM (5'-NGG-3'). NUC es responsable del corte del ADN y posee dos dominios endonucleasa: RuvC, que corta la hebra de ADN que contiene la secuencia PAM, y HNH, que corta la hebra reconocida por el ARNg. La ruptura de doble hebra ocurre aproximadamente tres nucleótidos aguas arriba (upstream) de la secuencia PAM, dentro de la región reconocida.

⁴⁴**Dominio:** Región estructural de una proteína con función o plegamiento identificable y relativamente independiente.

- **Secuencia PAM (Protospacer Adjacent Motif):** Es una secuencia corta (NGG en *Sp-Cas9*)⁴⁵ indispensable para que Cas9 reconozca y se una al ADN. Funciona como un mecanismo de discriminación molecular. En plantas, esta secuencia determina qué regiones pueden ser editadas.

- **ARNg (ARN guía):** Actúa como el “sistema de navegación” del complejo. Contiene una región complementaria al ADN objetivo y una estructura secundaria que permite la unión de la proteína Cas9. El ARNg guía a Cas9 hacia el locus específico del genoma vegetal; una vez allí, la nucleasa realiza el corte.

- **Nucleasa Cas9:** Es la proteína que ejecuta el corte. Cas9 tiene dos lóbulos estructurales: el REC (reconocimiento) y el NUC (nucleasa). Dentro del lóbulo NUC se encuentran los dominios catalíticos HNH (corta la hebra complementaria al ARNg) y RuvC (corta la hebra no complementaria). Ambos cortes ocurren coordinadamente y dependen de iones metálicos Mg^{2+} , generando una ruptura de doble cadena en la secuencia objetivo reconocida por el ARN guía (Figura 1.14).

- **Mecanismos de reparación del ADN (NHEJ y HDR):** Después del corte, la célula activa sus rutas de reparación. NHEJ (unión de extremos no homólogos) es el mecanismo predominante en plantas y suele generar inserciones o deleciones pequeñas (indels) que inactivan genes. HDR (reparación dirigida por homología) permite insertar secuencias nuevas usando un molde de ADN, aunque su eficiencia es menor. Estas rutas celulares son las responsables de generar la modificación final tras el corte realizado por Cas9.

El atractivo de CRISPR en biotecnología vegetal radica en la simplicidad del diseño y la precisión molecular. Los investigadores pueden diseñar en pocas horas un ARNg dirigido a un gen vegetal de interés, ensamblarlo en un vector compatible y expresarlo en tejidos vegetales mediante sistemas clásicos de transformación. La introducción de los reactivos CRISPR-Cas9 en células vegetales puede realizarse mediante tres modalidades: expresión estable, expresión transitoria o introducción libre de ADN (Stewart, 2025; Gilbertson, 2025).

La introducción de los reactivos CRISPR-Cas9 en células vegetales puede realizarse mediante tres modalidades: una expresión estable, donde los genes de Cas9 y del ARNg se integran en el genoma y generan líneas transgénicas que heredan la edición; una expresión transitoria, basada en la entrega temporal de constructos mediante infiltración con *A. tumefaciens* o electroporación de protoplastos, lo que permite obtener plantas editadas sin integración estable; y enfoques libres de ADN, que introducen directamente RNPs mediante técnicas físicas como biobalística o microinyección (Stewart, 2025; Gilbertson, 2025).

A diferencia de los métodos tradicionales, CRISPR permite introducir modificaciones específicas en regiones concretas del genoma, minimizando las alteraciones no deseadas asociadas a métodos menos dirigidos. En la actualidad, se han obtenido variedades editadas con mayor eficiencia fotosintética, tolerancia a salinidad y resistencia a virus, así como tomates con niveles modificados de ácido γ -aminobutírico para promover beneficios nutricionales. Estas aplicaciones demuestran que la ingeniería genética moderna no se limita a introducir genes exógenos, sino que permite rediseñar los propios genes de la planta con fines de adaptación y optimización agronómica (Gilbertson, 2025).

⁴⁵**Secuencia PAM (NGG en *SpCas9*):** Motivo corto de ADN indispensable para que Cas9 reconozca y corte; en “NGG”, N indica cualquier nucleótido y “*SpCas9*” se refiere a la nucleasa Cas9 derivada de *Streptococcus pyogenes*.

1.5.4.2. Avances actuales del sistema CRISPR

Las herramientas derivadas de CRISPR han evolucionado rápidamente desde su primera aplicación con Cas9, dando lugar a una serie de variantes que no solo amplían el rango de moléculas que pueden ser modificadas, incluyendo ADN y ARN, sino que también ofrecen alternativas que evitan rupturas extensas en la doble hélice, reducen efectos no deseados y permiten modificar múltiples genes de manera simultánea.

Cas12 y Cas13 representan expansiones importantes del sistema CRISPR más allá de Cas9. Cas12 es una nucleasa que reconoce secuencias y motivos PAM distintos, lo que permite editar regiones del genoma que Cas9 no puede alcanzar, además de generar cortes asimétricos que facilitan ciertos tipos de inserciones. Por su parte, Cas13 actúa sobre ARN (incluido ARNm) en lugar de ADN, lo que permite modular la expresión génica de manera temporal, degradar transcritos específicos o incluso detectar virus de ARN sin alterar permanentemente el genoma, ampliando las aplicaciones de CRISPR hacia el control post-transcripcional⁴⁶ y el diagnóstico molecular⁴⁷ (Gilbertson et al., 2025).

El base editing es una estrategia que permite cambiar una sola letra del ADN sin necesidad de romper la doble hélice. Para lograrlo, se utiliza una versión modificada de Cas, incapaz de cortar completa-

mente, unida a una enzima desaminasa que realiza conversiones químicas puntuales, como transformar una C en T o una A en G. Esto permite corregir mutaciones simples con precisión y menor riesgo de errores.

El prime editing combina una variante de Cas9 con actividad nucleasa reducida con una transcriptasa inversa⁴⁸ y una guía extendida⁴⁹ que contiene la información del cambio deseado. De esta forma, puede introducir inserciones, correcciones específicas o pequeñas deleciones sin generar grandes rupturas de doble cadena, lo que reduce la indeseada reparación por NHEJ y aumenta la fidelidad de la edición (Tingting et al., 2023).

La edición multiplex consiste en dirigir simultáneamente varios ARNg a distintos genes dentro de una misma célula u organismo. Esta capacidad de modificar múltiples loci de manera simultánea es una de las ventajas más destacadas de CRISPR, ya que permite estudiar redes génicas completas, recrear enfermedades poligénicas, optimizar rutas metabólicas o introducir mejoras complejas en cultivos que dependen de varios genes a la vez. Además, acelera procesos que, con ediciones individuales, requerirían múltiples generaciones o pasos experimentales separados (Kumar et al., 2025).

⁴⁶**Control post-transcripcional:** Regulación de la expresión génica que ocurre después de la síntesis del ARN, modulando su procesamiento, estabilidad, transporte o traducción.

⁴⁷**Diagnóstico molecular:** Detección de enfermedades, patógenos o variantes genéticas mediante técnicas basadas en ácidos nucleicos.

⁴⁸**Transcriptasa inversa:** Enzima fusionada a Cas9 que copia la secuencia molde de la guía extendida directamente sobre el ADN objetivo.

⁴⁹**Guía extendida:** Variante alargada del ARNg que, además de dirigir a Cas9 al sitio objetivo, incorpora una secuencia molde que especifica el cambio genético deseado durante la edición.

1.5.5. Técnicas que no modifican el ADN

En biotecnología vegetal han surgido estrategias que permiten modificar la expresión génica o el fenotipo sin alterar la secuencia del ADN, lo que genera discusiones sobre su clasificación regulatoria y sobre las implicaciones éticas asociadas a

las modificaciones genómicas permanentes. Estas técnicas actúan principalmente a dos niveles: (A) directamente sobre el ARN y (B) modulando la función de proteínas o la regulación epigenética (Tabla 1.8).

Tabla 1.8. Comparación entre técnicas que no modifican el ADN.

Aspecto	Técnicas sobre ARN	Técnicas sobre proteínas / epigenética
Nivel de acción	ARNm	Proteínas, reguladores o marcas epigenéticas
Modificación del ADN	No	
Duración del efecto	Temporal y reversible	Temporal a mediano plazo (algunos cambios epigenéticos pueden durar más).
Precisión	Alta, depende de secuencia de ARN.	Alta si usa RNPs o dCas9. Cas9 corta el ADN; dCas9 se une al ADN sin cortarlo y permite regular la expresión génica.
Generación de transgénicos	No requiere integración en el genoma.	

1.5.5.1. Edición y silenciamiento sobre ARN

Las técnicas que actúan directamente sobre el ARN han cobrado gran relevancia en biotecnología vegetal ya que permiten modular la expresión génica

sin alterar la secuencia heredable, recurriendo a mecanismos temporales y reversibles que silencian, degradan o editan moléculas de ARN específicas.

1.5.5.1.1. Interferencia por ARN (RNAi)

La interferencia por ARN es un proceso natural en plantas mediante el cual pequeñas moléculas de ARN, como los siRNA⁵⁰ y los miRNA⁵¹ dirigen la degradación o represión de un ARNm específico, reduciendo la expresión del gen. En biotecnología

vegetal, esta estrategia se activa introduciendo ARN de doble cadena (dsRNA), que es procesado por Dicer⁵² para generar siRNAs que guían a RISC⁵³ hacia el ARN blanco (Meister y Tuschl, 2004) (Figura 1.15).

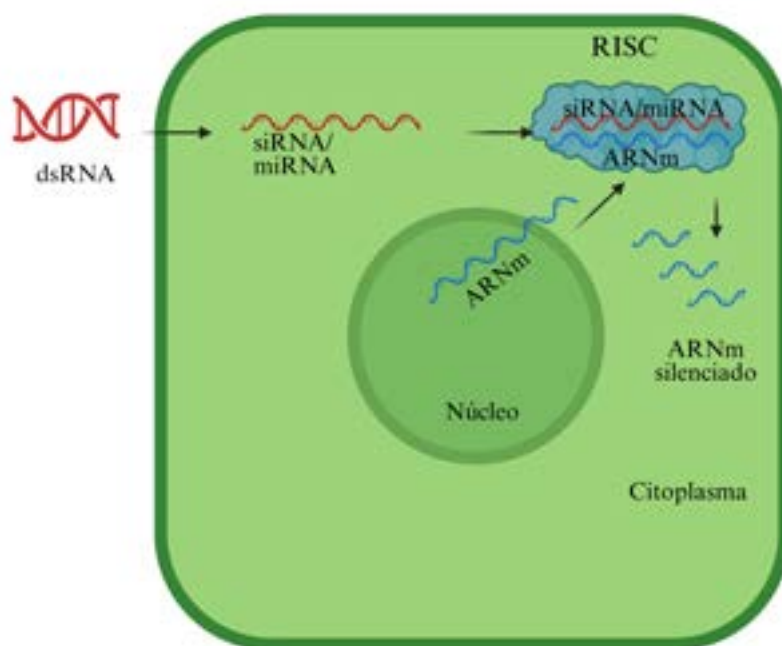


Figura 1.15. Esquema simplificado del mecanismo de interferencia por ARN (RNAi) en células vegetales. El ARN de doble cadena (dsRNA) es procesado para generar pequeños ARN reguladores (siRNA o miRNA), que se cargan en el complejo RISC en el citoplasma. Una vez guiado por estos pequeños ARN, RISC reconoce el ARN mensajero complementario y lo degrada, reduciendo la expresión del gen objetivo.

⁵⁰**CsiRNA (small interfering RNA / ARN interferente pequeño):** Fragmento corto de ARN de doble cadena que guía la degradación específica de un ARN mensajero complementario.

⁵¹**miRNA (microRNA / microARN):** Molécula endógena de ARN no codificante que regula la expresión génica al dirigir la represión o degradación del ARN mensajero.

⁵²**Dicer (Dicer / Dicer):** Enzima que procesa ARN de doble cadena para generar siRNAs o procesar pre-miRNAs.

⁵³**RISC (RNA-Induced Silencing Complex / Complejo de Silenciamiento Inducido por ARN):** Complejo proteico que, guiado por siRNAs o miRNAs, reconoce secuencias específicas de ARN y promueve su degradación o represión postranscripcional.

Este mismo mecanismo explica sus principales aplicaciones: al dirigir la degradación de ARNm específicos, la planta puede bloquear la replicación de virus, modular la acumulación de metabolitos al reducir enzimas clave de rutas biosintéticas⁵⁴, o estudiar la función génica⁵⁵ mediante silenciamiento

transitorio. Como este método actúa únicamente sobre moléculas de ARN y no altera la secuencia del ADN, sus efectos son temporales; su duración depende de la estabilidad de los ARN y de la capacidad celular para sostener la respuesta de silenciamiento en el tiempo (Meister y Tuschl, 2004).

Estudios funcionales:

Conjunto de métodos experimentales destinados a determinar la función biológica de un gen, proteína o ruta metabólica mediante la alteración controlada de su expresión o actividad y la observación de sus efectos en el organismo. Estos estudios no pretenden producir, cultivar o comercializar plantas, sino exclusivamente generar conocimiento básico o experimental sobre su función.

1.5.5.1.2. Silenciamiento inducido por virus

El silenciamiento inducido por virus (VIGS por sus siglas en inglés) utiliza virus que infectan plantas modificados para transportar fragmentos del gen deseado, activando la vía del siRNA dentro de la planta. Al infectar la planta con el virus recombinante, el sistema inmune de ARN genera siRNAs contra el gen hospedero, provocando su silenciamiento. El VIGS es transitorio porque depende de la persistencia del vector viral y de la respuesta celular de silenciamiento. Conforme la planta activa defensas antivirales o el virus pierde fuerza, el silenciamiento disminuye (Rössner et al., 2022).

Es una técnica útil para estudios funcionales en plántulas o plantas jóvenes, y permite silenciar genes sin necesidad de generar líneas transformadas. Sus limitaciones incluyen la variabilidad en la eficiencia de infección viral entre plantas e incluso entre tejidos del mismo individuo, lo que puede generar niveles desiguales de silenciamiento. Además, el efecto queda restringido a los tejidos efectivamente infectados por el virus, sin alcanzar de manera uniforme estructuras meristemáticas⁵⁶ o nuevos órganos en desarrollo (Rössner et al., 2022).

⁵⁴**Enzimas clave de rutas biosintéticas:** Proteínas que catalizan pasos determinantes dentro de una vía metabólica y regulan el flujo o la dirección de la síntesis de un metabolito; su actividad define la eficiencia y acumulación del producto final.

⁵⁵**Función génica:** Papel biológico que desempeña un gen dentro de una célula u organismo, determinado por el estudio de su secuencia, patrón de expresión y los efectos de su activación o silenciamiento; incluye su contribución a procesos metabólicos, desarrollo, estrés o fenotipos específicos.

⁵⁶**Estructuras meristemáticas:** Regiones de tejido vegetal compuestas por células indiferenciadas con alta capacidad de división, responsables del crecimiento primario o secundario de la planta.

1.5.5.1.3. Cas13 para ARN

Cas13 es una proteína de la familia CRISPR que actúa exclusivamente sobre ARN. Cuando se programa con una guía complementaria al ARN blanco, Cas13 puede degradar directamente el ARNm, evitando que el gen se traduzca en proteína. Esto permite disminuir de manera rápida y reversible la función de un gen. También puede bloquear la traducción simplemente uniéndose al ARNm sin cortarlo, impidiendo que los ribosomas lo lean. Además, existen versiones modificadas llamadas dCas13 (Cas13 catalíticamente inactiva), que ya no cortan el ARN, pero pueden funcionar como “plataformas” a las que se les fusionan otras enzimas que editan o modifican químicamente el ARN, permitiendo rectificar bases o alterar la estabilidad del mensaje sin afectar el gen original (Basit et al, 2025).

En plantas, estas capacidades se han usado para resistencia antiviral, eliminando los ARN de virus; para regulación temporal y rápida de genes, ajustando procesos de desarrollo o respuesta a estrés; y para edición post-transcripcional, corrigiendo o modificando moléculas de ARN después de que el gen ha sido transcrito (Basit et al., 2025).

1.5.5.2. Modificación del fenotipo modulando proteínas y epigenética

Además de las técnicas que actúan sobre el ARN, existen estrategias que intervienen directamente en la actividad de proteínas o en las marcas epigenéticas que regulan la expresión génica. Estas aproximaciones no buscan cambiar la secuencia genética, sino ajustar temporalmente cómo se comportan los genes: pueden activar o desactivar su expresión, modular enzimas clave de rutas metabólicas o alterar patrones epigenéticos como la metilación.

Epigenética:

Conjunto de cambios heredables en la actividad de los genes que ocurren sin modificar la secuencia del ADN. Estos cambios naturales (llamados marcas epigenéticas) regulan si un gen se activa o se silencia y se producen mediante mecanismos como:

- Metilación del ADN (adición de grupos metilo que suelen apagar genes).
- Modificaciones de histonas (cambios químicos en las proteínas que empaquetan el ADN y que pueden abrir o cerrar regiones para su lectura).
- Remodelación de la cromatina (reorganización física del ADN para hacerlo más accesible o compacto).
- ARN no codificante (moléculas de ARN que ayudan a activar o silenciar genes).

1.5.5.2.1. Complejos ribonucleoproteicos (RNPs)

Las RNPs consisten en proteínas Cas, como Cas9 o Cas12, que ya vienen ensambladas con su ARNg y se entregan directamente a las células vegetales (Figura 1.16). Esto significa que no es necesario introducir ADN ni construir plantas transgénicas, porque no se entrega ninguna secuencia genética que pueda integrarse en el genoma. En este sistema, las nucleasas actúan en el nivel de proteico: llegan listas para funcionar y desaparecen una vez

cumplida su tarea. Aunque estas nucleasas pueden cortar ADN en sus versiones activas, también existen versiones desactivadas, llamadas dCas, que ya no realizan cortes, pero pueden unirse a regiones específicas del genoma para modular la expresión de los genes sin provocar mutaciones. Esta capacidad permite regular la actividad génica de forma controlada y reversible, sin modificar la secuencia del ADN (Ramakrishnan et al., 2025).

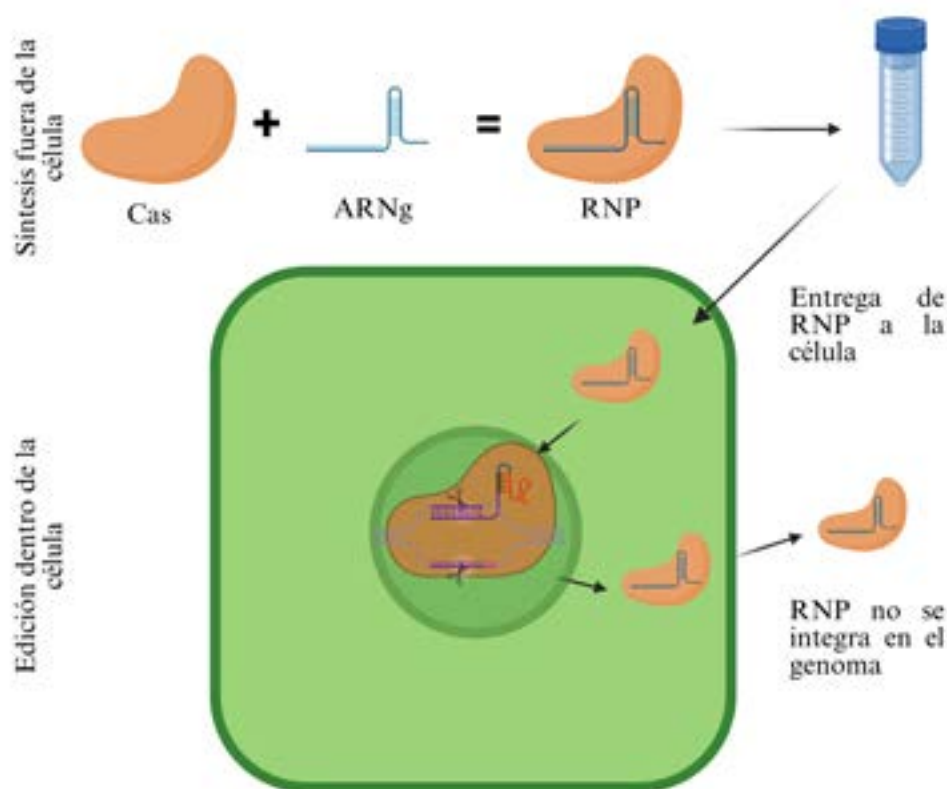


Figura 1.16. Esquema del proceso de edición génica mediante complejos ribonucleoproteicos (RNP). Las proteínas Cas y el ARNg se ensamblan fuera de la célula para formar el complejo RNP, que luego se introduce en células vegetales por distintos métodos de entrega (electroporación de protoplastos, bombardeo de partículas, microinyección, nanopartículas, agroinfiltración). Una vez dentro de la célula, el complejo actúa de forma transitoria para dirigir el corte o la modificación del ADN objetivo.

Debido a que no se introduce ADN exógeno y las RNP no se integran en el genoma, el material de entrega no se hereda. Sin embargo, las modificaciones genéticas generadas por nucleasas activas pueden transmitirse a la descendencia si quedan incorporadas de forma estable en el genoma. En este método, cuando se usan versiones dCas9 o dCas12, estas proteínas pueden actuar como “pinzas moleculares” que se colocan sobre un gen para modular su expresión: pueden reclutar activadores que aumentan la transcripción o represores que la disminuyen, funcionando como interruptores que suben o bajan la actividad del gen. También pueden transportar enzimas que añaden o quitan marcas químicas en el ADN o en las histonas, lo que permite modificar el estado epigenético de un gen de manera precisa y reversible (Ramakrishnan et al., 2025).

1.5.5.2.2. Reguladores sintéticos de expresión

Los reguladores sintéticos incluyen proteínas especialmente diseñadas para alterar la expresión de un gen sin modificar su secuencia de ADN, actuando únicamente sobre los mecanismos que controlan cuándo y cuánto se expresa. Entre estas herramientas destacan los sistemas basados en dCas9 o dCas12. Estas proteínas pueden fusionarse a activadores transcripcionales, como VP64 o VPR, que funcionan como “botones de encendido”, aumentando la actividad del gen, o a represores, como KRAB, que actúan como “botones de apagado” reduciendo o bloqueando la transcripción.

Además de estas fusiones, existen factores de transcripción⁵⁷ sintéticos, diseñados para reconocer secuencias específicas del ADN y modular la expresión génica con un grado de precisión que los factores naturales no siempre permiten (Yasmeen et al., 2023).

1.5.5.2.3. Epigenética dirigida

La epigenética dirigida aprovecha proteínas como dCas9 fusionadas a enzimas capaces de modificar marcas epigenéticas, principalmente metilación del ADN y modificaciones de histonas, para regular la expresión génica sin alterar la secuencia del ADN. En plantas, la metilación de citosinas en promotores o regiones reguladoras suele inducir silenciamiento estable, mientras que otras marcas, como la acetilación de histonas, facilitan la activación génica.

Esta técnica permite “apagar” o “encender” genes de manera controlada y, en algunos casos, las modificaciones epigenéticas pueden mantenerse durante divisiones celulares e incluso transmitirse parcialmente a generaciones posteriores (Al Rabbi et al., 2026).

1.5.6. Validación y análisis

La etapa de validación sirve para demostrar que una edición genética o transformación en plantas ocurrió realmente, funciona como se espera y se mantiene estable a lo largo del tiempo. Esta fase integra métodos moleculares y enfoques ómicos que permiten confirmar la presencia del constructo, su expresión y su efecto fenotípico o bioquímico⁵⁸. Además, asegura que los cambios inducidos sean heredables y consistentes en generaciones posteriores, requisito tanto para investigación básica como para programas de mejoramiento genético y liberación regulatoria.

⁵⁷**Factores de transcripción:** Proteínas que se unen a secuencias reguladoras del ADN y controlan la activación o represión de genes.

⁵⁸**Efecto fenotípico o bioquímico:** Manifestación observable o medible resultante de una mutación, edición génica o alteración regulatoria, expresada como cambios en características del organismo, niveles de proteínas, actividad enzimática o perfiles metabólicos.

Ciencias ómicas:

Son áreas de la biología que estudian grandes conjuntos de moléculas de un organismo.

- Genómica: Estudio del conjunto completo de ADN (genoma).
- Transcriptómica: Estudio del conjunto de ARN expresado en una célula, tejido u organismo.
- Proteómica: Estudio del conjunto de proteínas producidas en una célula, tejido u organismo.
- Metabolómica: Estudio del conjunto de metabolitos presentes en una célula, tejido u organismo.

La confirmación de los parámetros mencionados con anterioridad generalmente se da en los siguientes momentos:

- Después de la transformación o de la inducción de RNP/ADN/ARN: para verificar la integración, edición o expresión inicial del material genético introducido.
- Antes de la regeneración en cultivo in vitro: para descartar eventos no exitosos y optimizar recursos experimentales.
- Tras obtener plantas regeneradas o T0: para evaluar expresión inicial y descartar quimerismo⁵⁹.
- En la generación T1: para evaluar herencia mendeliana de la edición o del transgén⁶⁰.
- En evaluaciones fenotípicas/proteómicas/metabolómicas: para confirmar que el efecto esperado ocurre de forma consistente.
- En generaciones avanzadas (T2, T3...): para validar uniformidad genética⁶¹ y expresión sostenida. T2 suele ser la generación donde se establecen líneas con homocigosidad estable⁶².

T0 (Transformante 0):

Primera generación de plantas regeneradas después de la transformación genética.

Corresponde a las plantas que reciben directamente el constructo (*A. tumefaciens*, biobalística, RNP, etc.). Suelen ser quiméricas, con inserciones irregulares y variación en expresión.

T1 (Transformante 1):

Generación filial obtenida por autofecundación o propagación sexual de un evento T0.

En esta generación se evalúa herencia mendeliana, número de copias del transgén, segregación y estabilidad. Las plantas T1 permiten identificar y seleccionar líneas homocigotas y heterocigotas.

T2 (Transformante 2):

Segunda generación filial del evento transformado (descendientes de T1).

Se utiliza para confirmar estabilidad del transgén, expresión consistente y ausencia de quimerismo.

T3, T4, etc.:

Generaciones avanzadas del evento transformado.

Se usan para validar estabilidad a largo plazo, evaluar fenotipos bajo distintas condiciones y generar líneas avanzadas o élite. En cultivos con fines comerciales, estas generaciones confirman uniformidad genética.

⁵⁹**Quimerismo:** Condición en la que un organismo posee dos o más linajes celulares genéticamente distintos, fenómeno frecuente en regeneración vegetal y edición génica que complica la interpretación del fenotipo y la fijación estable de la mutación.

⁶⁰**Pueden distinguirse líneas homocigotas:** plantas en las que ambas copias de un gen presentan el mismo alelo o la misma edición genética; y líneas heterocigotas: plantas que poseen dos alelos distintos para un mismo gen, lo que genera segregación futura y fenotipos más variables o incompletos.

⁶¹**Uniformidad genética:** Grado en que una población vegetal presenta genotipos y fenotipos homogéneos, algo esencial para interpretar efectos de edición génica; la falta de uniformidad causada por heterocigosidad residual, quimerismo o variación epigenética dificulta atribuir un cambio fenotípico exclusivamente a la mutación introducida.

⁶²**Homocigosidad estable:** Condición en la que un alelo la edición está presente en ambas copias de un gen y se transmite consistentemente a la descendencia; alcanzar esta estabilidad puede requerir varias generaciones debido a quimerismo inicial o mecanismos compensatorios que afectan la expresión del rasgo.

1.5.6.1. Confirmación de integración o edición: PCR, qPCR, secuenciación

La validación molecular permite confirmar que el ADN introducido se ha integrado correctamente en el genoma de la planta o, en el caso de que se haya editado el ADN, que la modificación deseada se ha producido en el sitio objetivo. En esta etapa se busca determinar presencia, número de copias y patrones de inserción o delección, descartando eventos parciales o efectos fuera del objetivo (*off-target effects*). Es el primer paso para validar que la

transformación fue exitosa y usualmente se hace por PCR, qPCR (*quantitative PCR*) y/o secuenciación (Tabla 1.9). En la práctica, las eficiencias de transformación suelen ser bajas y altamente dependientes de la especie y del genotipo, variando desde 0.1–1 % en cultivos recalcitrantes (como muchas leguminosas o cereales), hasta 5–20 % en modelos más transformables (como *Arabidopsis thaliana* o *Nicotiana tabacum*).

Tabla 1.9. Comparación entre métodos de confirmación de integración o edición de ADN.

Aspecto	PCR convencional	qPCR	Secuenciación
Descripción	La PCR permite detectar la presencia del transgén o de la edición al amplificar regiones específicas del ADN. Es una técnica rápida y sensible para confirmar integración preliminar en plantas regeneradas o callos seleccionados, aunque no proporciona información cuantitativa precisa ni permite determinar directamente el número de copias.	La qPCR permite cuantificar la cantidad relativa de ADN integrado y estimar el número de copias del transgén comparándolo con genes endógenos de referencia. Es útil para seleccionar plantas con menor número de inserciones, reducir riesgos de silenciamiento y evitar integraciones parciales.	La secuenciación permite confirmar con precisión la integración y la fidelidad del fragmento insertado, verificando la ausencia/presencia de mutaciones, truncamientos o reordenamientos. También permite delimitar puntos de unión entre el ADN introducido y el genoma, y detectar inserciones fuera del objetivo.

La PCR funciona amplificando un fragmento específico de ADN mediante ciclos repetidos de desnaturalización⁶³, alineamiento de cebadores⁶⁴ y extensión. Al diseñar cebadores que flanquean una región particular, por ejemplo, el transgén o el sitio editado, la técnica permite generar millones de copias del fragmento objetivo, haciéndolo detectable incluso cuando está presente en cantidades muy bajas. A diferencia de este enfoque, la qPCR aplica el mismo principio, pero incorpora detectores fluorescentes que permiten cuantificar la cantidad de ADN amplificado y estimar el número relativo de copias en la muestra (Tran et al., 2023).

La secuenciación determina el orden exacto de los nucleótidos en un fragmento de ADN, permitiendo verificar la integridad del transgén o de la región editada con precisión de base. Al comparar la secuencia obtenida con la esperada, es posible identificar mutaciones, inserciones o deleciones indeseadas, así como confirmar los puntos de unión entre el ADN introducido y el genoma vegetal. Dependiendo del método, se puede analizar desde pequeños fragmentos hasta todo el genoma, lo que permite detectar reordenamientos, inserciones fuera del objetivo y cualquier variación no prevista que pudiera afectar la funcionalidad o estabilidad del evento transformado.

1.5.6.2. Confirmación de expresión: RT-PCR, transcriptómica

La confirmación de la expresión evalúa si el transgén insertado o el gen modificado realmente se transcribe dentro de la planta. A través de análisis basados en ARN, se verifica la actividad del constructo y se descarta silenciamiento o falta de expresión. Esta fase es esencial para demostrar que la maquinaria

celular reconoce y utiliza la secuencia introducida. Esto es importante, ya que múltiples factores pueden impedir observar las modificaciones de ADN a nivel de ARN: integración del transgén en regiones heterocromáticas⁶⁵ que suprimen la transcripción, presencia de promotores débiles o no compatibles con el tejido o la especie, silenciamiento postranscripcional mediado por siRNA, inserciones múltiples que disparan mecanismos de silenciamiento, inestabilidad del ARNm o degradación acelerada, y finalmente quimerismo en plantas T0 que genera expresión inconsistente entre tejidos (Mao et al., 2019). Por ello, la confirmación transcriptómica es indispensable antes de interpretar cualquier fenotipo.

La confirmación de la expresión puede realizarse mediante RT-PCR (Reverse Transcription PCR), que convierte el ARN mensajero en ADNc y luego amplifica regiones específicas para verificar que el transgén o el gen editado se transcribe realmente, permitiendo detectar presencia o ausencia de expresión. Para un análisis más amplio y cuantitativo, la transcriptómica permite medir de manera global los niveles de expresión, identificar efectos secundarios en rutas metabólicas o genes no objetivo, detectar cambios inesperados en redes regulatorias y validar que la modificación genética genera el patrón transcripcional esperado dentro del contexto celular y tisular completo.

⁶³**Desnaturalización:** Separación de las dos hebras de ADN mediante calor, rompiendo los puentes de hidrógeno para permitir que los cebadores se unan al molde durante la PCR.

⁶⁴**Alineamiento de cebadores:** Etapa de la PCR en la que los cebadores (oligonucleótidos cortos de ADN) se hibridan con sus secuencias complementarias en el ADN molde, definiendo el sitio exacto donde iniciará la síntesis por la polimerasa.

⁶⁵**Regiones heterocromáticas:** Segmentos del genoma altamente compactados y ricos en secuencias repetitivas, con baja accesibilidad transcripcional y frecuentemente asociados al silenciamiento de genes cercanos mediante marcas epigenéticas.

1.5.6.3. Confirmación de efecto: proteómica, metabolómica, fenotipo

La confirmación del efecto determina si la modificación genética produce las consecuencias funcionales esperadas en las proteínas, metabolitos o fenotipo. Este análisis integra métodos que evidencian cambios reales en la biología de la planta. Permite validar que la intervención no solo se integró y se expresa, sino que además genera un impacto medible y coherente con el objetivo experimental.

Pasar de una modificación en el ADN a un fenotipo observable es uno de los pasos más difíciles: las plantas poseen redes metabólicas redundantes, mecanismos compensatorios, regulación ambiental dependiente, y capas epigenéticas que pueden amortiguar o anular el efecto esperado. Además, muchas rutas requieren la modificación de varios genes simultáneamente, o dependen de interacción con tejidos, etapas de desarrollo o condiciones ambientales específicas. Por ello, obtener una planta transgénica o editada con un fenotipo estable y reproducible suele ser considerablemente más complejo que modificar una secuencia de ADN. Implica navegar una cascada de procesos biológicos que no siempre responden de forma lineal al cambio genético introducido (Ramakrishnan et al., 2025).

Para evaluar el efecto en el fenotipo se emplean enfoques proteómicos, metabolómicos y de fenotipado. La proteómica evalúa si los cambios genéticos se traducen efectivamente en proteínas alteradas, ausentes o sobreexpresadas⁶⁶, permitiendo confirmar la acumulación de proteínas editadas, la

modificación de la actividad enzimática⁶⁷ o la alteración de complejos proteicos⁶⁸ cuando el objetivo de la edición es funcional. La metabolómica detecta variaciones en metabolitos primarios y secundarios, mostrando el impacto directo en la fisiología de la planta y resultando indispensable cuando la edición afecta rutas bioquímicas o compuestos específicos (ejemplo: hormonas vegetales), verificando que el fenotipo metabólico coincide con lo esperado. Finalmente, el fenotipado permite observar cambios visibles o mensurables en rasgos morfológicos, de crecimiento, desarrollo o respuesta a estrés, confirmando que la modificación genética se expresa como un rasgo observable y cuantificable en la planta completa (Kaya, 2025).

1.5.6.4. Asegurar estabilidad heredable en generaciones

La estabilidad heredable se evalúa mediante análisis moleculares (PCR, qPCR), segregación mendeliana y monitoreo de la expresión en generaciones T1, T2 y posteriores. Idealmente, se seleccionan líneas con un patrón consistente de transmisión del transgén o de la edición y con un fenotipo estable. Este proceso garantiza que la línea final pueda utilizarse en investigación, mejoramiento o liberación regulada. Cabe señalar que este análisis no aplica para estudios funcionales basados en expresión transitoria (como agroinfiltración o VIGS), donde el objetivo no es generar líneas estables sino evaluar rápidamente la función de un gen o la eficacia de una edición sin necesidad de herencia generacional (Figura 1.17) (Stewart, 2025).

⁶⁶**Proteína sobreexpresada:** Proteína cuya cantidad en la célula ha sido incrementada artificialmente, generalmente para potenciar una función o estudiar su efecto biológico.

⁶⁷**Actividad enzimática:** Capacidad catalítica de una enzima para transformar un sustrato en producto.

⁶⁸**Complejo proteico:** Conjunto de dos o más proteínas que interactúan físicamente para ejecutar una función conjunta.

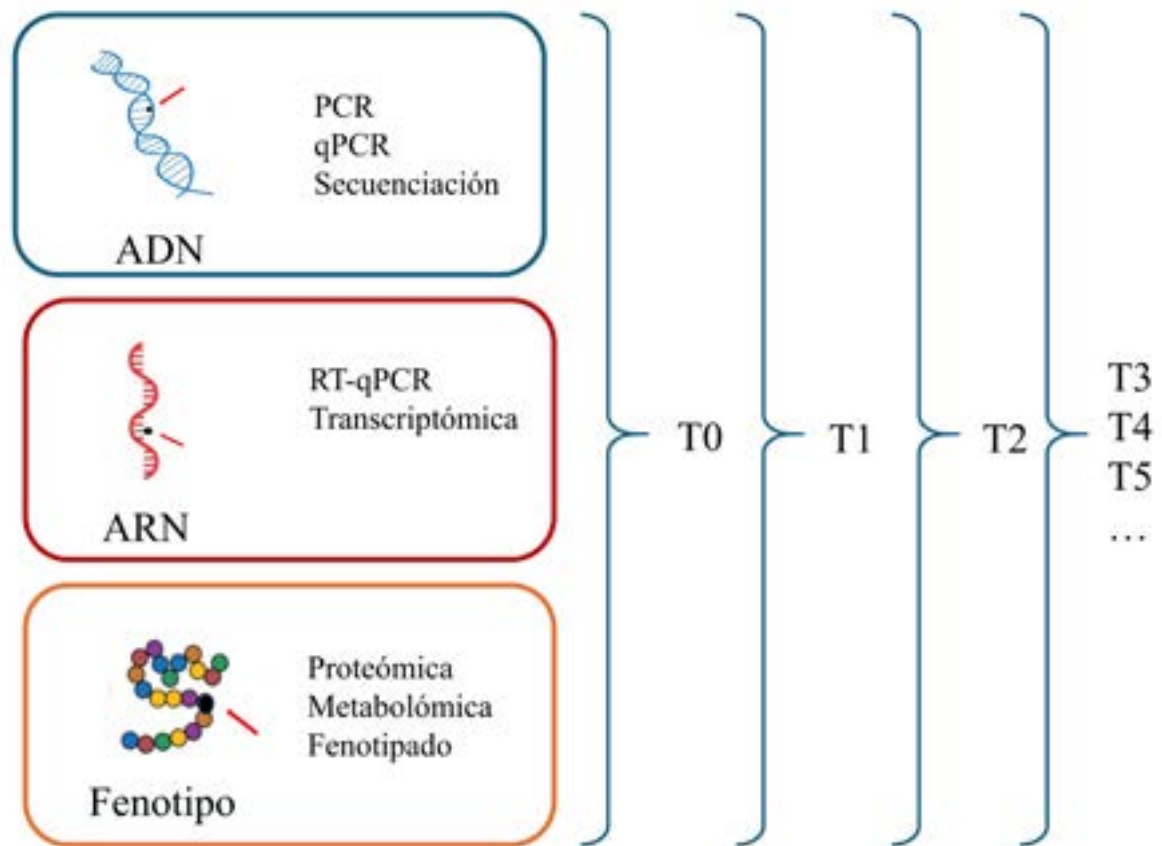


Figura 1.17. Esquema general de los niveles de validación necesarios para confirmar una transformación o edición genética en plantas. La verificación del evento (flecha roja) inicia en el nivel de ADN mediante PCR, qPCR y/o secuenciación, continúa con la evaluación de ARN por RT-PCR y/o análisis transcriptómico, y culmina con la confirmación del efecto fenotípico mediante proteómica, metabolómica y/o fenotipado. Estas validaciones se realizan a lo largo de las generaciones T0, T1, T2, T3, etc. con el fin de asegurar integración correcta, expresión estable y manifestación del fenotipo esperado.

1.6. Terminología y clasificación en ingeniería genética vegetal

En el ámbito de la ingeniería genética de plantas, no todos los organismos modificados son iguales. Existen distintas categorías según cómo se alteró

su material genético, de dónde provienen los genes incorporados y cuál es la herramienta utilizada (Tabla 1.10).

Tabla 1.10. Terminología usada en ingeniería genética de plantas

Término	Definición y explicación*	Matices y aclaraciones técnicas
OGM o GMO <i>Genetically Modified Organism</i> u Organismo Genéticamente Modificado	Término amplio que incluye cualquier organismo cuyo ADN ha sido alterado de forma dirigida, ya sea añadiendo, eliminando o editando genes. En plantas se aplica a cultivos que han pasado por transformación genética o edición del genoma. Es incierto si se incluye o no edición del ARN, proteínas o epigenoma.	Desde un punto de vista puramente técnico, casi todos los organismos vivos han sufrido modificaciones genéticas naturales a lo largo de la evolución; pero “GMO” en biotecnología no significa “cualquier cambio genético”, sino solo cambios inducidos mediante técnicas modernas. No es correcto usarlo para humanos o animales naturalmente mutados.
Transgénico	Planta que recibe un gen proveniente de otra especie. El gen insertado no estaba presente originalmente en el genoma de esa planta.	Existen transgénicos naturales. La bacteria <i>A. tumefaciens</i> transfiere ADN a plantas silvestres y estas mantienen el T-DNA integrado, por lo que algunas especies son “naturalmente transgénicas” sin intervención humana. En el uso público y mediático, el término transgénico suele emplearse de manera amplia para referirse a distintos tipos de organismos modificados genéticamente, aunque técnicamente corresponde solo a aquellos que incorporan ADN procedente de otra especie.
Editado genéticamente (gene-edited)	Planta cuyo ADN fue modificado en secuencias específicas con herramientas como CRISPR. Puede cambiar solo una base, silenciar un gen o eliminar un fragmento sin añadir ADN externo.	No todas las técnicas de ingeniería actúan en el ADN. Existen tecnologías que modifican ARN o proteínas, lo que permite cambiar el fenotipo sin alterar permanentemente el genoma. En estos casos, no siempre encajan dentro de la definición clásica de “edición genética”.

Mutante	Organismo con cambios en el ADN producidos por mutaciones naturales o inducidas (ejemplos: radiación, químicos como EMS). Muy usado históricamente en mejora de cultivos.	Aunque puede generar múltiples mutaciones distribuidas en el genoma, estos cultivos no suelen regularse como transgénicos. En algunos contextos, son percibidos como “naturales”, aun cuando los cambios genéticos pueden ser más extensos y menos dirigidos que en los organismos transgénicos o editados.
Creado con ingeniería genética	Término general para cualquier planta modificada usando técnicas de biotecnología moderna.	Actualmente este es el término técnico correcto, pero socialmente suele reemplazarse por “transgénico”.
Creado con NGT (Nuevas Técnicas Genómicas)	Son plantas creadas con NGT que son un subgrupo de herramientas modernas de ingeniería genética que permiten realizar modificaciones precisas en el ADN (ej. CRISPR-Cas9). Estas técnicas generan mutaciones dirigidas, pequeñas inserciones o deleciones, a menudo sin introducir ADN exógeno.	En muchos casos, las técnicas NGT producen plantas modificadas genéticamente que no se consideran transgénicas, ya que los cambios son comparables a los que ocurren de forma natural.

*Integración y adaptación de Comisión Europea (s.f.) e Innovative Genomics Institute, (2025); IBD (2026).

Dentro de las plantas obtenidas mediante ingeniería genética, pueden distinguirse los organismos transgénicos, cisgénicos e intragénicos según el origen y la organización del material genético introducido.

- Los cisgénicos incorporan genes de la misma especie o de especies sexualmente compatibles. Aunque ese gen podría haberse transferido mediante cruzamiento tradicional, la ingeniería genética permite introducirlo de forma dirigida y más rápida.
- Los intragénicos se construyen utilizando fragmentos de ADN, como promotores, terminadores o regiones codificantes, provenientes de la misma especie, reorganizados artificialmente para formar combinaciones que no existen en la naturaleza.

Las categorías de términos técnicos enlistadas en la Tabla 1.10 no siempre coinciden con las categorías y términos utilizados en el etiquetado. En muchos países, el etiquetado no distingue entre distintos tipos de modificación genética: los cultivos obtenidos mediante ingeniería genética suelen agruparse bajo una misma categoría, aun cuando no incorporen ADN exógeno o presenten cambios mínimos, como la edición de una sola base. Además, los términos “transgénico” y “OGM” pueden emplearse de manera intercambiable en algunos contextos, lo que

influye en las estrategias de etiquetado y comunicación. Como resultado, ciertos productos incluyen indicaciones como “non-GMO”, incluso en casos en los que no contienen material genético o no están relacionados con organismos genéticamente modificados.

El desafío técnico consiste en determinar si el etiquetado debe basarse en el método (cómo se obtuvo la planta) o en el producto final (si presenta cambios sustanciales en composición, seguridad o valor nutricional). Por ejemplo, en el caso de determinar si una planta de soya es transgénica frente a una mezcla de harinas que la incluyen, considerando que la harina atraviesa procesos industriales de molienda, calentamiento y refinación que degradan profundamente el ADN y las proteínas, dificultando incluso su detección (Yao et al., 2025).

Algunos países avanzan hacia un enfoque centrado en las características del producto, mientras que otros mantienen un criterio basado en la técnica empleada, agrupando bajo una misma etiqueta tecnologías muy diferentes (Tabla 1.11). En varios países los marcos regulatorios continúan en desarrollo o presentan vacíos normativos respecto a algunas de estas tecnologías, a pesar de que ya importan alimentos derivados de cultivos obtenidos mediante ingeniería genética.

Tabla 1.11. Regulaciones de etiquetado de OGM en el mundo

País/Región	¿Cómo se regula? *	¿Exige etiquetado como OGM?	Tratamiento de cultivos editados (CRISPR)
Estados Unidos	Enfoque basado en el producto final y su equivalencia con alimentos tradicionales; muchos cultivos editados sin ADN exógeno se excluyen del marco de OGM.	Obligatorio solo si hay diferencias sustanciales en composición, alérgenos o seguridad; muchos productos derivados de CRISPR no requieren etiquetado como OGM.	En muchos casos no se consideran OGM si no contienen ADN exógeno; numerosos cultivos editados han recibido exenciones regulatorias o aprobaciones específicas.
Unión Europea	Clasifica una planta como OGM no solo por el resultado final, sino porque se ha obtenido mediante una técnica específica de ingeniería genética. EMS y otros agentes químicos/mutágenos físicos se consideran métodos de mutagénesis, pero históricamente han estado excluidos de la definición estricta de OGM en la Unión Europea, porque se usaban antes de la directiva. La UE creó dos categorías de plantas Nuevas Técnicas Genómicas (NGT): NGT-1: plantas “equivalentes a convencionales” (pueden producirse por métodos tradicionales o de forma natural; se tratan casi como convencionales y no como OGM).	Sí, obligatorio para OGM tradicionales; el nuevo marco de NGT prevé etiquetado diferenciado para ciertos tipos de edición genética, pero aún en transición.	Plantas editadas con CRISPR siguen siendo reguladas como OGM en la mayoría de los casos, pero NGT tipo 1 (mutaciones simples sin ADN foráneo) podrían ser tratadas con un régimen más leve o distinto según la nueva normativa.

	NGT-2: modificaciones más complejas, que siguen siendo evaluadas y etiquetadas como OGM		
Argentina	Evaluación caso por caso según el cambio final; enfoque orientado al producto y basado en investigación rigurosa; se han actualizado resoluciones (Res. 24/2026, OGM 255/26) para clarificar el trato de NGT.	Se etiqueta si hay diferencias sustanciales; muchos cultivos editados sin ADN exógeno se consideran no OGM y no requieren dicho etiquetado.	Varios cultivos editados han sido aprobados como no OGM; el marco explícito permite distinguir claramente entre edición genética y transgénesis.
Brasil	Evaluación caso por caso, con énfasis en el cambio final y la ausencia de ADN exógeno. Se ha aprobado soya y otros cultivos editados sin ADN foráneo como no OGM.	Se etiqueta cuando hay ADN exógeno o cambios significativos; ediciones sin ADN exógeno pueden quedar exento de la regulación aplicable a OGM transgénicos.	Si no hay ADN exógeno, muchos cultivos editados con CRISPR se pueden clasificar como no OGM.
Japón	Enfoque basado en la técnica, con listado de eventos aprobados; se diferencian claramente OGM transgénicos de ediciones sin ADN exógeno.	Sí, para cultivos transgénicos; los derivados tienen menor exigencia; CRISPR sin ADN exógeno no requiere etiquetado como OGM.	CRISPR sin ADN exógeno no requiere regulación ni etiquetado como OGM; se han aprobado varios productos editados.
México	Regulación en transición, con fuerte énfasis en precaución; no existe todavía un marco diferenciado claro entre edición genética y transgénesis, pese a propuestas de científicos y organismos internacionales.	Etiquetado obligatorio para transgénicos; la diferencia con NGT no está claramente definida en la normativa vigente.	Casos todavía sujetos a análisis y debate; se ha recomendado desarrollar definiciones específicas para NGT, pero la regulación aplicable a CRISPR sigue en discusión.

* ChileBio (2025, 2026a, 2026b); Comisión Nacional Asesora de Biotecnología Agropecuaria [CONABIA], 2025; U.S. Department of Agriculture, Animal and Plant Health Inspection Service, 2020; Comisión Europea (2021); Gobierno de Argentina (2026); IBD (2026); Yao et al. (2025)

1.7. Preguntas de discusión y temas para ampliar

• Preguntas de discusión

1. ¿En qué medida la ingeniería genética en plantas representa una continuidad o una ruptura con el mejoramiento convencional?
2. ¿Cuáles son las principales limitaciones técnicas actuales de las herramientas de ingeniería genética (por ejemplo, transformación, edición génica, validación)?
3. ¿Qué implicaciones tienen los efectos fuera del objetivo (off-target) y otros eventos no intencionados en la interpretación de resultados experimentales?
4. ¿Cómo influye la elección del método (transformación, edición génica, técnicas sin modificación de ADN) en las características del organismo obtenido?
5. ¿Qué criterios técnicos permiten diferenciar entre transgénesis, cisgénesis y edición génica, y cómo se verifican experimentalmente estas diferencias?

• Temas para ampliar

1. Edición génica multiplex en plantas mediante sistemas CRISPR (edición simultánea de múltiples loci, diseño de sgRNAs y desafíos en eficiencia y especificidad)
2. Edición génica “DNA-free” (desafíos en regeneración y eficiencia)
3. Producción de biofármacos y vacunas en plantas (molecular farming) (expresión transitoria y estable de proteínas recombinantes, aplicaciones terapéuticas y regulatorias)

1.8. Referencias

1. Ahmad, F., Shah, S. H., & Jan, A. (2023). Overexpression of the *DREB1A* gene under stress-inducible promoter delays leaf senescence and improves drought tolerance in rice. *Cereal Research Communications*, 51(4), 851–857.
2. Akhtar, S., Rao, E., Uike, A., & Saatu, M. (2023). *Plant Breeding Strategies: Traditional and Modern Approaches*. Genetic Revolution in Agriculture. Elite Publishing House.
3. Al Rabbi, S. H., & Islam, T. (2026). Delivering epigenetic modulations by CRISPR-Cas9 technology: Recent applications for crop improvement. En J.-T. Chen (Ed.), *Functional RNAs in plants: Developing climate-resilient and stress-resistant crops* (pp. 297–308). Academic Press.
4. Arvas, Y. E. (2025). Golden Rice Project and its impact on global nutritional security. En A. N. Shah, S. Faiz, M. Aslam, J. Iqbal, & A. Qayyum (Eds.), *Crop biofortification: Biotechnological approaches for achieving nutritional security under changing climate* (pp. 13–32). Wiley.
5. Basit, A., Liu, A., Zheng, W., & Zhu, J. (2025). A review on the mechanism and potential diagnostic application of CRISPR/Cas13a system. *Mammalian Genome*, 36(3), 709–726.
6. Belaffif, M. B., Brown, M. C., Marcial, B., Baysal, C., & Swaminathan, K. (2025). New strategies to advance plant transformation. *Current Opinion in Biotechnology*, 91, 103241.
7. Boora, N., Ahlawat, Y., Chaudhary, D., Jaiwal, P. K., & Kundu, S. (2025). *Next-generation crop improvement: Social, ethical, and regulatory perspectives on GMO commercialization and future challenges*. In *Next-Generation Strategies for Crop Improvement* (pp. 405–445). Springer Nature.
8. ChileBio. (2025). México: investigadores piden regular la edición genética para fortalecer la seguridad alimentaria. ChileBio. <https://chilebio.cl/2025/10/16/mexico-investigadores-piden-regular-la-edicion-genetica-para-fortalecer-la-seguridad-alimentaria/>
9. ChileBio. (2026a). La Unión Europea avanza hacia la adopción comercial de las nuevas técnicas genómicas para la agricultura. ChileBio. <https://chilebio.cl/2026/01/29/la-union-europea-avanza-hacia-la-adopcion-comercial-de-las-nuevas-tecnicas-genomicas-para-la-agricultura/>
10. ChileBio. (2026b). Argentina actualizó su normativa para organismos obtenidos mediante nuevas técnicas de mejoramiento (NBT). ChileBio. <https://chilebio.cl/2026/03/12/argentina-actualiza-su-normativa-para-organismos-transgenicos-de-uso-agropecuario/>
11. Comisión Europea. (2021). *Study on the status of new genomic techniques under Union law*. https://food.ec.europa.eu/plants/genetically-modified-organisms/new-techniques-biotechnology/ec-study-new-genomic-techniques_en
12. Comisión Europea. (s. f.). *Glosario: Ingeniería genética*. <https://ec.europa.eu/health/opinions/es/primates-no-humanos/glosario/ghi/ingenieria-genetica.htm>
13. Comisión Nacional Asesora de Biotecnología Agropecuaria (CONABIA). (2025). Página oficial de CONABIA. <https://www.argentina.gob.ar/agricultura/bioeconomia/biotecnologia/conabia>

14. FAO. (2023). *Agricultural Biotechnology Annual Report*. Food and Agriculture Organization of the United Nations.
15. Gilbertson, L., Puchta, H., & Slotkin, R. K. (2025). The future of genome editing in plants. *Nature Plants*, 11(4), 680-685.
16. Gobierno de Argentina. (2026). El Gobierno Nacional modernizó la normativa referente a las autorizaciones de organismos genéticamente modificados de uso agropecuario. Ministerio de Economía de la Nación. <https://www.argentina.gob.ar/noticias/el-gobierno-nacional-modernizo-la-normativa-referente-las-autorizaciones-de-organismos>
17. Hossain, F., Muthusamy, V., Zunjare, R. U., Gopinath, I., Chhabra, R., Chand, G., Bhatt, V., Katral, A., Dutta, S., Mishra, S. J., Duo, H., Sarma, G. R., Rojaria, V., Sharma, G., Chauhan, P., & Kasana, R. K. (2025). Application of biotechnological tools for enhancement of nutritional quality in maize. En A. A. Editor & B. B. Editor (Eds.), *Maize breeding* (pp. 77–100). Springer.
18. Hu, M., & Liu, D. (2025). Unlocking the potential of genome editing in agriculture with tissue culture-free techniques. *New Phytologist*, 246(4), 1478–1484.
19. IDB (Banco Interamericano de Desarrollo). (2023). Evaluación del marco regulatorio e institucional para la edición genética agrícola mediante tecnologías basadas en CRISPR en América Latina y el Caribe (Informe final en español). https://ges.research.ncsu.edu/wp-content/uploads/2023/05/IDB-Crispr_FINAL-REPORT_ES_2023.pdf
20. Innovative Genomics Institute. (2025). *Glosario de términos genómicos y genéticos*. University of California, Berkeley.
21. Kaya, C. (2025). Optimizing crop production with plant phenomics through high-throughput phenotyping and AI in controlled environments. *Food and Energy Security*, 14(1), e70050.
22. Khare, C. S., & Zilberman, D. (2025). The role of genetically modified organisms in food, energy, and sustainability in developing countries. *Global Food Security*, 100902.
23. Klug, W. S., & Cummings, M. R. (2013). *Conceptos de genética* (10.^a ed.). Pearson Educación.
24. Kumar, R. K., Senthamizhkumaran, V. R., Alagendran, S., Chitra, M., Kumar, K. R., Tyagi, T., & Tyagi, A. (2024). Advances in agricultural biotechnology. *Journal of Scientific Research and Reports*, 30(7), 366–383.
25. Kumar, U., Dwivedi, D., & Das, U. (2025). Advancements in CRISPR-mediated multiplex genome editing. *Biotechnology Journal*, 20(11), e70148.
26. Li, H., Cheng, X., Wang, L., Xie, P., Zhang, H., Yang, Y., ... & Wang, Y. (2026). Global trends in the commercialization of genetically modified crops in 2024. *Journal of Integrative Agriculture*, 25(4), 1307-1315.
27. Meister, G., & Tuschl, T. (2004). Mechanisms of gene silencing by double-stranded RNA. *Nature*, 431(7006), 343–349.

28. Mohanta, T. K., Bashir, T., Hashem, A., Abd_Allah, E. F., & Bae, H. (2017). Genome editing tools in plants. *Genes*, 8(12), 399.
29. Mukhtiar, A., Mahmood, A., Khan, M. A., Ameen, M., Al-Khayri, J. M., & Qari, S. H. (2025). Transforming field crops with CRISPR/Cas. *Rendiconti Lincei*, 1–14.
30. Namata, M. J., Xu, J., Habyarimana, E., Palakolanu, S. R., Wang, L., & Li, J. (2025). Genome editing in maize and sorghum. *Plant Genome*, 18(2), e70038.
31. Narra, M., Nakazato, I., Polley, B., Arimura, S. I., Woronuk, G. N., & Bhowmik, P. K. (2025). Recent trends in chloroplast engineering. *Frontiers in Plant Science*, 16, 1526578.
32. Nayab, N. (2023). The environmental impact of genetically modified crops: A review. *Journal of Qassim University for Science*, 2(2), 25–52.
33. Nishtar, Z., Khan, I., Iqbal, T., Bibi, A., Sana, W., & Ullah, K. (2024). Comprehensive Biological Risk Assessment of Genetically Modified Organisms: Evaluating Human Health and Environmental Impacts. *Journal of Computing & Biomedical Informatics*, 7(02).
34. Occhialini, A., & Lenaghan, S. C. (2023). Plastid engineering using episomal DNA. *Plant Cell Reports*, 42(7), 1125–1132.
35. Pasternak, T. P., & Steinmacher, D. (2024). Plant growth regulation in cell and tissue culture in vitro. *Plants*, 13(2), 327.
36. Raimi, L., & Masri, M. (2025). Critical discourse on GMO agripreneurship. *International Journal of Ethics and Systems*.
37. Ramakrishnan, M., Kaul, R., Sharma, A., Ahmad, Z., Vijayakanth, V., Keerthana, K., ... & Wei, Q. (2025). CRISPR RNP-Mediated Transgene-Free Genome Editing in Plants: Advances, Challenges and Future Directions for Tree Species. *Plant, Cell & Environment*.
38. Romero, A. J., Kolesnikova, A., Ezard, T. H., Charles, M., Gutaker, R. M., Osborne, C. P., & Chapman, M. A. (2025). ‘Domesticability’: were some species predisposed for domestication? *Trends in Ecology & Evolution*, 40(4), 356-363.
39. Rössner, C., Lotz, D., & Becker, A. (2022). VIGS goes viral. *Annual Review of Plant Biology*, 73(1), 703–728.
40. Schwacke, R., Bolger, M. E., & Usadel, B. (2025). PubPlant—a continuously updated online resource for sequenced and published plant genomes. *Frontiers in Plant Science*, 16, 1603547.
41. Smyth, S. J., Falck-Zepeda, J., & Gray, R. (2025). One risk assessment for genetically modified plants. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 7.
42. Song, H., Taylor, D. C., & Zhang, M. (2023). Bioengineering of soybean oil. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(3), 2256.

43. Squire, H. J., Tomatz, S., Voke, E., González-Grandío, E., & Landry, M. (2023). Nanotechnology in plant genetic engineering. *Nature Reviews Bioengineering*, 1(5), 314–328.
44. Stewart, C. N., Jr. (Ed.). (2025). *Plant biotechnology and genetics: principles, techniques, and applications*. John Wiley & Sons.
45. Szabala, B. M., Świącicka, M., & Łyżnik, L. A. (2024). Microinjection of the CRISPR/Cas9 editing system through the germ pore of a wheat microspore induces mutations in the target Ms2 gene. *Molecular Biology Reports*, 51(1), 706.
46. Tingting, L., Jinpeng, Z., Xi, Y., Kejian, W., Yuchun, R., & Chun, W. (2023). Development of prime editing in plants. *Rice Science*, 30(6), 509–522.
47. Tran, H. T., Schramm, C., Huynh, M. M., Shavrukov, Y., Stangoulis, J. C., Jenkins, C. L., & Anderson, P. A. (2023). Universal qPCR to identify homozygous T-DNA inserts. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1221790.
48. U.S. Department of Agriculture, Animal and Plant Health Inspection Service. (2020). *Revised biotechnology regulations*. <https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/regulations/secure-rule>
49. Wang, P., Si, H., Li, C., Xu, Z., Guo, H., Jin, S., & Cheng, H. (2025). Plant genetic transformation. *Plant Biotechnology Journal*, 23(6), 2034–2058.
50. Yasmeen, E., Wang, J., Riaz, M., Zhang, L., & Zuo, K. (2023). Designing synthetic promoters. *Plant Communications*, 4(4).
51. Zhang, G., Zhai, N., Zhu, M., Zheng, K., Sang, Y., Li, X., & Xu, L. (2025). Cell wall remodeling during plant regeneration. *Journal of Integrative Plant Biology*, 67(4), 1060–1076.
52. Zhang, Z., Xia, Z., Zhou, C., Wang, G., Meng, X., & Yin, P. (2024). Insights into salinity tolerance in wheat. *Genes*, 15(5), 573.

Nota: Algunas figuras de este capítulo fueron creadas con BioRender.com

Casos reales y representaciones mediáticas

Almeida-Cunguan Jhesel¹, Sinaluisa-Pilataxi Iverson¹ y Maldonado-Taípe Nathaly^{2}*

¹Universidad Regional Amazónica Ikiam. Vía Muyuna - Alto Tena, km 7, Tena, Napo, Ecuador.

²Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales, Universidad San Francisco de Quito (USFQ), Diego de Robles y Vía Interoceánica s/n, Quito, 170901, Ecuador.

Correo: nmaldonadot@usfq.edu.ec

ORCID: 0000-0002-1057-2200

Este capítulo examina la brecha existente entre el desarrollo científico de la ingeniería genética en plantas y su representación social. A partir del análisis de casos documentados, se contrastan los fundamentos técnicos, los resultados experimentales y las aplicaciones verificadas con narrativas simplificadas, distorsionadas o controvertidas presentes en el discurso público. El objetivo es fomentar una lectura crítica de la información y destacar cómo la desinformación puede generar percepciones erróneas sobre los riesgos, alcances y límites de estas tecnologías. Cada sección del capítulo aborda un caso concreto, confrontando la evidencia científica disponible con su versión mediática, buscando no solo describir los procesos biotecnológicos, sino también problematizar su interpretación en distintos contextos sociales, con el fin de proporcionar herramientas conceptuales que permitan diferenciar entre conocimiento validado y discurso especulativo.

2.1. Evidencia y debate sobre la presencia de transgenes en maíz mexicano

En América Latina existe una notable diversidad de posturas y marcos legales respecto a la regulación de organismos genéticamente modificados (OGM) (Figura 2.1.). En países como Brasil y Argentina, los marcos regulatorios son más permisivos y el respaldo institucional facilita la adopción comercial de cultivos transgénicos como maíz y soya. En contraste, México se ha convertido en un escenario de tensiones socio-culturales, científicas y políticas debido a la coexistencia entre sistemas agrícolas tradicionales, de alto valor cultural y ecológico, y los intereses de modernización productiva. Esta situación, sumada a su condición de centro de origen del maíz, ha derivado en políticas más restrictivas, medidas precautorias y una intensa participación social en la toma de decisiones (Tabla 2.1.).

Tabla 2.1 Comparación de aspectos regulatorios y productivos asociados al cultivo de maíz transgénico en Brasil, Argentina y México*

Consideración	Brasil y Argentina	México
Adopción	Adopción desde finales de la década de 2000. Supera el 80 % de maíz transgénico cultivado en ambos países (principalmente eventos Bt + tolerancia a herbicidas como glifosato y glufosinato).	Adopción comercial nula debido a la prohibición de siembra.
Importaciones	Productor y exportador relevante de maíz transgénico. Importa maíz transgénico para consumo, especialmente alimentación animal.	Importa maíz transgénico para consumo, especialmente alimentación animal.
Beneficios Reportados	Reducción del uso de insecticidas de amplio espectro, aumento de rendimientos, disminución de pérdidas poscosecha. Mayor estabilidad productiva frente a brotes de plagas, reducción de costos operativos y adopción de agricultura de precisión. Beneficios más claros en sistemas intensivos.	No aplicable, ya que no se permite el uso comercial de maíz transgénico. Consecuentemente, no hay reportes. Sin embargo, se reportan estrategias alternativas como agroecología y control biológico, con resultados variables en rendimiento.
Problemas de Resistencia	Resistencia documentada de <i>Spodoptera frugiperda</i> a proteínas Cry desde 2009, generando la necesidad de estrategias de manejo integrado de plagas.	No aplica en Bt, pero existen problemas de resistencia a insecticidas convencionales y desafíos en el manejo de plagas en sistemas tradicionales.
Políticas	Políticas de incentivo fiscal, acceso a crédito agrícola, contratos de compra anticipada con empresas semilleras multinacionales. Marcos regulatorios consolidados (CTNBio en Brasil, CONABIA en Argentina) con aprobación continua de nuevos eventos y fuerte articulación público-privada.	Reforma constitucional para proteger el maíz nativo. No existen incentivos para el maíz transgénico.

Impacto en la Competitividad	Aumento de la competitividad agrícola, especialmente en mercados internacionales.	Preocupaciones sobre la competitividad si se permite el maíz transgénico, pero se prioriza la autosuficiencia alimentaria. Dependencia de importaciones (principalmente de EE.UU.) para satisfacer demanda interna.
Posición Cultural y Social	Aceptación generalizada en el sector agrícola, pero preocupaciones por los efectos en la biodiversidad. Mayor aceptación en productores comerciales; menor debate cultural que en México.	Tensión sociocultural con movimientos campesinos e indígenas que defienden el maíz nativo. Alta valoración del maíz como patrimonio cultural y biológico.
Evaluación de Bioseguridad	Aprobación tras evaluaciones oficiales de bioseguridad. Evaluaciones basadas en análisis de riesgo caso por caso, incluyendo impacto ambiental y seguridad alimentaria; armonización parcial con estándares internacionales (Codex Alimentarius).	No se permite la siembra de maíz transgénico. Enfoque precautorio fuerte, priorizando conservación genética sobre evaluación de riesgo productivo.
Medidas de Regulación y Control	Programas de biomonitoreo y manejo integrado de plagas implementados, especialmente tras la detección de resistencia a <i>Spodoptera frugiperda</i> . Obligatoriedad de refugios estructurados, monitoreo de resistencia y rotación de tecnologías (Bt y herbicidas).	Estrictas regulaciones para preservar el maíz nativo y evitar la “contaminación genética”, con énfasis en la protección de la biodiversidad. Controles sobre importaciones y debate sobre trazabilidad y etiquetado.

*Datos según Kuiken y Kuzma (2023); Schuster et al., (2022); Suárez (2025).



Figura 2.1. Marco regulatorio del cultivo de maíz transgénico en países de Mesoamérica y Sudamérica. El mapa muestra la clasificación de los países según su legislación cuando esta se refiere específicamente al maíz genéticamente modificado.

2.1.1. El caso

Un caso paradigmático fue la publicación del artículo de Quist y Chapela (2001) en la revista *Nature*, donde se reportó la detección de secuencias transgénicas en maíces criollos recolectados en la Sierra Norte de Oaxaca en el año 2000, a pesar de que desde 1998 México mantenía una moratoria nacional para el cultivo comercial de maíz genéticamente modificado.

Los autores identificaron fragmentos del promotor 35S del virus del mosaico de la coliflor (CaMV)¹ y del terminador NOS de la nopalina sintasa², ambos elementos ampliamente utilizados en la ingeniería genética de plantas. Este hallazgo tuvo una resonancia técnica y simbólica significativa, pues se trataba de una región considerada cuna del maíz y resguardo de una gran diversidad genética. El estudio fue rápidamente cuestionado por su diseño experimental y por la interpretación de datos (Kaplinsky et al., 2002), lo que abrió un intenso debate científico sobre la solidez de la evidencia, la reproducibilidad y los estándares para estudios de bioseguridad.

Las críticas al estudio de Quist y Chapela se centran, en primer lugar, en las debilidades de su diseño experimental, particularmente por la elección de la reacción en cadena de la polimerasa inversa (i-PCR), una

técnica ampliamente reconocida por su propensión a generar artefactos y productos inespecíficos³ (Green y Sambrook, 2019). A ello se suma que los cebadores⁴ empleados en la i-PCR presentaban una alta similitud con diversas regiones endógenas⁵ del genoma del maíz, lo que favorecería la aparición de múltiples sitios de falso cebado⁶ sin relación con transgenes reales (Quist y Chapela, 2001).

Estos errores metodológicos se agravaron por una interpretación cuestionada de los datos obtenidos. Los autores asumieron que determinadas coincidencias con la región *adh1*, un gen endógeno del maíz que codifica alcohol deshidrogenasa y se utiliza frecuentemente como marcador molecular⁷, constituían evidencia de transgenes insertados en diversos contextos genómicos. No obstante, tales coincidencias se encontraban a unos 40 kb del gen *adh1* y correspondían a elementos repetitivos propios del genoma del maíz. Además, algunos de los fragmentos presentaban mayor similitud con otras regiones, como *bronze1*, un gen involucrado en la coloración del grano, lo que indica que los productos amplificados eran de origen endógeno y no resultado de transgenes reorganizados (Kaplinsky et al., 2002).

¹**Promotor 35S del virus del mosaico de la coliflor (CaMV):** Secuencia reguladora de origen viral ampliamente utilizada en plantas transgénicas para activar la expresión de genes introducidos.

²**Terminador NOS (nopalina sintasa):** Secuencia que señala el final de la transcripción de un gen insertado, asegurando que se produzca correctamente el ARN.

³**Artefactos y productos inespecíficos (PCR):** Fragmentos de ADN amplificados de manera no intencionada durante la PCR y que no corresponden a la región que se quería estudiar.

⁴**Cebador (primer):** Fragmento corto de ADN que inicia la copia de una región específica durante una reacción de PCR.

⁵**Región endógena:** Parte del ADN propia y natural del organismo, no introducida por ingeniería genética.

⁶**Falso cebado:** unión incorrecta de un cebador a una región no deseada del ADN, que provoca amplificación errónea.

⁷**Marcador molecular:** Secuencia o fragmento de ADN utilizado como referencia para identificar, seguir o diferenciar genes, regiones genómicas o individuos.

A pesar de las limitaciones metodológicas e interpretativas señaladas, la cuestión de la posible presencia de transgenes en maíces criollos no quedó completamente resuelta y continuó siendo objeto de investigación. Investigaciones posteriores, como la de Piñeyro-Nelson et al. (2009), confirmaron la persistencia de transgenes en maíces criollos en tres de las 23 localidades analizadas entre 2001 y 2004, aunque en niveles variables y con implicaciones aún debatidas en términos de flujo génico⁸, estabilidad hereditaria⁹ y potencial impacto en el acervo genético nativo¹⁰. Los autores advirtieron que las técnicas de detección pueden arrojar tanto falsos positivos como falsos negativos, lo que añade complejidad en contextos sociales marcados por desconfianza, narrativas de riesgo y polarización mediática. Estudios gubernamentales posteriores han arrojado resultados contradictorios, contribuyendo a la persistencia de la controversia.

El caso de Oaxaca tuvo repercusiones regulatorias, impulsando la promulgación en 2005 de la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados (LBOGM) en México, que introdujo medidas como la delimitación de zonas libres de transgénicos y la obligación de consulta previa a pueblos indígenas antes de la liberación de OGM. Sin embargo, fue criticada por organizaciones campesinas y ambientalistas al considerar que favorecía intereses comerciales y carecía de mecanismos eficaces de monitoreo y sanción para prevenir la “contaminación genética” (Suarez, 2025).

2.1.2. La explicación

En este tipo de estudios es importante considerar muestras a escala regional que permitan evaluar cómo circulan las semillas entre comunidades y cómo se mezclan las variedades locales. Esto permite entender no solo dónde aparece un OGM, sino también cómo pudo llegar allí, así como las limitaciones asociadas a la detección puntual en contextos dinámicos de intercambio y reproducción vegetal.

Para explicar cómo pueden detectarse transgenes en zonas donde no existe evidencia de siembra intencional de maíz transgénico, es importante considerar tanto la reproducción del maíz (1) como las prácticas agrícolas tradicionales (2).

1. La polinización cruzada significa que el polen de una planta puede fecundar a otra distinta, y en el caso del maíz esto ocurre principalmente por acción del viento. A diferencia de cultivos que dependen de insectos o de la autopolinización, el maíz libera enormes cantidades de polen liviano que puede desplazarse unos pocos metros o incluso kilómetros, dependiendo de las corrientes de aire y la cercanía entre parcelas. Esto implica que plantas no transgénicas pueden ser fecundadas por polen proveniente de variedades transgénicas cercanas, dando lugar a granos o semillas que contienen genes introducidos, aunque la frecuencia de estos eventos puede variar considerablemente según el contexto geográfico y las prácticas de manejo agrícola.

⁸**Flujo génico:** movimiento de genes entre poblaciones por cruzamiento, dispersión de polen o semillas.

⁹**Estabilidad hereditaria:** Capacidad de un rasgo genético de mantenerse sin cambios a lo largo de generaciones.

¹⁰**Acervo genético nativo:** Conjunto de genes presentes en poblaciones locales o tradicionales de una especie.

2. En muchas regiones de México existe un sistema agrícola basado en la selección de semillas en cada cosecha, la reutilización año tras año y el intercambio comunitario de granos (Louette et al., 1997). Es decir, los agricultores guardan sus propias semillas y también las comparten con vecinos y familiares (Figura 2.2), generando una circulación constante de variedades locales. En este contexto, si una semilla transgénica ingresa accidentalmente al sistema, ya sea por polinización cruzada, compra o mezcla involuntaria, puede reproducirse y viajar de comunidad en co-

munidad sin ser identificada como tal, facilitando la dispersión de transgenes dentro de redes campesinas tradicionales (Bellon y Brush, 1994; Louette y Smale, 2000).

Por ello, la detección de OGM en México no depende solo de pruebas de laboratorio, sino también de entender cómo se mueven las semillas y cómo se reproducen dentro de los sistemas campesinos, así como de considerar las limitaciones metodológicas y la variabilidad inherente a estos sistemas agrícolas.



Figura 2.2. Recolección de maíces criollos en Chiapas, México. Las mazorcas se almacenan tradicionalmente en racimos para su secado y conservación de semillas, práctica que contribuye al mantenimiento de la diversidad genética del maíz en sistemas agrícolas locales (Castillo, 2022).

Además de los factores biológicos y agronómicos descritos, la interpretación de estos procesos se encuentra influenciada por el contexto social en el que ocurren. En sistemas agrícolas tradicionales, donde la selección y el intercambio de semillas forman parte de prácticas culturales establecidas, la presencia de transgenes puede adquirir significados que van más allá de su dimensión molecular, incluyendo preocupaciones relacionadas con la conservación de variedades locales, la identidad agrícola y la autonomía de los productores. En México, diversos especialistas agroecología, estudios rurales y ciencias sociales han señalado que la liberación de cultivos transgénicos representa una amenaza para las comunidades indígenas, al poner en riesgo la autodeterminación en el uso de semillas y la diversidad genética asociada a su patrimonio cultural. Asimismo, estudios en ciencias sociales subrayan que la introducción de transgénicos en contextos campesinos erosiona prácticas tradicionales de conservación en finca, incrementando la vulnerabilidad social y la pérdida de capitales comunitarios (Altieri y Nicholls, 2025; García y López, 2025).

2.1.3. Representación mediática

El estudio de Quist y Chapela (2001) no sólo provocó debates científicos, sino que también se convirtió en un catalizador de narrativas mediáticas de fuerte carga emocional en medios de comunicación y en discursos políticos. La cobertura internacional amplificó el impacto, con portadas en medios como *The Guardian* y *La Jornada*, que reprodujeron titulares dramáticos (Figura 2.3) como “Transgénicos y la contaminación del maíz nativo” (Espinosa y Turrent, 2013), “Reservorio genético de México contaminado por maíz modificado” (Brown, 2002) o “El maíz en peligro ante los transgénicos” (Álvarez-Buylla et al., 2013). Estos mensajes combinaron preocupaciones legítimas sobre erosión genética¹¹ y soberanía alimentaria con narrativas alarmistas, apelando al temor colectivo, la pérdida de identidad cultural y la defensa de la soberanía nacional como elementos inseparables del debate. El término “contaminación”, cargado de una connotación negativa, fue ampliamente utilizado en el discurso mediático para transmitir una percepción alarmista sobre la presencia de transgenes en maíces nativos.



Figura 2.3. Ejemplos de titulares en medios de comunicación que reflejan el debate público sobre el uso de maíz transgénico y su posible impacto en las variedades nativas en México. Se muestran notas publicadas en *The Guardian* y *La Jornada*, así como material editorial que ilustra el tono alarmista que ha caracterizado parte de la discusión mediática sobre este tema.

¹¹**Erosión genética:** Reducción progresiva de diversidad genética presente en una población, variedad o especie, causada por procesos como la selección, la sustitución de variedades, la fragmentación de poblaciones o cambios en los sistemas de manejo.

En muchos casos, la narrativa mediática tendió a simplificar la complejidad inherente a los hallazgos científicos, en algunos contextos, omitiendo las incertidumbres metodológicas y la naturaleza preliminar de los resultados. Los medios frecuentemente hicieron uso de frases cortas, imágenes potentes y metáforas bélicas o apocalípticas, como “invasión genética” o “contaminación irreversible” (Binimelis, 2008). Este encuadre no sólo intensificó el conflicto, sino que reforzó un esquema binario en el que los transgénicos eran vistos o bien como una amenaza existencial para el medio ambiente, o bien como una solución tecnológica indispensable para la productividad agrícola, dependiendo del sector y del medio que emitía el mensaje.

Las narrativas indígenas y campesinas también fueron incorporadas a este marco mediático, aunque su representación no siempre reflejó la complejidad de sus significados culturales y sociales. En estas cosmovisiones, el maíz no se percibe únicamente como un recurso agrícola, sino como una entidad viva, sagrada y parte constitutiva de la identidad colectiva (Serrano et al., 2022). Expresiones como “El maíz como ofrenda a los dioses” (Trueba, 2009) reflejan un sistema simbólico donde la introducción de transgénicos se interpreta no solo como una alteración genética, sino como una ruptura del equilibrio ontológico entre naturaleza, cultura y espiritualidad.

En el ámbito latinoamericano, la narrativa mediática asociada a estos debates se adaptó a distintos contextos nacionales. En Colombia, Perú y Bolivia, diversas organizaciones campesinas indígenas y ambientales han denunciado la posible contaminación cruzada de variedades nativas, sino que han articulado campañas de educación popular y procesos legislativos orientados a reconocer las semillas nativas como patrimonio biocultural inalienable (Singini y Xu, 2025). En varios casos, estas campañas incluyeron marchas, ferias de semillas y estrategias visuales como afiches y murales que asocian la imagen del maíz con símbolos patrios o ancestrales, reforzando un relato que vincula su defensa con la lucha por la autodeterminación de los pueblos.

Este tipo de cobertura mediática también puede desempeñar un papel en la visibilización de problemáticas científicas que, de otro modo, permanecerían restringidas a círculos académicos. La amplificación del debate, aun cuando incorpora simplificaciones, puede contribuir a activar procesos de investigación adicional, revisión metodológica y fortalecimiento de marcos regulatorios. En algunos casos, la atención pública generada por estos eventos ha incentivado la participación de distintos actores sociales en la discusión sobre el uso y manejo de estas tecnologías. De este modo, la controversia mediática puede ser interpretada no solo como un proceso de distorsión, sino también como un elemento que influye en la dinámica de producción, validación y gobernanza del conocimiento científico (De Filippo y González-Albo, 2025).

2.1.4. Ciencia vs. percepción pública

En el plano estrictamente científico, los estudios han documentado beneficios agronómicos y ambientales asociados al maíz Bt (creado para el control de plagas como el gusano cogollero), como la reducción significativa en el uso de insecticidas de amplio espectro, el incremento promedio de los rendimientos por hectárea y la disminución en la exposición ocupacional a plaguicidas peligrosos (Brookes y Barfoot, 2020). También se han identificado impactos indirectos positivos, como el incremento de biodiversidad en parcelas al disminuir el uso de agroquímicos (Romeis et al., 2013). No obstante, estos logros coexisten con desafíos técnicos relevantes, entre ellos la evolución acelerada de plagas resistentes, la aparición de plagas secundarias y la necesidad de rotaciones y refugios que no siempre son implementados por los productores (Storer et al., 2010; Gassmann, 2021). Asimismo, persisten controversias científicas sobre los posibles efectos de los transgenes en especies silvestres relacionadas y en microbiomas del suelo (Carrero-Ramírez et al., 2022; Smyth et al., 2025).

En este sentido, estudios recientes en México concluyen que en el maíz genéticamente modificado Bt no se observaron efectos adversos significativos en insectos benéficos como *Orius insidiosus*, *Coleomegilla maculata* y *Chrysoperla carnea* (Her-

nández-Juárez et al., 2019), aunque persiste la necesidad de ampliar el espectro de bioindicadores¹² y evaluar efectos acumulativos¹³ a largo plazo.

En el plano social, con frecuencia los discursos mediáticos y políticos tienden a simplificar y polarizar el tema, reduciéndolo a posturas de “progreso” frente a “peligro” y obstaculizando un debate informado y plural. Esta narrativa se ve amplificada por desigualdades estructurales en el acceso a la tecnología y a la información (Figura 2.4). Mientras medianos y

grandes productores obtienen beneficios económicos más directos debido a economías de escala, los pequeños agricultores enfrentan riesgos jurídicos por el uso involuntario de semillas con transgenes patentados, así como barreras de entrada a mercados de exportación que exigen certificaciones libres de OGM. En México, la presión de movimientos sociales y colectivos científicos ha llevado a la judicialización del debate, con suspensiones judiciales de siembras comerciales como medida precautoria (Binimelis, 2008; Flores López, 2025).



Figura 2.4. Esquema conceptual de cómo una publicación científica puede transformarse en una narrativa sensacionalista a través de diferentes etapas. Inicia con la publicación del estudio original, simplificación o reinterpretación mediática, amplificación en redes sociales y debate público, y finalmente tiene impacto en la agenda política y regulatoria.

¹²**Bioindicadores:** Organismos o variables biológicas que permiten evaluar el estado ambiental de un ecosistema.

¹³**Efectos acumulativos (uso de OGM en ecosistemas):** Efectos que se manifiestan o intensifican como resultado de exposiciones repetidas o prolongadas en el tiempo, debido al uso continuado de organismos modificados genéticamente.

Desde un enfoque socioambiental, las preocupaciones incluyen la erosión genética de variedades nativas debido al flujo de genes, la homogenización de paisajes agrícolas, la pérdida de fauna benéfica y la deforestación asociada a la expansión de la frontera agrícola en sistemas donde también se utilizan cultivos transgénicos (Altieri y Rosset, 2002; Smyth et al., 2025). Estas transformaciones no solo afectarían la biodiversidad, sino que también reconfiguran las cadenas de valor, desplazando prácticas agroecológicas tradicionales y favoreciendo sistemas de monocultivo altamente dependientes de insumos externos. No obstante, es importante distinguir que la mayor parte de estos impactos no se asocian principalmente a los cultivos transgénicos en sí mismos, sino al modelo de agricultura industrial/intensiva¹⁴ en el que suelen insertarse. Sin embargo, la adopción de cultivos transgénicos puede contribuir a la consolidación o expansión de dichos modelos en determinados contextos productivos y económicos.

Frente a este escenario, se han propuesto modelos alternativos de bioseguridad participativa que incorporan monitoreo comunitario de parcelas, fortalecimiento de capacidades técnicas locales y reconocimiento legal de los sistemas propios de manejo, intercambio y resguardo de semillas. Experiencias en países andinos han sugerido que la combinación de ciencia ciudadana, plataformas digitales de monitoreo y protocolos de consentimiento previo puede mejorar la transparencia y la gobernanza tecnológica. Un estudio de caso en Ecuador (2025) sobre bancos comunitarios de semillas destaca cómo estas prácticas fortalecen la funcionalidad social y ecológica en comunidades agrícolas, promoviendo la conservación participativa frente a procesos de transformación tecnológica y cambios en los sistemas productivos (Méndez-Barreto et al., 2025).

2.2. Trigo HB4 en Argentina: entre la adaptación al estrés hídrico y las controversias

El trigo HB4, desarrollado para mejorar la tolerancia al estrés hídrico, se convirtió en uno de los ejemplos más emblemáticos del debate contemporáneo sobre cultivos transgénicos en América Latina. Su aprobación comercial y su ingreso a cadenas agroindustriales generaron posiciones encontradas: mientras sectores tecnológicos y productivos destacan su potencial para enfrentar la crisis climática y sostener la producción en escenarios de sequía, organizaciones sociales, movimientos ambientalistas y actores académicos cuestionan sus impactos ambientales, socioeconómicos y en la salud pública, así como los criterios, alcances y limitaciones de los procesos de evaluación de bioseguridad que sustentaron su aprobación.

2.2.1. El caso

El desarrollo del trigo transgénico HB4 en Argentina se remonta a 2004 (Figura 2.5), cuando un equipo de investigación liderado por Raquel Chan, directora del Instituto de Agrobiotecnología del Litoral de la Universidad Nacional del Litoral (IAL-CONICET), junto con científicos del Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), desarrolló y patentó un evento genético identificado como IND-ØØ412-7. Este evento se basó en la inserción del gen *HaHB4* en trigo; este gen deriva del girasol (*Helianthus annuus*) y está asociado a la tolerancia a sequías (Acción por la Biodiversidad, 2022). Desde un punto de vista técnico, el desarrollo de un OGM capaz de tolerar sequías representaba una estrategia prometedora para zonas áridas o

¹⁴**Modelo de agricultura industrial/intensiva:** Sistema de producción agrícola basado en monocultivos (una sola especie repetidas veces, sin reemplazo), alto uso de insumos externos y maximización del rendimiento a corto plazo.

con suelos salinizados, como la pampa seca (Acuña, 2021). Es por ello que la incorporación del gen del girasol buscaba ampliar el rango geográfico de producción agrícola, respondiendo a una demanda de adaptación frente a escenarios climáticos más extremos.

El trigo HB4 presenta dos rasgos centrales: por un lado, incorpora la tecnología HB4 para conferir tolerancia al estrés hídrico, lo que le permite mantener su rendimiento en condiciones de sequía mediante la preservación de la fotosíntesis, el retraso de la senescencia por mitigación del efecto del etileno¹⁵ y el estímulo de antioxidantes¹⁶ y osmoprotectores¹⁷ (Moretti y Palavecino, 2020). Por otro lado, incluye resistencia al herbicida glufosinato de amonio, sustancia clasificada por la Unión Europea como altamente tóxica y prohibida desde 2013 por sus impactos en la salud humana y el ambiente (Florio y Alonso, 2025).

En octubre de 2015, la Comisión Nacional de Biotecnología Agropecuaria (CONABIA) emitió una evaluación favorable del evento, iniciando un prolongado proceso regulatorio (Acción por la Biodiversidad, 2022). La aprobación definitiva para su comercialización se concretó el 12 de mayo de 2022, mediante la resolución 27/2022, firmada por el secretario de Alimentos, Bioeconomía y Desarrollo Regional, Luis Contigiani (Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca de Argentina, 2022). No obstante, la autorización ya había sido anticipada en 2020 a través de la resolución 41, aunque condicionada a la aprobación de Brasil, principal destino del trigo argentino (Acuña, 2021).

La decisión brasileña llegó en noviembre de 2021, cuando la Comisión Técnica Nacional de Bioseguridad (CTNBio) autorizó el uso de harina elaborada con trigo HB4, lo que habilitó la culminación del proceso normativo. Para sustentar la solicitud, la empresa Bioceres presentó un estudio titulado *Trigo transgénico cultivado en el campo que expresa el gen del girasol HaHB4 supera significativamente al tipo silvestre*¹⁸ (González et al., 2019). Sin embargo, científicos como Pablo Galeano, de la Unión de Científicos Comprometidos con la Sociedad y la Naturaleza de América Latina (UCCSNAL), cuestionaron sus conclusiones al señalar que, en condiciones de sequía, ciertas variedades no transgénicas alcanzaron mayores rendimientos que las variedades HB4, contradiciendo así los argumentos de la compañía (Agencia de Noticias Tierra Viva, 2025).

Las tensiones escalaron el 1 de julio de 2023, cuando el juez Néstor Salas, del Juzgado de Responsabilidad Penal Juvenil N.º 2 de Mar del Plata, dictó una medida cautelar que suspendió temporalmente el uso del trigo HB4 en la provincia, tras la denuncia de 37 ciudadanos. Estos reclamaban la conformación de la Comisión de Biotecnología y la evaluación de riesgos conforme a la Ley 12.822 de Bioseguridad Provincial.

La aprobación del HB4 en Argentina, Paraguay y Brasil se concretó sin consultas públicas amplias ni evaluaciones ambientales integrales, pese a los riesgos señalados. En 2024, diversas organizaciones sociales llevaron el caso ante Relatores Especiales de Derechos Humanos, argumentando que la liberación del trigo transgénico vulnera derechos fundamentales como la salud, la alimentación adecuada y la autodeterminación de los pueblos (Agencia de Noticias Tierra Viva, 2025).

¹⁵**Senescencia por mitigación del efecto del etileno:** Retraso del envejecimiento de tejidos u órganos vegetales debido a una reducción en la acción de la hormona etileno que acelera la maduración y muerte celular.

¹⁶**Antioxidante:** Sustancia que protege a la célula del daño causado por radicales libres y estrés oxidativo.

¹⁷**Osmoprotector:** Compuesto que ayuda a las células a mantener el equilibrio de agua y sales bajo condiciones de sequía o salinidad.

¹⁸**Tipo silvestre:** forma natural de una especie, sin modificaciones genéticas inducidas por el ser humano.

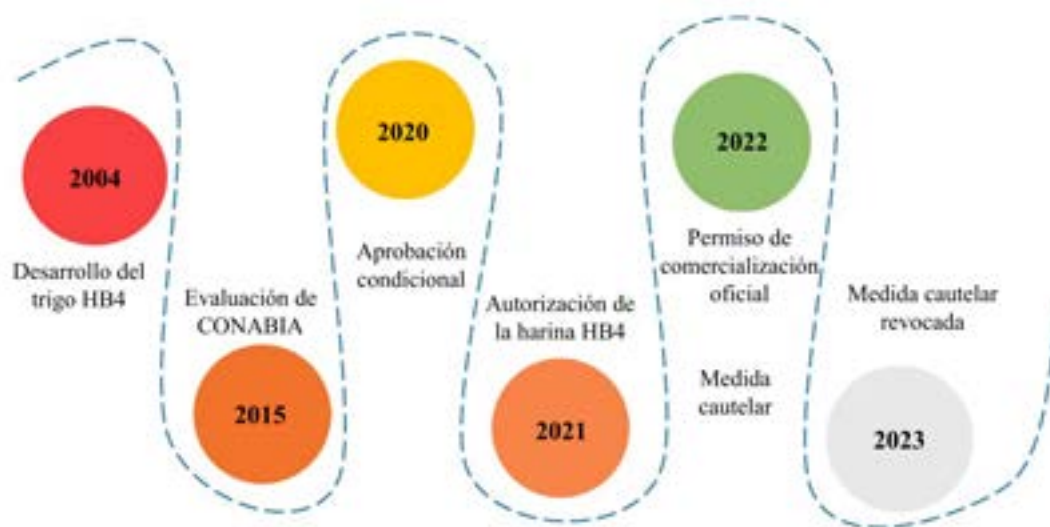


Figura 2.5. Línea de tiempo sobre el desarrollo y regulación del trigo transgénico HB4 en Argentina (2004-2024). Se muestran los principales hitos científicos, regulatorios y sociales relacionados con el trigo HB4 en Argentina. CONABIA: Comisión Nacional de Biotecnología Agropecuaria.

2.2.2. La explicación

El caso argentino se enmarca en cuatro ejes contextuales:

1. Un escenario de dependencia de cultivos genéticamente modificados, con más del 60 % de la superficie agrícola dedicada a soja y maíz transgénicos. La politóloga Tamara Perelmuter describe esta situación como un caso de “bio-hegemonía”, en el que los organismos genéticamente modificados sostienen un modelo ya existente agroexportador funcional al agronegocio, reforzado por un marco regulatorio permisivo y permeable a intereses privados. En Argentina, la expansión del modelo agroindustrial ha coexistido con sistemas de producción campesinos y agroecológicos, generando tensiones en torno al acceso a recursos, la gestión de semillas y las formas de producción. En este contexto, la introducción de nuevas tecnologías, como el trigo HB4, se interpreta de manera heterogénea, en función de factores como la escala productiva, la dependencia de insumos externos y las es-

trategias de sustentabilidad adoptadas por los distintos actores del sistema agrícola (Vértiz y Seoane, 2024).

2. La creciente resistencia de malezas al glifosato, que ha incentivado el uso de herbicidas más tóxicos, generando dependencia química y agravando los riesgos para el ambiente y la salud pública (Florio y Alonso, 2025).

3. En el plano internacional, la comercialización del trigo HB4 ha dependido de la aprobación de países importadores, con Brasil como actor decisivo. Otros mercados, como Australia, Nueva Zelanda y China, también han autorizado su cultivo (Koul et al., 2024).

4. En cuanto a la seguridad alimentaria, diversos estudios señalan que no existen riesgos para la salud humana asociados al trigo HB4 y que sus derivados son nutricionalmente equivalentes a los del trigo convencional (Gupta, 2024). Sin embargo, estas evaluaciones han sido cuestionadas por la ausencia de análisis sobre los efectos ambientales acumulativos del uso de glufosinato (Florio y Alonso, 2025).

El principal eje de conflicto y rechazo social en torno al trigo HB4 radica en su resistencia al glufosinato de amonio, un herbicida señalado por numerosos estudios toxicológicos como más tóxico que el glifosato (Florio y Alonso, 2025). Su incorporación en este cultivo provocó un fuerte rechazo por parte de investigadores, movimientos campesinos, productores agroecológicos, organizaciones sociales y sectores académicos críticos del modelo agroindustrial (Acción por la Biodiversidad, 2020).

A pesar de que el trigo HB4 incorpora un gen proveniente del girasol que confiere tolerancia a sequía, el gen de resistencia al glufosinato no fue introducido como característica agronómica, sino como marcador de selección en el proceso de ingeniería genética (Florio y Alonso, 2025). Es decir, se usó como mecanismo para distinguir cuáles células realmente incorporaron el transgén. En este caso, se utilizó un gen que otorga resistencia al glufosinato; al exponer los tejidos regenerados a este herbicida, únicamente sobreviven las células transformadas, lo que acelera la obtención del evento transgénico. En algunos casos, estos marcadores pueden eliminarse una vez cumplida su función.

Desde esta perspectiva, la presencia del gen marcador no implica necesariamente un aumento en el uso de herbicidas ni un riesgo directo para la salud humana, ya que su función es principalmente técnica y se limita a la fase de selección. Sin embargo, al integrarse al genoma, se hereda en generaciones posteriores. Esto significa que el trigo HB4 y su descendencia conservan el gen de resistencia al glufosinato, incluso si el herbicida no se utiliza en campo. Por esta razón, aunque el marcador no esté destinado a un uso comercial activo, los cuestionamientos alrededor de su uso en el campo son fundamentados.

2.2.3. Representación mediática

La incorporación del marcador de selección de resistencia al glufosinato de amonio en el trigo provocó un fuerte rechazo. En este sentido, el ingeniero agrónomo Fernando Frank, en su informe “El pan en manos de las corporaciones”, advierte que el glufosinato deja residuos en granos, harinas y productos alimenticios, lo que supone riesgos sanitarios, especialmente para las poblaciones rurales expuestas a fumigaciones (Frank, 2021). En este y otros reportes mediáticos, la frase “un nuevo veneno estará presente en el pan nuestro de cada día” se utilizó para caracterizar la liberación del trigo transgénico HB4, constituyendo un ejemplo de encuadre comunicacional basado en recursos retóricos que enfatizan el riesgo percibido. El término “veneno” refuerza una interpretación asociada a peligro, mientras que la expresión “pan nuestro de cada día” incorpora un componente simbólico que amplifica el alcance del mensaje. Este tipo de formulaciones puede contribuir a una percepción generalizada de riesgo, aunque su interpretación varía según el contexto social y mediático.

El avance del trigo HB4 también ha suscitado interrogantes sobre quiénes resultarán efectivamente beneficiados y cómo se distribuirá el valor dentro de las cadenas de producción, especialmente en contextos donde algunos actores describen el modelo como una forma de “agricultura sin agricultores”. Estas percepciones recogen temores sociales respecto a procesos de concentración tecnológica y económica y frente al posible costo ecológico asociado a la pérdida de biodiversidad. Dichas interpretaciones se inscriben en un marco más amplio de debates sobre modelos productivos y no se limitan exclusivamente al caso del HB4. Asimismo, el modelo agroindustrial en el que se inserta el HB4 es percibido por ciertos sectores sociales como poco inclusivo, en parte debido a la expansión de monocultivos y creciente poder de grandes corporaciones semilleras y agroquímicos (Smyth et al., 2025). Estas inquietudes se potencian ante la falta de mecanismos públicos ampliamente conocidos para la detección de trazas de trigo transgénico en alimentos y la ausencia de etiquetado visible, lo que alimenta dudas sobre transparencia y capacidad de elección de los consumidores. En este contexto, el debate en torno al HB4 se articula no solo en

términos técnicos, sino también en relación con la confianza pública en los procesos de regulación, control y comunicación.

De este modo, algunas narrativas que presentan la biotecnología como “el veneno en nuestro pan de cada día” pueden interpretarse como expresiones de preocupaciones más amplias relacionadas con la distribución del poder y los beneficios dentro del sistema agroalimentario. En ausencia de una legislación sólida sobre patentes, con una inversión pública débil y sin empresas estatales fuertes en biotecnología, las innovaciones financiadas con fondos públicos acaban concentradas en manos corporativas con fuerte capacidad de incidencia regulatoria (Kuiken y Kuzma, 2023).

2.2.4. Ciencia vs. percepción pública

Desde la perspectiva científica, la tecnología HB4 fue desarrollada para conferir tolerancia al estrés hídrico, lo que resulta particularmente relevante en contextos de zonas áridas (Acuña, 2021). En esta línea, González et al. (2019) reportaron que el trigo HB4 produjo mayores rendimientos que el trigo convencional (Figura 2.6). Sin embargo, voces críticas como la de Pablo Galeano (UCCSNAL) han señalado que, bajo condiciones de sequía, algunas variedades no transgénicas mostraron rendimientos superiores, lo que pone en entredicho las afirmaciones difundidas por la empresa Bioceres (Agencia de Noticias Tierra Viva, 2025).

Las principales causas técnicas de las diferencias entre estos estudios incluyen:

- Los ensayos de González et al. (2019) se realizaron bajo condiciones controladas, con protocolos homogéneos, monitoreo continuo y control preciso de variables ambientales y de manejo agrícola estandarizado, en 37 ensayos de campo. El estudio que contradice al de González et al. (2019) se llevó a cabo en miles de hectáreas en 12 provincias con variaciones inevitables entre productores, regiones y recursos disponibles (Agencia de Noticias Tierra Viva, 2025).
- El evento HaHB4, según González et al. (2019) mostró sus mayores beneficios bajo sequía severa, con incrementos de rendimiento que podían superar el 16 % e incluso alcanzar valores extraordinarios en ambientes extremadamente secos. El estudio que contradice estos resultados, por otro lado, se llevó a cabo en 2021 cuando no se presentó un estrés hídrico homogéneo en todas las regiones, por lo que muchas zonas no habrían ofrecido las condiciones en las que el transgénico expresa su mayor potencial (Agencia de Noticias Tierra Viva, 2025).

Las diferencias en infraestructura, acceso a insumos y uniformidad en el manejo incrementan la variabilidad del rendimiento en la producción real, en contraste con la estabilidad experimental de los ensayos de investigación. Esta amplitud geográfica introduce una variabilidad ambiental que afecta de manera desigual la expresión del evento transgénico, especialmente bajo condiciones donde el estrés hídrico no es homogéneo.

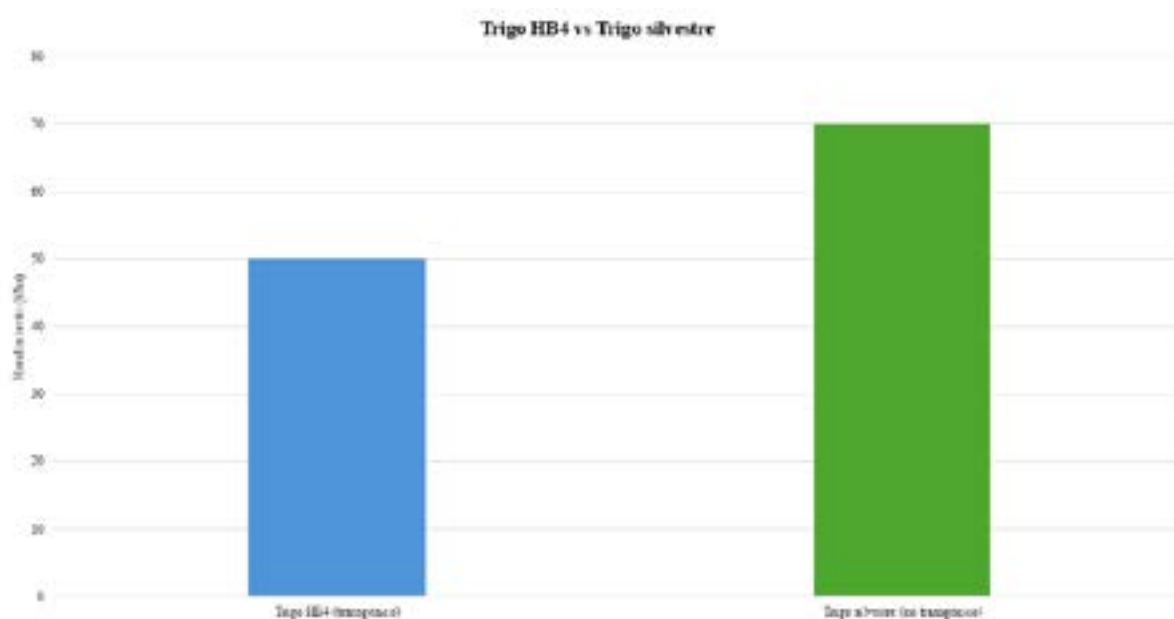


Figura 2.6. Verificación del rendimiento (t/ha) del trigo HB4 en comparación con otras variedades silvestres¹⁹. Las diferencias observadas podrían deberse a la variabilidad ambiental que afecta de manera desigual la expresión del evento transgénico (Agencia de Noticias Tierra Viva, 2025).

La variabilidad observada en el desempeño del trigo HB4 también se relaciona con factores socioeconómicos presentes en los sistemas productivos. En contextos agrícolas heterogéneos, el acceso a insumos, asistencia técnica, infraestructura y financiamiento puede condicionar la adopción y el rendimiento de nuevas tecnologías. Productores con mayor capacidad de inversión tienden a implementar manejos más estandarizados y optimizados, mientras que en sistemas de menor escala o con recursos limitados, la variabilidad en prácticas agrícolas puede influir en la expresión del potencial productivo del cultivo. En este sentido, la evaluación del desempeño de eventos transgénicos en condiciones reales no solo refleja diferencias ambientales, sino también las condiciones sociales y económicas en las que se integran (Ivickas, 2023).

Los riesgos asociados al uso de glufosinato tienen base científica: múltiples estudios documentan su potencial para generar efectos adversos, incluyendo

toxicidad reproductiva y dañinos impactos sobre el sistema nervioso (Ma et al., 2022). A ello se suma que el etiquetado no siempre es obligatorio, lo que complica la trazabilidad de residuos y su control en la cadena alimentaria. Por tanto, aunque un cultivo modificado genéticamente lleve genes de resistencia, su presencia no debe evaluarse de forma aislada, ya que el contexto de uso del herbicida, incluyendo la dosis aplicada, la frecuencia de uso y la coexistencia con otros cultivos, configura escenarios reales de riesgo para la salud humana y ambiental.

Diversos estudios han concluido que no se han identificado riesgos para la salud pública asociados al trigo HB4 y que sus productos derivados serían seguros desde el punto de vista nutricional (Gupta, 2024). Es necesario, sin embargo, que estas evaluaciones incluyan análisis que contemplen los efectos ambientales acumulativos²⁰ del uso sistemático²¹ de glufosinato (Florio y Alonso, 2025).

¹⁹**Variedad silvestre:** Población natural de una especie que no ha sido sometida a mejoramiento genético dirigido.

²⁰**Efecto ambiental acumulativo (uso de OGM):** Impacto ambiental que se manifiesta o intensifica progresivamente como resultado de exposiciones repetidas asociadas al uso continuado de organismos genéticamente modificados.

²¹**Uso sistemático (pesticidas):** Aplicación regular y repetida de un pesticida como práctica estándar de manejo agrícola.

2.3. El arroz dorado biofortificado

El arroz dorado constituye uno de los casos más emblemáticos del debate contemporáneo sobre cultivos transgénicos orientados a resolver problemas de salud pública. Diseñado para producir el precursor de la vitamina A, fue concebido como una herramienta complementaria para combatir la deficiencia de este micronutriente, una condición que afecta a millones de personas, especialmente niñas y niños en países de bajos ingresos.

2.3.1. El caso

La deficiencia de vitamina A representa un grave problema de salud pública a nivel mundial. Alrededor de 190 millones de niños preescolares tienen una dieta deficiente en esta vitamina esencial, lo cual puede ocasionar daños severos en la retina y la córnea, además de debilitar el sistema inmunológico y aumentar el riesgo de contraer enfermedades como el sarampión. Esta condición continúa siendo una de las principales causas de ceguera infantil evitable a nivel global, con mayor incidencia en regiones como África y el Sudeste Asiático. En América Latina, su prevalencia también es significativa, superando el 20 % en países como Haití, Colom-

bia y México (Cambizaca Lucero y Capón Sánchez, 2025). Aunque alimentos como zanahorias, tomates, productos lácteos y carne contienen vitamina A o sus precursores, muchas familias en países de bajos recursos no tienen acceso a estos productos. Dado que el arroz es el alimento base para millones de personas, una variedad que pudiera aportar provitamina A directamente en su grano podría representar una solución viable y efectiva.

La propuesta del arroz dorado surgió en este contexto histórico y científico. En 1984, durante un encuentro internacional sobre agricultura celebrado en Filipinas, Gary Toenniessen, miembro de la Fundación Rockefeller, dialogaba informalmente con un grupo de fitomejoradores acerca del potencial de las entonces incipientes técnicas de transferencia genética. En esa conversación, surgió la pregunta sobre cómo podrían aplicarse estas herramientas al mejoramiento del arroz. Una de las respuestas planteadas fue la posibilidad de obtener “un endospermo de color amarillo” (Enserink, 2008; Figura 2.7), expresión que aludía al desarrollo de una variedad capaz de sintetizar β -caroteno, precursor de la vitamina A, directamente en el endospermo, el principal tejido comestible del grano (Palmer, 2025).



Figura 2.7. Planta y granos de arroz dorado modificado. La imagen muestra la coloración característica amarilla del endospermo modificado genéticamente. Adaptado de Dubey y Petruzzello (2025), en "Golden rice", *Encyclopaedia Britannica* (Crédito de la imagen: International Rice Research Institute: IRRI).

El mejoramiento genético convencional no permitía alcanzar este objetivo, ya que ninguna variedad de arroz produce provitamina A en sus semillas, aunque esté presente en los tejidos verdes. Ante esta limitación, la introducción de cambios genéticos se consideró la única alternativa. Durante la década de 1980, la investigación fue impulsada por el financiamiento de la Fundación Rockefeller, y en 1992 la propuesta tomó forma concreta en una reunión en Nueva York, donde se planteó reactivar la ruta del β -caroteno²² exclusivamente en el endospermo mediante ingeniería genética (Enserink, 2008; Palmer, 2025).

El avance decisivo fue liderado por Ingo Potrykus, del ETH Zúrich, con la colaboración de Peter Beyer, de la Universidad de Friburgo, quienes en el año 2000 anunciaron la creación del “arroz dorado” (Golden Rice), una variedad de arroz (*Oryza sativa*) capaz de producir β -caroteno en su endospermo, responsable del característico color amarillo del grano (Enserink, 2008; Palmer, 2025).

El desarrollo requirió la inserción de genes del narciso (*Narcissus pseudonarcissus*) y de la bacteria *Erwinia uredovora*, activando así la ruta biosintética del carotenoide en las semillas. La iniciativa se concibió como una estrategia de biofortificación²³ destinada a mitigar la deficiencia de vitamina A en poblaciones altamente dependientes del arroz como principal fuente alimentaria. La segunda generación de arroz dorado, que incorpora genes de maíz y de una bacteria común del suelo, puede producir entre 20 y 30 μg de β -caroteno por gramo de arroz comestible (Palmer, 2025).

Tras su desarrollo inicial, la tecnología del arroz dorado fue incorporada a programas de mejoramiento del sector público en países de ingresos bajos y medios. En este proceso, se dio prioridad a Bangladesh y Filipinas, debido a la alta prevalencia de deficiencia de vitamina A, el elevado consumo de arroz, la existencia de instituciones sólidas de investigación

agrícola y la experiencia previa en cultivos transgénicos. En ambos países se han obtenido variedades de arroz dorado adaptadas a condiciones locales, con un desempeño agronómico, prácticas de cultivo y costos comparables a los del arroz convencional. Sin embargo, su liberación ha enfrentado obstáculos regulatorios: en Bangladesh la aprobación aún está pendiente, mientras que en Filipinas los desafíos legales han frenado, al menos de forma temporal, su investigación y posible implementación. Aunque datos recientes muestran una reducción en la deficiencia de vitamina A en Filipinas, las poblaciones rurales continúan en situación de vulnerabilidad, por lo que el arroz dorado podría contribuir como una medida complementaria para mejorar la ingesta adecuada de esta vitamina (Palmer, 2025).

2.3.2. La explicación

El arroz dorado se desarrolló mediante ingeniería genética para reactivar en el endospermo del grano la ruta metabólica del β -caroteno, un compuesto que el organismo humano convierte en vitamina A y que es esencial para la visión, el sistema inmunológico y el desarrollo infantil. Aunque el arroz produce carotenoides en sus tejidos verdes, como las hojas, estos no se sintetizan de forma natural en la semilla, debido a la baja o nula expresión de los genes de esta ruta metabólica en el endospermo. En consecuencia, el grano carece de provitamina A, incluso cuando la planta puede producirla en otras partes.

Para lograr esta modificación se diseñó un constructo genético que incluía genes que codifican enzimas responsables de pasos esenciales como la conversión de precursores endógenos del arroz en fitoeno²⁴ y su posterior transformación en β -caroteno. Un elemento determinante del diseño fue el uso de promotores específicos²⁵ del endospermo, lo que permitió que la síntesis del pigmento ocurriera exclusivamente en el grano con mínima expresión en los demás tejidos.

²² **β -caroteno:** pigmento vegetal que el organismo humano convierte en vitamina A, esencial para la visión y el sistema inmune.

²³**Biofortificación:** estrategia para aumentar el contenido nutricional de los cultivos mediante mejoramiento genético o biotecnología.

²⁴**Fitoeno:** Primer compuesto que se forma en la ruta de síntesis de los carotenoides y a partir del cual se producen pigmentos como el β -caroteno.

²⁵**Promotor específico de tejido:** Secuencia de ADN que activa un gen solo en un tipo particular de tejido (por ejemplo, el endospermo), permitiendo que el gen se exprese únicamente en esa parte de la planta y no en todo el organismo.

La transformación del arroz se realizó inicialmente por biobalística y posteriormente por *Agrobacterium tumefaciens*, introduciendo el ADN recombinante en células vegetales que luego fueron regeneradas en plantas completas. Las líneas obtenidas fueron seleccionadas por expresión del rasgo (color amarillo del grano) y confirmadas mediante análisis molecular. A nivel bioquímico, la ruta metabólica reconstituida convierte precursores endógenos del arroz en β -caroteno dentro de los plastidios del endospermo, lo que se traduce en una coloración amarillenta del grano y en un incremento en el contenido de provitamina A (Palmer, 2025).

2.3.3. La controversia

Desde sus primeras apariciones en los medios, el arroz dorado fue objeto de titulares alarmistas que generaron gran controversia. Frases como “¿Arroz transgénico causará cáncer masivo!”, “Experimento genético disfrazado de ayuda humanitaria” o “Los pobres como conejillos de indias” se hicieron comunes en portales de noticias alternativos y redes sociales. En 2013, en Filipinas, aproximadamente 400 activistas destruyeron un campo experimental de arroz dorado, en el marco de protestas vinculadas a preocupaciones sobre la salud humana, la biodiversidad y la gobernanza de la tecnología. Esta protesta culminó con la devastación de mil metros cuadrados de cultivos diseñados para beneficiar a comunidades vulnerables afectadas por la desnutrición. El evento se desarrolló en un contexto caracterizado tanto por la presencia de deficiencia de vitamina A como problema de salud pública, como por los debates en torno a las estrategias más apropiadas para abordarlo (Clark, 2013).

En India, la oposición al arroz dorado también se ha expresado con fuerza. La coalición que rechaza este cultivo sostiene que los gobiernos y los consumidores deberían enfocarse en la promoción de semillas y alimentos diversos para combatir la desnutrición. Se argumenta que la vitamina A puede obtenerse a través de dietas tradicionales que incluyen espinacas, chutneys de cilantro y hojas de amaranto. Además, consideran que la campaña a favor del arroz dorado exagera sus beneficios, calificándolo como un “falso milagro” y una estrategia para el control corporativo, ya que sería menos eficiente que las alternativas tradicionales para aportar vitamina A. También subrayan la importancia de la educación nutricional, recordando que, para una adecuada absorción de la vitamina A, se requieren grasas, elementos que suelen faltar en dietas basadas principalmente en arroz y otros almidones (Dubock, 2025).

En Bangladesh, según GRAIN Network (2018), el país había completado las pruebas confinadas de arroz dorado en el Instituto de Investigación del Arroz y se encontraba gestionando autorizaciones para realizar ensayos en campo, además de presentar las evaluaciones ambientales y de seguridad alimentaria correspondientes. No obstante, diversos actores expresaron preocupación por los posibles efectos que la introducción de cultivos transgénicos podría tener sobre el comercio agrícola internacional. Estas inquietudes se relacionaban con experiencias previas vinculadas a la berenjena Bt²⁶ y con la posibilidad de que algunos mercados impusieran restricciones a productos asociados con organismos genéticamente modificados, lo que favoreció una postura cautelosa respecto de la eventual adopción comercial del arroz dorado (Figura 2.8).

²⁶**Berenjena Bt:** Variedad de berenjena modificada para producir una proteína insecticida que la protege contra plagas específicas.



Figura 2.8. Agricultores en oposición al arroz dorado (Golden Rice). La imagen representa manifestaciones de comunidades agrícolas en rechazo al cultivo y comercialización del arroz dorado, en defensa de la soberanía alimentaria y la biodiversidad local (GRAIN Network, 2018).

Actualmente, el arroz dorado continúa en proceso de evaluación regulatoria en Bangladesh, sin haber recibido aprobación para su liberación comercial hasta la fecha (Golden Rice Project, 2025). Este escenario refleja la persistencia de procesos de revisión institucional, así como la consideración de factores regulatorios, comerciales y sociales en la toma de decisiones sobre su adopción.

Por otra parte, en Indonesia la información pública sobre el desarrollo del arroz dorado ha sido escasa. Las pruebas iniciales comenzaron en 2012 en el Centro de Investigación del Arroz (BB Padi), en Java Occidental. Sin embargo, tras la visita de un investigador del International Rice Research Institute (IRRI) en 2014, se determinó que la variedad IR64 GR2-R tenía un rendimiento agronómico inferior al arroz IR64 convencional, lo que motivó la suspensión temporal de las pruebas confinadas²⁷. A pesar de estos contratiempos, en 2016 el IRRI informó a la Agencia de Seguridad Alimentaria de Australia y Nueva Zelanda (FSANZ) su intención de avanzar con una versión mejorada del arroz dorado

(GR2E), presentando propuestas regulatorias junto con socios locales.

De acuerdo con información publicada recientemente, el desarrollo y evaluación del arroz dorado en Indonesia ha continuado de manera gradual, con énfasis en la adaptación de nuevas versiones del evento y en la generación de datos agronómicos y regulatorios. No obstante, hasta la fecha no se ha reportado una aprobación para su liberación comercial en el país, lo que indica que el proceso permanece en etapas de evaluación técnica e institucional. Este panorama refleja nuevamente los desafíos asociados a la adaptación local de la tecnología (International Rice Research Institute, 2025).

Uno de los casos más controversiales en torno al arroz dorado se relaciona con un informe de Greenpeace sobre un experimento en la provincia china de Hunan. En agosto de 2012, la Revista Americana de Nutrición Clínica publicó un estudio que afirmaba que el β -caroteno del arroz dorado era tan efectivo como el β -caroteno del aceite para propor-

²⁷**Pruebas confinadas:** Ensayos realizados en ambientes controlados para evitar que organismos modificados se dispersen al medio natural.

cionar vitamina A a niños. Poco después, Greenpeace difundió un informe acusando a un instituto de investigación estadounidense de haber administrado, sin consentimiento parental, 60 gramos diarios de arroz dorado transgénico a escolares en Hunan durante tres semanas, para demostrar que esta cantidad aportaba una dosis equivalente de vitamina A a la de una cápsula vitamínica (Tang et al., 2009).

Sin embargo, dos días después de la publicación del informe, las autoridades provinciales de Hunan negaron que el experimento hubiera tenido lugar. Un funcionario del Centro para el Control y la Prevención de Enfermedades declaró que no se había utilizado arroz transgénico en la investigación y que todas las materias primas provenían de fuentes locales. Asimismo, varios investigadores y agencias chinas afirmaron desconocer el estudio. Por ejemplo, Yin Wang, cuarta autora del artículo, negó haber autorizado la publicación y manifestó no conocer los detalles del experimento (Donois et al., 2025). Estas versiones divergentes evidencian dificultades en la verificación de los hechos y en la trazabilidad de la información en contextos de alta exposición mediática. Este incidente generó un intenso debate en los medios y redes sociales chinas sobre los riesgos y beneficios de los OGM.

2.3.4. Ciencia vs. percepción pública

Diversos estudios han demostrado que el arroz dorado produce cantidades significativas de β -caroteno que pueden contribuir a prevenir la ceguera infantil. En 2009, un ensayo clínico publicado en *The American Journal of Clinical Nutrition* demostró que una ración diaria de arroz dorado puede cubrir entre el 55 % y el 100 % de los requerimientos diarios de vitamina A en adultos, y hasta un 90 % en niños, bajo condiciones experimentales específicas y considerando la eficiencia de conversión del β -caroteno en retinol (Tang et al., 2009). Además, el estudio no reportó efectos adversos, lo que respalda su perfil de seguridad. Organismos internacionales como la FAO y la OMS han señalado su potencial como estrategia complementaria frente a la deficiencia

de vitamina A, en el marco de intervenciones más amplias de nutrición pública. Actualmente, algunas evaluaciones regulatorias han considerado que el arroz dorado presenta niveles de seguridad comparables a los del arroz convencional, aunque su aprobación y adopción han seguido trayectorias distintas según el contexto nacional (Palmer, 2025).

El caso del arroz dorado pone de manifiesto que la percepción pública sobre los organismos genéticamente modificados se construye a partir de múltiples factores. Las preocupaciones sociales no se limitan exclusivamente a aspectos técnicos, sino que incluyen dimensiones relacionadas con la confianza en las instituciones, los modelos de producción agrícola y las implicaciones éticas y económicas de estas tecnologías. En este contexto, algunas narrativas han destacado posibles riesgos para la salud o el ambiente, cuya interpretación y grado de respaldo empírico varían según la fuente y el enfoque analítico. Estas narrativas circulan en redes sociales, discursos ambientalistas y diversos espacios académicos, influyendo en la formación de percepciones públicas y en las dinámicas de aceptación o rechazo (Castellini et al., 2025).

El caso estadounidense ilustra cómo factores sociales y de mercado pueden influir en la adopción de tecnologías biotecnológicas. A pesar de ser uno de los países con mayor adopción de cultivos transgénicos, varios eventos aprobados científicamente fueron retirados o nunca comercializados, en parte debido a la respuesta de consumidores, empresas y actores del sistema agroalimentario. El trigo transgénico, probado en campo desde 1994, fue abandonado por Monsanto en 2004 tras campañas que sembraron desconfianza entre consumidores. De forma similar, el arroz transgénico nunca llegó al mercado. La papa transgénica, cultivada entre 1999 y 2001, fue retirada cuando cadenas de alimentos decidieron no incorporarla en sus productos. Los tomates transgénicos se produjeron durante un breve periodo (1998–2002), mientras que otros cultivos, como ciertos melones resistentes a virus, no alcanzaron una adopción extendida. En la actualidad, en EE. UU. los cultivos transgénicos se

concentran principalmente en maíz, soya y algodón, con adopción superior al 90 %, mientras que otros como papaya, papa o manzana se cultivan a menor escala (Castellini et al., 2025; Paarlberg, 2014; Ryan et al., 2024).

La Figura 2.9 presenta una síntesis de los principales hitos en la creación, evaluación y debate público sobre el arroz dorado, destacando tanto los avances científicos que respaldan su eficacia como las controversias sociales que han limitado su adopción.



Figura 2.9. Principales hitos en la creación, evaluación y debate público sobre el arroz dorado.

El arroz genéticamente modificado fue diseñado para aumentar el contenido de provitamina A. Actualmente, su implementación presenta avances desiguales: cuenta con aprobación en algunos países, mientras que en otros permanece en evaluación o enfrenta limitaciones regulatorias y sociales.

2.4. Papaya transgénica en Hawái: entre la recuperación productiva y el debate público

Quizá el caso más emblemático de la ingeniería genética aplicada con fines de interés público es el de la papaya transgénica Rainbow en Hawái. A mediados de los años noventa, la producción local estaba al borde del colapso debido al virus de la mancha anular (PRSV), una enfermedad altamente contagiosa que reducía drásticamente el rendimiento y la calidad del fruto. Frente a la amenaza de perder un cultivo central para la economía agrícola hawaiana, investigadores del sector público desarrollaron una papaya resistente al virus mediante la inserción de un gen derivado del propio PRSV. Tras su introducción, se observó una recuperación de la producción

papayera en la región, permitiendo la continuidad del cultivo en áreas que habían sido afectadas por la enfermedad.

2.4.1. El caso

La papaya (*Carica papaya*) es el segundo cultivo frutal más importante en Hawái, solo superado por la piña. En este estado, se cultiva principalmente la variedad *Hawaiian Solo*, y la mayoría de su producción se exporta a Estados Unidos. No obstante, desde la década de 1940, este cultivo ha estado seriamente amenazado por el virus PRSV, un *Potyvirus* identificado por primera vez por D.D. Jensen en la isla de Oahu. Aunque su descubrimiento ocurrió en Hawái, el PRSV se ha convertido en una de las enfermedades virales más destructivas para la papaya

a nivel mundial, debido a su rápida transmisión por varias especies de áfidos, su modo de transmisión no persistente²⁸ y la ausencia de resistencia genética en *C. papaya*. El virus se clasifica en dos biotipos: PRSV-P, que infecta tanto papaya como cucurbitáceas²⁹, y PRSV-W, que afecta solo a cucurbitáceas (Premchand et al., 2025; Princi et al., 2026).

Estudios recientes indican que el PRSV está ampliamente distribuido en prácticamente todos los países productores de papaya y puede provocar pérdidas de rendimiento que alcanzan entre el 80 % y el 100 % en condiciones de alta incidencia (Premchand et al., 2025). En países como India, Brasil, México y diversas regiones del sudeste asiático, el virus continúa representando un desafío persistente para la sostenibilidad de la producción, debido a su rápida dispersión y a la dificultad de control mediante prácticas convencionales. Asimismo, su impacto ha llevado históricamente a cambios en las zonas de cultivo y a la adopción de distintas estrategias de manejo, reflejando la alta presión fitosanitaria asociada a esta enfermedad (Princi et al., 2026).

Frente a esta crisis, desde 1986 se venía desarrollando en Hawái una solución biotecnológica inspirada en investigaciones previas sobre el virus del mosaico del tabaco. Se optó por introducir el gen de la cápside³⁰ del PRSV en papayas mediante ingeniería genética, utilizando cultivos embrionarios, es decir, tejidos capaces de generar nuevas plantas completas a partir de células embrionarias, lo que permitió superar los fracasos iniciales en regeneración por organogénesis³¹, un método previo que dependía de la formación de órganos a partir de tejidos diferenciados y presentaba baja eficiencia. Así se generó la línea transgénica 55-1, que mostró una resistencia efectiva al virus (Ferreira et al., 2002).

En 1995 se realizó un ensayo de campo utilizando un híbrido³² entre la línea transgénica 55-1 y la variedad comercial *Kapoho* (preferida por su pulpa amarilla) que se llamó variedad *Rainbow*. Los resultados mostraron que mientras las plantas infectadas rendían apenas 5,000 libras por acre, *Rainbow* alcanzó 125,000 libras. Además de su alta resistencia, mantuvo las características comerciales deseables. Esto permitió una rápida desregulación: la APHIS aprobó su liberación en 1996, la EPA en 1997, y la FDA completó su revisión ese mismo año. La papaya transgénica se comercializó en 1998 sin generar protestas públicas, y el Comité Administrativo de Papaya facilitó su adopción mediante licencias gratuitas (Princi et al., 2026).

2.4.2. La explicación

La papaya *Rainbow* se desarrolló mediante la introducción de un fragmento del gen que codifica la proteína de la cápside del PRSV, con el objetivo de inducir resistencia por un mecanismo de “inmunidad genética”. Este enfoque consiste en expresar en la planta una porción del material genético del propio virus, de modo que la célula vegetal reconozca al patógeno y bloquee su replicación. Este principio, conocido como resistencia mediada por el patógeno, permite interferir la multiplicación viral y reduce significativamente la capacidad del virus para infectar a la planta.

El ADN se incorporó al genoma de la papaya mediante biobalística, una técnica que utiliza una pistola de genes para disparar micropartículas recubiertas con ADN directamente al interior de las células vegetales. En este caso, el método permitió generar plantas resistentes frente a múltiples aislados

²⁸**Modo de transmisión no persistente:** Forma de contagio en la que un insecto vector adquiere y transmite el virus rápidamente, pero lo retiene solo por poco tiempo.

²⁹**Cucurbitáceas:** Familia de plantas que incluye especies como pepino, calabaza, melón y sandía.

³⁰**Cápside:** cubierta proteica que envuelve el material genético viral.

³¹**Regeneración por organogénesis:** Formación de brotes o raíces a partir de tejidos vegetales cultivados en laboratorio.

³²**Híbrido:** Organismo resultado del cruce entre dos líneas genéticamente diferentes.

del virus, tanto locales como extranjeros, ya que la inserción de fragmentos del gen viral confiere una protección amplia frente a distintas variantes del patógeno. Esta técnica causa daño físico a los tejidos debido al impacto de las partículas, lo que reduce la eficiencia de regeneración de plantas completas. A pesar de estas limitaciones, la técnica fue suficientemente eficaz para producir líneas transgénicas funcionales, y una de ellas mostró resistencia total al virus (Princi et al., 2026).

La variedad Rainbow corresponde a un híbrido entre la línea transgénica 55-1, portadora del gen de resistencia, y la variedad comercial Kapoho, apreciada por su pulpa amarilla y su calidad comercial. Este cruzamiento permitió combinar la resistencia al virus con características agronómicas deseables, como sabor, color y rendimiento, lo que facilitó su adopción por parte de los agricultores y su aceptación en el mercado sin modificar sustancialmente las propiedades fenotípicas originales de la variedad cultivada. En este proceso, la incorporación de rasgos asociados a la preferencia del consumidor y a las prácticas agrícolas existentes resultó relevante para su integración en los sistemas productivos locales. Asimismo, su adopción se desarrolló en un contexto donde las decisiones de los productores estuvieron influenciadas tanto por factores técnicos como por condiciones económicas y de mercado (Premchand et al., 2025).

2.4.3. La controversia

El uso de cultivos transgénicos por parte de grandes empresas de biotecnología ha sido objeto de debate, debido a percepciones relacionadas con la priorización de beneficios económicos frente a otras consideraciones sociales. En este contexto, el caso de la papaya Rainbow en Hawái se presenta como un ejemplo de desarrollo desde el sector público: esta variedad fue desarrollada por investigadores del sector público con el objetivo explícito de rescatar un cultivo que estaba al borde de desaparecer en las islas debido al virus PRSV. Además, la papaya transgénica fue evaluada y aprobada por múltiples agencias reguladoras de Estados Unidos, como el USDA, la EPA y la FDA, en el marco de procesos de revisión técnica, ambiental y de seguridad alimentaria establecidos por dichas instituciones.

A pesar de ello, existieron manifestaciones de rechazo que incluyeron la destrucción de miles de plantas de papaya en cuatro hectáreas de la Isla Grande en 2011. Según Fox News (2014), los árboles parecían haber sido cortados con machete y abandonados a la descomposición. Aunque no hubo responsables identificados, algunos agricultores interpretaron el hecho como una acción de protesta vinculada a la oposición a la biotecnología aplicada a la agricultura local.

La policía nunca emitió declaraciones oficiales sobre el caso, pero el hecho pone de manifiesto la intensidad que pueden alcanzar las controversias en torno a la ingeniería genética. Estas dinámicas reflejan la coexistencia de distintos posicionamientos frente a la tecnología, incluso en contextos donde su uso se asocia a objetivos productivos. A pesar de estas resistencias, hoy la mayoría de las papayas cultivadas en aproximadamente 170 fincas de Oahu y la Isla Grande son transgénicas, lo que sugiere niveles variables de adopción por parte de los agricultores en función de factores técnicos, económicos y contextuales.

2.4.4. Ciencia vs. percepción pública

En el caso de la papaya transgénica ‘Rainbow’, desarrollada en Hawái como respuesta a la crisis provocada por el PRSV, los datos científicos disponibles han sido utilizados para contrastar la percepción negativa asociada a los OGM. La inserción del gen de la cápside del PRSV en esta variedad le confiere una resistencia efectiva a esta enfermedad que ha devastado cultivos en diversas regiones del mundo. Desde su comercialización en 1998, su adopción se ha asociado con una recuperación de la producción papayera en Hawái (Castellini et al., 2025).

En un estudio detallado, Tripathi et al. (2011) analizaron la composición nutricional de la papaya “Rainbow” en distintas etapas de maduración y la compararon con una variedad no transgénica de origen similar. Los resultados mostraron que no existían diferencias significativas en la mayoría de los macronutrientes evaluados, como proteínas, carbohidratos, lípidos, fibra y contenido de humedad. Ambos

tipos de papaya mostraron patrones normales de maduración, como la reducción del contenido de agua y el aumento de los azúcares a medida que el fruto maduraba.

Respecto a las vitaminas, se detectaron niveles más altos de vitamina A (medida como β -caroteno) en la papaya 'Rainbow' en todas las etapas de maduración, mientras que la vitamina C se mantuvo similar en ambas variedades. No obstante, los autores señalan que estas diferencias pueden explicarse por la variabilidad natural entre cultivares de papaya y no necesariamente por la modificación genética. En cuanto a los minerales, la única diferencia significativa fue un contenido ligeramente mayor de calcio en 'Rainbow', aunque este también se mantuvo dentro del rango esperado para la especie.

Otro aspecto evaluado fue la concentración de papaína, una enzima proteolítica presente en la papaya. Si bien los frutos verdes de 'Rainbow' contenían niveles más altos que la variedad no transgénica, estos valores disminuyeron conforme el fruto maduraba. Además, la cantidad de papaína en 100 gramos de papaya fue muy inferior a la que se encuentra comúnmente en suplementos dietéticos, lo que indica que su consumo no representa riesgo para la salud.

En conjunto, los datos del estudio indican que la papaya transgénica "Rainbow" presenta niveles comparables a los de una papaya convencional en términos de calidad nutricional y seguridad alimentaria. Si bien estos resultados aportan evidencia en condiciones experimentales específicas, la interpretación de su seguridad y relevancia puede variar según el contexto y las fuentes consideradas. Un

estudio de Lin et al. (2013) evaluó si las papayas transgénicas resistentes al PRSV son seguras para el consumo humano y las comparó con papayas convencionales. Para ello, analizaron dos líneas transgénicas³³ (2210 y 823) y un híbrido de ambas, frente a la variedad original no transgénica (TN-2). Primero, los investigadores buscaron saber si la proteína (cápside) utilizada para generar la resistencia al virus se mantenía intacta al proceso digestivo. Como resultado, la proteína se desintegró rápidamente en el ambiente del estómago y no apareció en los órganos ni en el contenido intestinal de las ratas analizadas. Segundo, realizaron tres pruebas de laboratorio para comprobar la existencia de efectos genotóxicos (daño al ADN). Ninguna de las papayas, transgénicas o no, produjo resultados negativos. Finalmente, hicieron un ensayo de alimentación durante 28 días: las ratas comieron diariamente 2 g de papaya por cada kilogramo de peso corporal. Tras el periodo de prueba, no se encontraron diferencias biológicas ni toxicológicas entre los animales que consumieron papaya convencional y los que comieron papaya transgénica. Estos resultados sugieren que, bajo las condiciones del estudio, las papayas evaluadas presentan perfiles de seguridad comparables (Lin et al., 2013).

La Figura 2.10 ilustra la relación entre la evidencia científica disponible y su interpretación en el ámbito público, mostrando cómo, en el caso de la papaya "Rainbow", la percepción social no siempre se alinea de manera directa con los resultados experimentales reportados. La imagen refleja el contraste entre los hallazgos científicos sobre la eficacia y seguridad del cultivo y las diversas respuestas sociales, que incluyen escepticismo, cuestionamientos y distintos niveles de aceptación.

³³**Línea transgénica:** Línea vegetal que contiene un gen externo incorporado de forma estable y heredable.

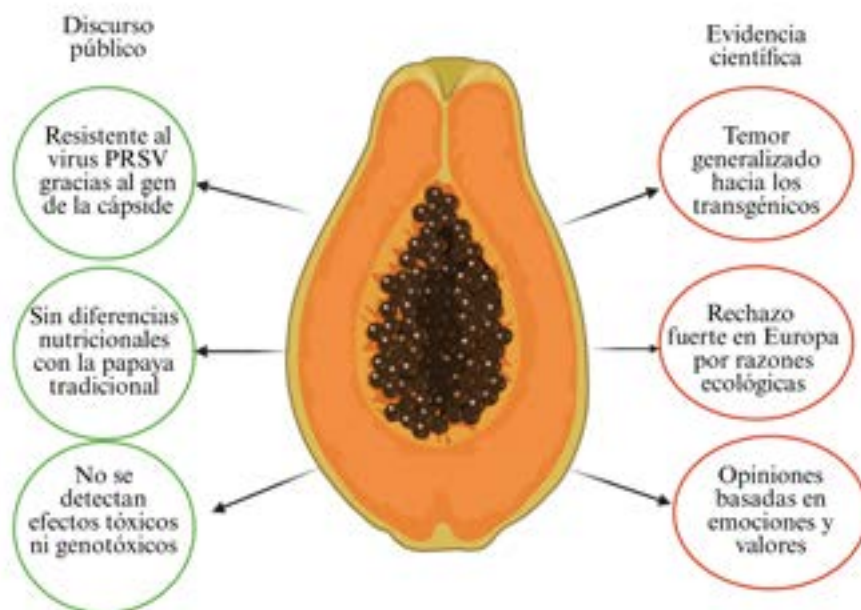


Figura 2.10. Comparación entre la evidencia científica y el discurso público en torno a la papaya transgénica “Rainbow”. En el ámbito científico, se reportan características como resistencia al virus PRSV, composición nutricional comparable y evaluaciones de seguridad en condiciones experimentales. En el ámbito público, el tema ha sido abordado desde diversas perspectivas, incluyendo preocupaciones sobre riesgos, posicionamientos regulatorios y valoraciones sociales.

La oposición a la papaya transgénica en Hawái se explica menos por la evidencia científica y más por la forma en que las personas procesan la información. Aunque la papaya Rainbow cumplió los requisitos regulatorios, su aceptación social dependió de factores psicológicos y sociales. Según la teoría de Petty y Cacioppo, cuando el público no analiza la información de forma crítica (ruta central), suele basarse en impresiones, emociones o señales externas (ruta periférica). Por ello, la percepción de la biotecnología está fuertemente influida por valores, creencias e instituciones más que por los datos científicos (Castellini et al., 2025).

En estudios realizados en Ghana y China, se ha observado que los consumidores con mayor conciencia sobre la salud y el medio ambiente tienden a reconocer tanto los beneficios como los posibles riesgos asociados al consumo de alimentos genéticamente modificados (Amponsah et al., 2024).

Asimismo, la percepción de beneficios influye positivamente en la disposición a consumir estos productos en ambos países, mientras que la frecuencia de compra no se asocia de manera significativa con la percepción de riesgo, lo que sugiere la necesidad de estrategias de comunicación dirigidas que aborden preocupaciones específicas y reduzcan la desinformación. En el contexto europeo, la disposición hacia los OGM se ha relacionado con características sociodemográficas de los consumidores, como edad, nivel educativo, ingreso y estructura del hogar. En particular, se ha reportado que personas de mayor edad tienden a mostrar actitudes más negativas, mientras que un mayor nivel de educación y conocimiento sobre el tema se asocia con una mayor aceptación. Otros factores, como el ingreso económico, presentan resultados variables, y la presencia de niños en el hogar se ha vinculado con una menor disposición a adquirir alimentos derivados de OGM (Marčanová y Klenková, 2022).

Hawái, sin embargo, no necesariamente sigue la misma tendencia que el resto de regiones. Su población es cultural y étnicamente diversa, y estas diferencias pueden influir en cómo se evalúan los riesgos y beneficios de los OGM. Al mismo tiempo, existe poca información sobre la opinión de los consumidores hawaianos respecto a la biotecnología agrícola.

Este tipo de dinámicas ha sido abordado desde marcos teóricos como el paradigma psicométrico y la teoría cultural del riesgo, los cuales proponen que la percepción del riesgo no depende únicamente de las características objetivas de una tecnología, sino de cómo estas son interpretadas a través de valores y visiones del mundo. En este sentido, los individuos pueden atribuir a una misma tecnología características distintas, por ejemplo, considerarla beneficiosa o peligrosa, controlable o incierta, en función de sus marcos culturales, lo que influye directamente en su nivel de aceptación o rechazo (Chassang et al., 2025).

2.5. CRISPR en plantas: alcances técnicos y desafíos

La edición génica mediante CRISPR ha emergido como una de las innovaciones más influyentes en la biotecnología vegetal contemporánea. A diferencia de la transgénesis tradicional, CRISPR permite modificar de forma precisa secuencias específicas del ADN, corrigiendo, eliminando o introduciendo cambios puntuales sin necesidad de incorporar genes externos. Diversos estudios han evaluado su precisión y aplicaciones en distintos contextos experimentales. No obstante, su recepción en el ámbito público presenta variabilidad, y en algunos casos se asocia con percepciones previamente existentes sobre los OGM.

2.5.1. La técnica

El sistema CRISPR se ha consolidado como una herramienta poderosa y versátil para la edición genómica en diversas especies vegetales. Su aplicación ha permitido intervenir genes asociados a la resistencia frente a factores bióticos y abióticos, modificar rutas metabólicas y aumentar el rendimiento a la cosecha, lo que refuerza su utilidad tanto en investigación como en programas de mejoramiento genético³⁴. Una de las principales ventajas de esta tecnología es su capacidad para editar múltiples loci³⁵ de manera simultánea, lo que ha facilitado procesos como la domesticación acelerada³⁶ de especies silvestres, ejemplificado en el caso del tomate (Sokra, 2026).

La focalización génica mediante CRISPR permite cambiar una o más partes específicas del ADN de una planta. En los últimos años, esta herramienta ha avanzado mucho y se ha convertido en una opción prometedora para mejorar cultivos sin necesidad de agregar genes de otras especies. También se han probado distintas versiones de las “tijeras” de CRISPR. Por ejemplo, la nucleasa Cas12a realiza cortes que facilitan que la célula repare el ADN de manera más ordenada, lo que mejora la precisión. Otra estrategia, llamada CRISPR-Cas9-VirD2, ayuda a colocar la “plantilla de reparación” justo al lado del sitio donde se hace el corte, como si se dejara el parche listo para usar. Esto aumenta la eficiencia y reduce errores (Tuncel et al., 2025).

Por otro lado, el sistema CRISPR también ha sido empleado para combatir directamente a virus fitopatógenos³⁷ de ADN y ARN, mediante la introducción de componentes transgénicos que dirigen la maquinaria CRISPR hacia los genomas virales. Este enfoque abre nuevas posibilidades en el control de enfermedades. En este mismo sentido, CRISPR ha sido útil en la generación de alelos de pérdida de función³⁸ que confieren resistencia a patógenos (Tuncel et al., 2025).

³⁴**Programa de mejoramiento genético:** Proceso sistemático para desarrollar variedades con características deseables mediante selección y cruzamiento.

³⁵**Loci:** Posiciones específicas de un gen o marcador dentro de un cromosoma.

³⁶**Domesticación acelerada:** Aplicación de biotecnología para reproducir en poco tiempo rasgos que antes requerían muchas generaciones de selección.

³⁷**Fitopatógeno:** Organismo que causa enfermedades en las plantas.

³⁸**Alelo de pérdida de función:** Versión de un gen que ha perdido total o parcialmente su actividad normal.

En el campo de la resistencia genética, los avances en el estudio de los receptores NLR han abierto nuevas posibilidades para crear cultivos más resistentes usando edición genómica. Estos receptores funcionan como sensores internos que reconocen la presencia de patógenos, y gracias a CRISPR es posible modificar partes específicas de sus genes para mejorar esa capacidad de detección. También se está probando rediseñar proteínas “señuelo” para que activen la defensa cuando el patógeno libera nuevas moléculas de ataque. En conjunto, estas estrategias podrían generar resistencia sin necesidad de introducir genes externos (Murphy et al., 2025).

Sin embargo, como los patógenos evolucionan rápido y pueden superar esta resistencia, también se considera otra estrategia: eliminar o modificar genes de susceptibilidad, es decir, genes de la propia planta que son aprovechados por el patógeno para infectarla. Con CRISPR se pueden desactivar estos genes o, de manera más precisa, bloquear la parte del ADN que el patógeno usa para activarlos. Esta última opción ha tenido éxito en arroz y cítricos, donde la edición de promotores permitió obtener resistencia sin afectar el crecimiento normal de la planta (Seo et al., 2025).

A pesar de las ventajas de CRISPR en términos de precisión y rapidez, una de las principales preocupaciones sigue siendo la posibilidad de efectos fuera del objetivo (*off-target effects*), es decir, modificaciones no deseadas en regiones distintas a las seleccionadas del genoma. Aunque su frecuencia suele ser baja y existen herramientas para minimizarlos, estos cambios podrían generar consecuencias inesperadas. Adicionalmente, en la edición genética de cultivos se emplean con frecuencia promotores constitutivos, como CaMV 35S y ubiquitina, que permiten una alta expresión de los componentes del sistema en la mayoría de los tejidos vegetales. Si bien esta característica favorece la eficiencia de la edición, también puede aumentar la actividad del sistema en tejidos donde no es necesaria, reduciendo la precisión biológica del proceso y pudiendo afectar el desarrollo normal de la planta (Seo et al., 2025).

Existen, sin embargo, métodos específicos de detección, como secuenciación y análisis bioinformáticos³⁹, que permiten identificar incluso alteraciones pequeñas. Si bien en plantas no se han reportado grandes delecciones como las observadas en células animales, sigue siendo esencial mantener una vigilancia constante y evaluar varias generaciones⁴⁰ para asegurar estabilidad y seguridad en los cultivos editados (Sokra, 2026; Supriya et al., 2025).

2.5.2. Representación mediática

En distintos medios digitales y espacios de activismo en torno a la biotecnología circulan titulares y mensajes que enfatizan posibles riesgos asociados al uso de CRISPR, presentándola como una tecnología con implicaciones inciertas o de difícil control. Algunos ejemplos son: “La edición genética con CRISPR causa *daños graves e involuntarios en el ADN con alta frecuencia*”; “CRISPR podría inaugurar una nueva era de sabrosos alimentos transgénicos”; “Cómo la tecnología de edición genética CRISPR escapó del laboratorio... prometiendo curas y bebés de diseño”; y “CRISPR puede acelerar la naturaleza...”. La mayoría de estos titulares provienen de medios de divulgación enfocados en el impacto mediático más que en la evidencia científica. Aunque algunos mencionan avances reales, amplifican riesgos hipotéticos y utilizan lenguaje alarmista, contribuyendo a la percepción de que CRISPR es una tecnología incontrolable, incluso cuando el consenso científico la considera una herramienta de edición mucho más precisa que métodos tradicionales.

¿De dónde proviene, entonces, la desconfianza hacia esta técnica de edición genética? Desde una perspectiva de percepción del riesgo, estas interpretaciones no se explican únicamente por la evidencia científica disponible, sino también por marcos culturales y experiencias previas que influyen en la forma en que las tecnologías son comprendidas (Chassang et al., 2025). En este sentido, las percepciones actuales pueden estar asociadas a la experiencia histórica con cultivos transgénicos, aun cuando muchas aplicaciones de edición genética no

³⁹**Secuenciación y análisis bioinformáticos:** Lectura del ADN y procesamiento computacional de los datos para identificar genes y variantes.

⁴⁰**Evaluar varias generaciones:** Observar un rasgo a lo largo de distintas generaciones para confirmar que se hereda de forma estable.

implican la inserción de genes externos. A lo largo del tiempo, estas tecnologías han sido objeto de debates en los que distintos discursos han planteado posibles escenarios de riesgo, incluyendo hipótesis sobre efectos en la salud humana. El escepticismo frente a CRISPR se ve reforzado por antecedentes en la industria alimentaria relacionados con la falta de transparencia y la minimización de riesgos sanitarios, lo que ha erosionado la confianza pública. En este contexto, herramientas como CRISPR se presentan simultáneamente como una promesa de innovación y como un nuevo foco de inquietud social, lo que pone en evidencia la necesidad de revisar críticamente las nociones de “natural” y “seguro” desde una perspectiva informada.

Estudios recientes han analizado cómo la confianza en la ciencia y la percepción de límites éticos influyen en la aceptación de tecnologías emergentes como la edición genética. A partir del análisis de encuestas de opinión pública, se ha observado que, si bien una mayor confianza en la ciencia se asocia con una mayor aceptación de la edición genética humana, esta relación puede verse atenuada cuando la tecnología es percibida como una forma de “transgresión de límites” éticos. En particular, la aceptación tiende a ser más alta cuando las aplicaciones son consideradas beneficiosas, mientras que las preocupaciones éticas reducen tanto la aceptación individual como social. Estos hallazgos sugieren que la percepción pública de estas tecnologías no depende únicamente de su base científica, sino también de cómo son interpretadas en términos de valores y normas sociales (Altinay, 2025).

Una estrategia frecuentemente usada en medios y redes sociales para mejorar la imagen pública de CRISPR es destacar sus usos “más nobles”, como el desarrollo de cultivos que resisten enfermedades sin depender de pesticidas. Este relato contrasta con la imagen negativa de algunos OGM asociados a herbicidas y transmite una promesa atractiva: menos químicos, menos contaminación y mayor sostenibilidad. Sin embargo, este enfoque puede generar un efecto contrario al esperado. Al presentar a CRISPR como lo opuesto a los agroquímicos, se

corre el riesgo de reforzar el estigma hacia los OGM tradicionales y de simplificar en exceso un sistema agrícola mucho más complejo. El problema surge cuando el debate se reduce a dicotomías engañosas: CRISPR contra transgénicos, natural contra artificial, bueno contra malo, pues esa simplificación dejaría fuera las preguntas realmente importantes que deberían guiar la discusión.

En el contexto brasileño, se indica que la adopción de OGM se ha consolidado de manera sostenida en el tiempo, incluso en presencia de posturas críticas, lo que sugiere que su implementación responde a una combinación de factores técnicos, económicos e institucionales. Asimismo, desde enfoques decoloniales, se ha evidenciado que estas dinámicas están vinculadas a relaciones de interdependencia entre el Norte y el Sur global, tanto en el ámbito productivo como en la generación de conocimiento, lo que influye en la circulación de tecnologías y en los marcos desde los cuales son evaluadas (Fontoura et al., 2025).

2.5.3. Ciencia vs. percepción pública

CRISPR promete beneficios significativos en términos de productividad y sostenibilidad. Sin embargo, aunque la evidencia científica, en su gran mayoría, respalda la seguridad y precisión de estas tecnologías, el discurso público y social sobre los alimentos modificados genéticamente refleja una diversidad de percepciones. Esta disparidad entre los avances científicos y la aceptación social genera un desafío importante para la implementación y regulación de estos productos, haciendo necesario comprender y equilibrar tanto la evidencia técnica como las preocupaciones y valores del público.

El estudio de Young et al. (2019) demuestra que la ingeniería genómica mediante CRISPR-Cas9 es una técnica altamente precisa cuando se utilizan ARN guía⁴¹ bien diseñados. Mediante un enfoque de tres etapas: predicción computacional, análisis

⁴¹**ARN guía:** Molécula que dirige la edición genética hacia una región específica del ADN.

bioquímico y validación en plantas de maíz, los investigadores evidenciaron que hasta el 90 % de las ediciones genéticas ocurren en el sitio específico deseado, sin indicios de modificaciones fuera del objetivo. Solo cuando los investigadores usaron a propósito una guía mal diseñada (es decir, un ARN que no apuntaba con precisión al sitio correcto) aparecieron cambios no deseados en otras partes del ADN. Además, el estudio mostró que, si la guía tiene al menos tres diferencias con cualquier otra parte del genoma, especialmente una cerca del sitio donde corta la enzima (el PAM), los efectos secundarios se reducen casi por completo. Como conclusión, las alteraciones fuera del objetivo son insignificantes en comparación con la variación genética natural, lo que desmiente las preocupaciones respecto al uso de CRISPR en plantas. Un estudio reciente que rastreó la precisión de CRISPR en aplicaciones terapéuticas desde febrero de 2025, arroja la misma conclusión (Agboola et al., 2025).

Según Lassoued et al. (2021), expertos internacionales relacionados con la biotecnología vegetal y las implicaciones sociales y regulatorias de estas tecnologías, consideran que los cultivos editados genómicamente presentan riesgos bajos y comparables a los cultivos tradicionales en aspectos sociales (76 %), económicos (71 %), de salud humana (75 %) y ambientales (71 %). Solo un 5 % estima que estos cultivos podrían requerir regulaciones adicionales, pese a los estrictos controles previos a su comercialización. Estas percepciones se mantienen consistentes entre diversas disciplinas y regiones. En comparación con la mejora transgénica convencional⁴², más de la mitad de los expertos cree que la edición genómica reduce riesgos relacionados con alergias (51 %), toxicidad (52 %), daño a organismos no objetivo (49 %) e impacto metabólico en humanos y animales (49 %), aunque un 40 % opina que ambos métodos conllevan riesgos similares. La mayor discrepancia se observa en el riesgo de malezas, donde solo un 36 % percibe menor riesgo con la edición genómica, frente a un 48 % que lo considera equivalente en ambas técnicas.

Por otro lado, según ChileBIO (2022), en Estados Unidos la aceptación de alimentos modificados mediante edición genética, como CRISPR, es mayor entre jóvenes menores de 30 años y personas con ingresos medios-altos, quienes muestran una actitud positiva hacia la ciencia y la tecnología, además de confianza en las empresas biotecnológicas. En contraste, quienes se basan en creencias personales o en grupos ambientalistas generalmente personas mayores, más religiosas y con mayoría femenina, ya que un 60 % de las mujeres encuestadas rechazan estos productos manifiestan mayor rechazo hacia estos alimentos.

Finalmente, un estudio comparativo realizado por Kato-Nitta et al. (2022) examinó las percepciones públicas sobre los riesgos y beneficios de la edición genética en cultivos alimentarios en Estados Unidos, Japón y Alemania. Los estadounidenses mostraron una actitud más positiva hacia la tecnología, mientras que japoneses y alemanes percibieron riesgos similares, aunque los japoneses reconocieron beneficios comparables a los estadounidenses. Además, los participantes estadounidenses no diferenciaron mucho entre alimentos editados genéticamente y cultivados convencionalmente, a diferencia de los otros países. La inclusión de ilustraciones de plantas o animales no alteró las percepciones de riesgo, aunque en Japón y Alemania las imágenes de plantas aumentaron la percepción de beneficios. Estos resultados evidencian que, a pesar de recibir la misma información, las percepciones varían según el contexto cultural y nacional, ampliando así el entendimiento de la epistemología cívica en torno a las tecnologías emergentes.

Estos resultados reflejan que la aceptación pública de CRISPR es un tema complejo y estratificado. Dicha aceptación varía significativamente según factores sociales, culturales y demográficos: mientras los jóvenes y las personas con mayor confianza en la ciencia tienden a aceptar estos alimentos, los grupos más escépticos y tradicionales manifiestan preocupación, especialmente ante la falta de regula-

⁴²**Mejora transgénica convencional:** La transgénesis tradicional introduce genes externos, mientras que la edición modifica genes propios del organismo de manera específica.

ciones claras y etiquetado obligatorio. Esta complejidad de percepciones y efectos puede organizarse en distintos niveles de análisis, que van desde los

cambios moleculares hasta los impactos éticos y culturales, como se ilustra en la Figura 2.11.

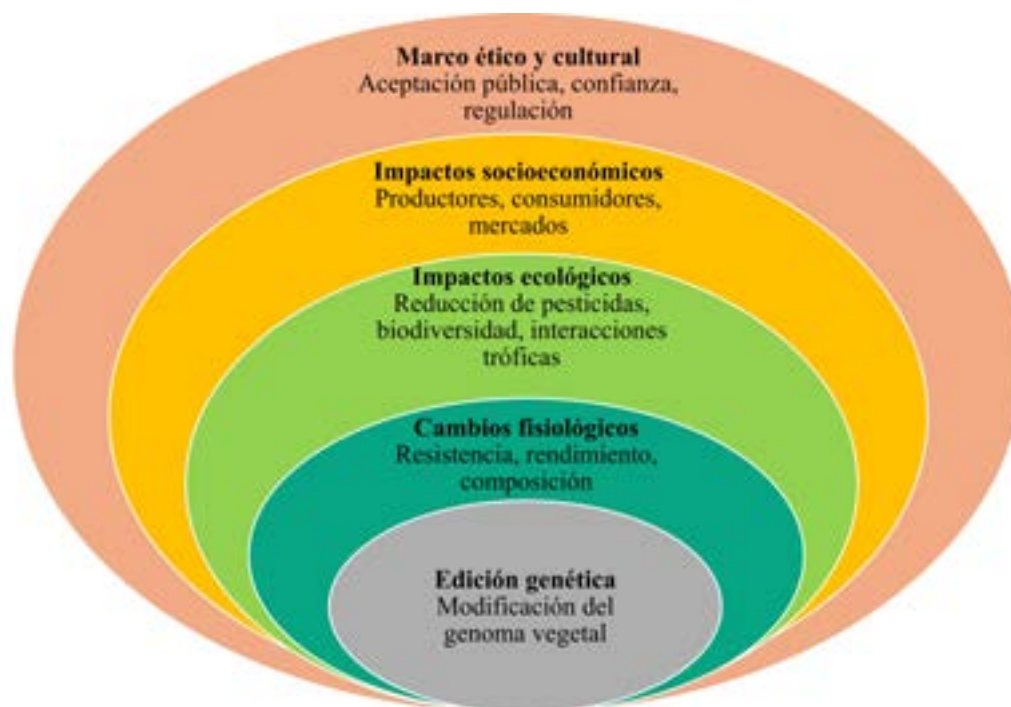


Figura 2.11. Representación de los distintos niveles de análisis asociados a la edición genética en plantas. Desde la modificación del genoma y los cambios fisiológicos, hasta sus implicaciones ecológicas, socioeconómicas y culturales, la figura ilustra cómo los efectos de estas tecnologías se extienden más allá del ámbito biológico. En este marco, su evaluación y percepción no dependen únicamente de la evidencia científica, sino también de factores sociales, económicos y culturales que interactúan entre sí.

2.6. “Frankenfoods” en el discurso público: lenguaje y percepción del riesgo

Desde que el término “Frankenfood” fue acuñado en la década de 1990 para describir alimentos derivados de OGM, ha sido emblema de un intenso debate público sobre los riesgos potenciales para la salud humana y el medio ambiente, así como sobre las implicaciones éticas de estas tecnologías. La expresión, cargada de connotaciones negativas inspiradas en el imaginario del monstruo de Frankenstein, fue inicialmente utilizada por activistas ambientales y medios de comunicación como una crítica a la ma-

nipulación genética de los alimentos (Ullian, 2007). Pese a los temores iniciales, la evidencia científica acumulada durante décadas no ha demostrado efectos adversos para la salud humana derivados del consumo de OGM. Aunque como hemos fundamentado en este texto, es legítima la preocupación por posibles alteraciones ecológicas, no existe documentación científica que relacione directamente el uso de técnicas de ingeniería genética con efectos tóxicos en humanos o animales. De hecho, organismos internacionales como la EFSA y la OMS han reiterado la seguridad de los alimentos transgénicos aprobados tras rigurosas evaluaciones (Goodman, 2024).

Respecto a los alimentos, es importante distinguir entre dos situaciones muy diferentes. Por un lado, existen productos que se consumen de forma directa, como una papaya o un tomate obtenidos mediante ingeniería genética. Por otro, hay alimentos procesados que contienen ingredientes derivados de cultivos transgénicos, pero que han pasado por múltiples etapas industriales; por ejemplo, una mezcla en polvo para preparar pastel que incluye almidón de maíz OGM. Ambos productos tienen el mismo origen biotecnológico, pero su relación con el alimento final es distinta. Cuáles de estos se consideran OGM depende de criterios de trazabilidad⁴³ de la industria alimentaria y de marcos regulatorios. Esto evidencia algo importante: la visión alarmista del término *frankenfood* resulta incoherente frente a la complejidad real del sistema alimentario. A qué aplicaría entonces ese estigma: ¿a la fruta fresca,

al polvo para pastel o al pastel ya horneado? La respuesta depende más de percepciones culturales y marcos regulatorios que de la composición final del alimento (Ryan et al., 2024).

En Canadá, la comercialización de OGM comenzó a mediados de los años 90 con una rápida inclusión de ingredientes derivados de maíz, soya y canola en la industria alimentaria. Para facilitar elecciones informadas, en 2004 se adoptó una norma de etiquetado voluntario que distingue entre productos derivados o no de ingeniería genética (Figura 2.12). Esta política utilizó el término “ingeniería genética” por ser más específico que “modificación genética”, y se basa en la posición de Health Canada de que los OGM son seguros y nutricionalmente equivalentes a sus contrapartes convencionales (Marden et al., 2023).



Figura 2.12. Sistema de etiquetado voluntario implementado en Canadá para identificar productos alimenticios derivados de ingeniería genética. Se observan en el mercado etiquetas como “Produced with genetic engineering”, traducida como “producido mediante ingeniería genética”, o “Non-GMO”, que significa “no modificado genéticamente”. Asimismo, son frecuentes otras expresiones como “sabores naturales”, utilizadas con fines comerciales (Masterson, 2016).

⁴³**Trazabilidad:** Capacidad de seguir el origen, proceso y destino de un alimento a lo largo de toda la cadena de producción.

El etiquetado de alimentos constituye un mecanismo relevante en los mercados para informar a los consumidores y reducir la incertidumbre en la toma de decisiones. Sin embargo, en el caso de los OGM, el etiquetado, especialmente bajo denominaciones como “no OGM”, ha sido objeto de debate persistente. Estudios recientes que analizan la evolución de estos sistemas en Estados Unidos muestran que, aunque la intensidad del debate público y la atención mediática sobre los OGM han disminuido con el tiempo, el número de productos comercializados con etiquetas “libres de OGM” continúa en aumento (Ryan et al., 2024). En este sentido, la persistencia de etiquetas diferenciadas indica que ciertas narrativas y preocupaciones han quedado incorporadas en el comportamiento del consumidor, configurando una demanda que se mantiene más allá del debate científico activo.

La relación entre tecnología y comida va mucho más allá de la etiqueta “contiene OGM”: involucra ingredientes procesados, proteínas vegetales, sustitución de insumos animales, alimentos diseñados sensorialmente y modos de producción completamente nuevos. Algunos ejemplos son:

- Hampton Creek (hoy Eat Just) desarrolló un sustituto del huevo a partir de proteína de arveja amarilla, cuyo producto Just Mayo replica las propiedades del huevo a menor costo y con perfil nutricional mejorado y fue adoptado por grandes cadenas alimentarias (Bund et al., 2016; Gantt y Berry, 2023).
- Granjas urbanas como Growing Underground en Londres, los sistemas hidropónicos altamente automatizados en Japón y empresas como ECF Farmsystems en Berlín ilustran la transición hacia una agricultura tecnificada basada en ambientes controlados. Estos sistemas permiten una producción intensiva durante todo el año, con incrementos significativos en el rendimiento por unidad de superficie y reduccio-

nes sustanciales en el uso de agua, que pueden alcanzar hasta un 95 % en comparación con la agricultura convencional. Sin embargo, pese a su potencial, estas tecnologías enfrentan limitaciones importantes relacionadas con altos costos energéticos y de infraestructura, lo que ha llevado al cierre de algunas iniciativas y plantea interrogantes sobre su viabilidad económica a gran escala (Nicholson et al., 2023).

- Empresas como Impossible Foods y Beyond Meat lideran el desarrollo de hamburguesas vegetales con perfiles sensoriales y nutricionales comparables o superiores a la carne convencional (Jang y Lee, 2024).

En conjunto, estos ejemplos evidencian que la innovación alimentaria contemporánea se desarrolla a lo largo de toda la cadena de valor, desde los insumos y los procesos productivos hasta el diseño del producto final. Estas transformaciones no responden a una única tecnología, sino a la convergencia de avances en biotecnología, ingeniería de alimentos, agricultura de precisión y sistemas de producción controlados, lo que amplía las formas en que se producen y consumen alimentos.

Desde esta perspectiva, en el contexto de los alimentos modernos, la pregunta no es simplemente “¿es transgénico o no?”, sino qué modelo alimentario estamos construyendo, quién lo controla y cómo se comunica al consumidor.

2.6.1. La controversia

La noción de “Frankenfood” ha sido un símbolo poderoso en el imaginario colectivo (Figura 2.13), el cual compara los OGM con la creación de Mary Shelley y se transformó rápidamente en un estandarte para campañas de activismo ambiental, como las lideradas por Greenpeace durante la década de 1990.

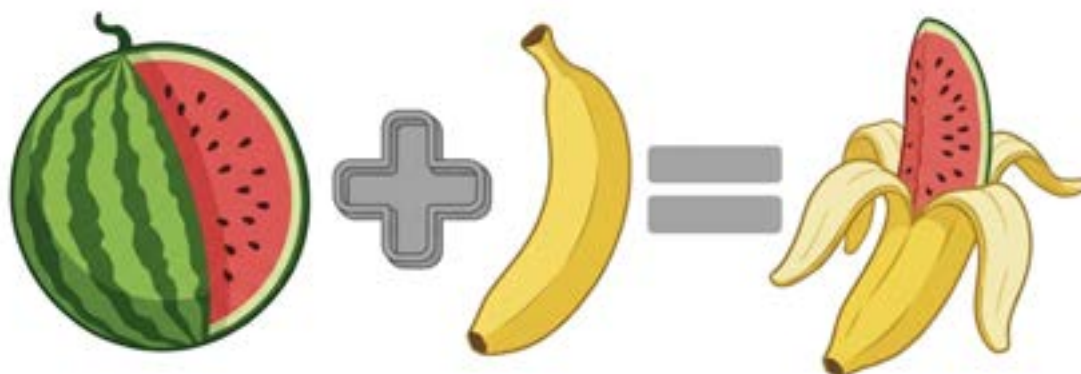


Figura 2.13. Representación conceptual del término “Frankenfood”. El término es utilizado en el debate público para describir de forma crítica o satírica alimentos obtenidos mediante ingeniería genética, sugiriendo la combinación artificial de características de distintas especies.

Sin embargo, detrás del impacto mediático del término se esconde un problema semántico y perceptivo. Mientras que la mayoría de las personas podría responder afirmativamente cuando se les pregunta si les preocupan los OGM, raramente identifican problemas en los productos que consumen cotidianamente, como el tofu o el maíz. De manera que el rechazo no parece originarse en la experiencia directa, sino en el marco discursivo en que se presenta el tema (Altinay, 2025; Chassang et al., 2025).

Un punto de fricción es la preocupación por posibles efectos ambientales asociados a la liberación de genes modificados en ecosistemas naturales. Aunque los OGM se diseñan para competir en entornos donde ya existen sus contrapartes no modificadas y no necesariamente tienen ventaja adaptativa, se han planteado escenarios sobre posibles alteraciones en interacciones ecológicas, por ejemplo, al reducir poblaciones de insectos polinizadores o presas de aves (Altieri y Rosset, 2002; Smyth et al., 2025). Estas preocupaciones han sido también reflejadas en distintos marcos discursivos como el de “Frankenfood”.

En paralelo a estas preocupaciones, surge una creciente atención sobre los impactos ambientales de los sistemas alimentarios actuales: la ganadería representa aproximadamente el 14,5 % de las

emisiones globales de gases de efecto invernadero, mientras que los sistemas agroalimentarios en su conjunto alcanzan cerca del 32 %, y, a nivel de producto, la carne de res presenta una de las mayores huellas de carbono, con valores estimados entre 20 y 60 kg de CO₂ por kilogramo, superiores a los de las proteínas de origen vegetal. Por ello, el auge de alimentos vegetales, carne cultivada y sistemas cerrados de producción ha sido interpretado como parte de un conjunto de estrategias orientadas a responder a los desafíos de sostenibilidad y seguridad alimentaria (Ibrahim, 2025).

En este contexto, la discusión sobre los OGM puede situarse como parte de un proceso más amplio de transformación de los sistemas alimentarios. La pregunta ya no es solo si un cultivo modificado es seguro, sino si el modelo alimentario actual es sostenible ecológica, social y económicamente (Galanakis, 2024). Mientras el término “Frankenfood” ha movilizado temores, los desafíos actuales, como el colapso ambiental, la crisis alimentaria global y la pérdida de suelo y agua, exigen soluciones innovadoras que integren ciencia y justicia social. En este escenario, Donner et al. (2024) advierten que es fundamental construir una gobernanza participativa, ética y transparente que involucre a la ciudadanía en las decisiones sobre el futuro alimentario del planeta.

2.6.2. Ciencia vs. percepción pública

Desde una perspectiva meramente técnica, a lo largo de la historia de la agricultura, la humanidad ha recurrido a la crianza genética y la selección artificial para obtener animales y plantas con mejores características productivas. Mucho antes de la biotecnología moderna, los agricultores seleccionaban cerdos y vacas más robustos o eliminaban las malezas para favorecer la producción de maíz (Das et al., 2022). Aunque estos métodos se perciben como “naturales”, también implicaban una forma de modificación genética: las plantas y animales con los rasgos más útiles para los seres humanos eran los que se permitían reproducirse, mientras que otros se descartaban. En otras palabras, se iba filtrando el ADN generación tras generación, conservando solo las variantes más convenientes para la agricultura.

Las tecnologías modernas de ADN no inventan la modificación genética: la aceleran y la hacen más precisa, replicando mecanismos que ya existen en la naturaleza. Un ejemplo de esto es el uso de las enzimas de restricción, que cortan secuencias específicas de ADN sin importar su origen, sea humano, vegetal o bacteriano, y que existen en la naturaleza. Esto permite tomar fragmentos de ADN de distintos organismos, cortarlos en lugares precisos y luego unirlos, independientemente de su fuente original, tal como ocurre en procesos biológicos naturales (Anton et al., 2025). Otro ejemplo claro es el de *Agrobacterium tumefaciens*, que transfiere parte de su ADN a las plantas, insertándolo en su genoma y generando tumores (Goralogía et al., 2025). En otras palabras, la transferencia de ADN entre especies, lo que suele considerarse artificial o “antinatural”, ya ocurría en la vida silvestre mucho antes de la biotecnología.

Además, los cambios en el ADN no son exclusivos de la ingeniería genética: ocurren de manera espontánea en todos los organismos. Cada vez que una célula se divide, su ADN debe copiarse, y en ese proceso pueden aparecer mutaciones naturales. En el cuerpo humano, millones de células se dividen cada segundo y, aunque la mayoría de los errores se corrigen, una parte mínima permanece y se acumula en el tiempo. Lo mismo sucede en

plantas, hongos, bacterias y animales: estas mutaciones generan variación genética y son el motor de la selección natural y de la evolución, incluso en escalas cortas de tiempo (Schreiber et al., 2025).

Otro aspecto importante para considerar es el acelerado crecimiento poblacional. Actualmente somos más de 8 mil millones de personas y, para 2050, la población mundial podría superar los 9 mil millones, lo cual incrementará la demanda de alimentos, agua y tierra cultivable. Ante este escenario, no basta con producir más: es necesario producir de manera más eficiente y en condiciones adversas. Por ello, se han desarrollado cultivos capaces de crecer en suelos salinos, con temperaturas extremas o escasez hídrica, garantizando la producción agrícola en regiones afectadas por el cambio climático. La ingeniería genética es una herramienta importante en este proceso, ya que permite incorporar rasgos de tolerancia que no surgirían de forma espontánea o tardarían décadas en obtenerse mediante mejoramiento convencional. A pesar de que la agricultura ha incrementado su eficiencia en las últimas décadas, estos avances ya no bastan para sostener los niveles actuales de consumo. De hecho, reportes recientes indican que mantener el patrón alimentario vigente implicaría una expansión significativa del uso de suelo agrícola, presionando los límites de la tierra disponible y los ecosistemas naturales, lo que resulta insostenible en un planeta con recursos finitos (Tang, 2025).

Sin embargo, existe un argumento importante en sentido contrario: el hambre mundial no se debe únicamente a la falta de producción, sino también a la desigual distribución de los alimentos. Según la FAO, cada año se producen suficientes calorías para alimentar a toda la población global, pero cerca de un tercio de los alimentos se pierde o desperdicia antes de llegar al consumidor, mientras que millones de personas carecen de acceso estable y asequible a alimentos nutritivos. Desde esta perspectiva, el problema no es únicamente tecnológico, sino social, económico y político. Incluso las mejores semillas, cultivos resistentes o incrementos de rendimiento pierden eficacia si los alimentos no llegan a quienes los necesitan.

Por otro lado, una preocupación importante, que va más allá del enfoque meramente técnico, es sobre

quién controla la tecnología. Diversas investigaciones han documentado críticas legítimas hacia corporaciones que combinan ingeniería genética con estrategias comerciales que pueden profundizar las desigualdades en el acceso a semillas, patentes y beneficios asociados, especialmente en comunidades rurales y países en desarrollo (Clapp et al., 2023). La misma herramienta que puede empoderar a pequeños agricultores, reducir pesticidas o mejorar nutrición puede también reforzar modelos económicos excluyentes si se encuentra en manos de actores con poder desproporcionado.

En el debate actual sobre cómo alimentar a una población en crecimiento, suelen identificarse dos posturas principales: por un lado, los sistemas agroindustriales basados en cultivo intensivo⁴⁴; por otro, los enfoques agroecológicos y orgánicos, que promueven sistemas diversificados y de bajo impacto ambiental, como la rotación de cultivos⁴⁵, el uso de abonos naturales⁴⁶ y la conservación de la biodiversidad. Sin embargo, ninguno de estos modelos, por sí solo, parece suficiente para sostener la demanda futura, especialmente frente al cambio climático, la escasez de recursos y la degradación de los suelos (Clapp et al., 2023).

A partir de esta tensión surgen dos modelos adicionales. El tercero corresponde a los alimentos genéticamente modificados, una alternativa ampliamente investigada que busca desarrollar cultivos más resistentes, más nutritivos o eficientes en el uso de recursos. El cuarto modelo está representado por los alimentos producidos en laboratorio o “alimentos sintéticos”, una tecnología emergente que aún genera menos controversia que los OGM, pero que de igual manera deberá superar evaluaciones de seguridad, controles regulatorios y protocolos sanitarios antes de su adopción masiva. Entre sus ejemplos más conocidos se encuentra la carne cultivada, producida sin necesidad de criar ni sacrificar animales (Post, 2012).

Aunque este último modelo aún se encuentra en fase de expansión, introduce nuevas preguntas: si la producción industrial de carne cultivada llegara a sustituir a la ganadería tradicional, las especies domesticadas durante miles de años podrían reducirse drásticamente, quedando limitadas a usos como la conservación genética, la producción artesanal o el turismo rural.

Al considerar estas cuatro vías: agroindustria convencional, agricultura orgánica, alimentos provenientes de fuentes genéticamente modificadas y alimentos cultivados en laboratorio; resulta evidente que ninguna ofrece por sí sola una solución completa. La agroindustria asegura altos volúmenes de producción, pero con costos ambientales importantes; la agricultura orgánica preserva el entorno, pero no siempre alcanza la demanda global; y las alternativas tecnológicas prometen mayor eficiencia, aunque plantean desafíos regulatorios, éticos y culturales sobre cómo definimos lo que es un alimento.

2.7. Preguntas de discusión y temas para ampliar

Preguntas de discusión

1. ¿Qué diferencias se observan entre la evidencia científica y las narrativas mediáticas en los casos presentados?
2. ¿Por qué ciertos términos (como “contaminación genética” o “Frankenfoods”) tienen un impacto significativo en la percepción pública?
3. ¿En qué medida los riesgos percibidos coinciden o divergen de los riesgos evaluados científicamente?
4. ¿Conoces otro caso, distinto a los descritos, en el que existan argumentos y contraargumentos similares?

⁴⁴**Cultivo intensivo:** Sistema agrícola basado en alta densidad de siembra y uso de insumos para maximizar rendimiento.

⁴⁵**Rotación de cultivos:** Alternancia planificada de diferentes cultivos en una misma parcela para conservar la fertilidad del suelo.

⁴⁶**Abono natural:** Sustancia orgánica utilizada para mejorar la fertilidad del suelo sin recurrir a productos sintéticos.

Temas para ampliar

- 1.** Teoría de la percepción del riesgo (*Risk Perception Theory*) (factores cognitivos, culturales y emocionales que influyen en la evaluación social del riesgo, y su diferencia con el riesgo técnico)
- 2.** Construcción social de la tecnología (SCOT) (cómo los significados, usos y controversias tecnológicas se configuran a partir de interacciones sociales, actores y contextos culturales)
- 3.** Estrategias de comunicación científica en contextos controversiales (enfoques para comunicar incertidumbre, riesgo y evidencia, y reducir la brecha entre conocimiento científico y percepción pública)

2.8. Referencias

1. Acción por la Biodiversidad. (2022). Trigo HB4: nuevo transgénico, nuevo veneno. GRAIN. <https://grain.org/es/article/6886-trigo-hb4-nuevo-transgenico-nuevo-veneno>
2. Acción por la Biodiversidad. (2020). Atlas del agronegocio transgénico en el Cono Sur: Monocultivos, resistencias y propuestas de los pueblos. Semillas. https://semillas.org.co/apc-aa-files/8b03e104b93235bb-29d54dee0d3af830/atlas-del-agronegocio-transge-nico-en-el-cono-sur-hoja-simple-2_1.pdf
3. Acuña, J. C. (2021). El trigo HB4 y los cuestionamientos a la agrobiotecnología. *Gerencia Ambiental*, 280.
4. Agboola, O. E., Agboola, S. S., Odeghe, O. B., Olaiya, O. E., Ayinla, Z. A., Akinsanya, P. O., ... & Oyinloye, B. E. (2025, August). Computational genome engineering through AI-CRISPR-precision medicine integration in modern therapeutics. In *Annales Pharmaceutiques Françaises*. Elsevier Masson.
5. Agencia de Noticias Tierra Viva. (2025). "El gran fracaso de la tecnología HB4": pedido internacional para suspender el trigo transgénico. Agencia Tierra Viva. <https://agenciaterraviva.com.ar/el-gran-fracaso-de-la-tecnologia-hb4-pedido-internacional-para-suspender-el-trigo-transgenico/>
6. Altieri, M. A., & Nicholls, C. I. (2024). Agroecología y diversidad genética en la agricultura campesina. *LEISA Revista de Agroecología*, 35(2), 12-18.
7. Altieri, M. A., & Rosset, P. (2002). Ten reasons why biotechnology will not ensure food security, protect the environment and reduce poverty in the developing world. *Ethical Issues in Biotechnology*, 175-182.
8. Altinay, Z. (2025). Perceptions of science and boundary crossing in human gene editing acceptance. *Ethics, Medicine and Public Health*, 33, 101141.
9. Álvarez-Buylla, E., Piñeyro Nelson, A., & Carrillo Trueba, C. (2013). El maíz en peligro ante los transgénicos: un análisis integral sobre el caso de México. SIDALC.
10. Amponsah RK, Hui X, Antwi S, Gbolonyo PK, Ameyaw MA, Bentum-Micah G and Adjei EO (2024) Understanding the societal dilemma of genetically modified food consumption: a stimulus-organism-response investigation. *Frontiers in Sustainable Food Systems*. 8:1364052.
11. Angulo, E. (2018). El síndrome de Frankenstein (o de Frankenfood). Cuaderno de Cultura Científica. <https://culturacientifica.com/2018/02/04/sindrome-frankenstein-frankenfood/>
12. Anton, B. P., Blumenthal, R., Eaglesham, J. B., Mruk, I., Roberts, R. J., Xu, S. Y., ... & Raleigh, E. A. (2025). Biology of host-dependent restriction-modification in prokaryotes. *EcoSal Plus*, 13(1), eesp-0014.
13. Bellon, M. R., & Brush, S. B. (1994). Keepers of maize in Chiapas, Mexico. *Economic Botany*, 48(2), 196-209.
14. Binimelis, R. (2008). Coexistence of plants and coexistence of farmers: is an individual choice possible?. *Journal of Agricultural and Environmental Ethics*, 21(5), 437-457.
15. Brookes, G., & Barfoot, P. (2020). Environmental impacts of genetically modified (GM) crop use 1996–2018: impacts on pesticide use and carbon emissions. *GM Crops & Food*, 11(4), 215-241.

16. Brown, P. (2002). Mexico's vital gene reservoir polluted by modified maize. *The Guardian*. <https://www.theguardian.com/environment/2002/apr/19/food.internationaleducationnews>
17. Bund, K., Schaap, F., & Rohwetter, M. (2016). "Frankenfood": ¿La comida del futuro? *Nueva Sociedad*, (262), 120–132. <https://nuso.org/articulo/frankenfood-la-comida-del-futuro/>
18. Cambizaca Lucero, J. L., & Capón Sánchez, P. C. (2025). *Prevalencia del déficit de vitamina A en niños de Latinoamérica menores de 5 años: Una revisión bibliográfica* [Tesis de pregrado, Universidad de Cuenca]. <https://dspace.ucuenca.edu.ec/handle/123456789/47205>
19. Castellini, G., Romanò, S., Merlino, V. M., Barbera, F., Costamagna, C., Brun, F., & Graffigna, G. (2025). Determinants of consumer and farmer acceptance of new production technologies: A systematic review. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 9, 1557974.
20. De Filippo, M., & González-Albo, B. (2025). La influencia mediática de las publicaciones en Humanidades y Ciencias Sociales. *Revista Española de Documentación Científica*, 48(1), e301.
21. Carrero-Ramírez, A. S., Carrillo-Menjura, L. J., & Sánchez-Leal, L. C. (2022). Impacto del maíz transgénico sobre las comunidades microbianas del suelo y plantas: Una revisión sistemática. *Revista de Investigaciones Universidad del Quindío*, 34(1), 192-201.
22. Castillo, M. (2022). [Imagen]. De maíces criollos en Chiapas y la agricultura como lo cotidiano. Fundación Tortilla. https://fundaciontortilla.org/Cultura/maices_criollos_de_chiapas_y_la_agricultura_como_lo_cotidiano
23. Chassang, I., Rohmer, O., & Chauvin, B. (2025). Cultural values, risk characteristics, and risk perceptions of controversial issues: How does cultural theory work? *Risk Analysis*, 45, 682–700.
24. ChileBIO. (2022). Alimentos editados genéticamente son más aceptados entre millennials y generación Z en Estados Unidos. <https://chilebio.cl/2022/07/01/alimentos-editados-geneticamente-son-mas-aceptados-entre-millennials-y-generacion-z-en-estados-unidos/>
25. Clapp, J. (2023). Concentration and crises: exploring the deep roots of vulnerability in the global industrial food system. *The Journal of Peasant Studies*, 50(1), 1-25.
26. Clark, L. (2013). Filipino farmers destroy GM crops designed to alleviate malnutrition. *WIRED*. <https://www.wired.com/story/gm-crop-vandalism-philippines/>
27. Das, D. N., Paul, D., & Mondal, S. (2022). *Role of biotechnology on animal breeding and genetic improvement*. In *Emerging issues in climate smart livestock production* (pp. 317-337). Academic Press.
28. Donner, M., Mamès, M., & de Vries, H. (2024). Towards sustainable food systems: a review of governance models and an innovative conceptual framework. *Discover Sustainability*, 5(1), 414.
29. Donois, K. K., Goodings, L., Finlay, M., & Gibson, N. (2025). Contested science communication: Representations of scientists and their *science in newspaper articles and the associated comment sections*. *Public Understanding of Science*, 34(6), 810-828.
30. Dubock, A. (2025). Nutrition, rice, and public health: perspectives on ameliorating vitamin A and other micronutrient deficiencies in low-and middle-income Countries, with Golden Rice as an example. *Nutrition Today*, 60(5), 200-209.
- Enserink, M. (2008). Tough lessons from golden rice. *Science*, 320(5875), 468–471.

31. Espinosa, C. A., & Turrent, F. A. (2013). Transgénicos y contaminación del maíz nativo. La Jornada. <https://www.jornada.com.mx/2013/02/11/opinion/024a2pol>
32. Ferreira, S. A., Pitz, K. Y., Manshardt, R., Zee, F., Fitch, M., & Gonsalves, D. (2002). Virus Coat Protein Transgenic Papaya Provides Practical Control of Papaya ringspot virus in Hawaii. *Plant Disease*, 86(2), 101–105.
33. Flores López, M. D. L., Solís López, M. K., & Sandoval, Y. M. (2025). Resistencias sociales y alimentarias, y el movimiento agroecológico en la transformación del paisaje alimentario. *Economía, Sociedad y Territorio*, 25.
34. Florio, L., & Alonso, S. (2025). Los organismos genéticamente modificados dentro del paradigma tecnocrático. Un discernimiento ético y teológico. *Veritas*, (60), 37-79.
35. Fontoura, Y., Krieger, M. G. M., Naves, F., & Peci, A. (2025). Bridging Hegemony and Decolonial Epistemology: The Consolidation of GMO in Brazil. *Journal of Business Ethics*, 202(2), 263-281.
36. Fox News (2014). Hawaii's genetically modified papayas attacked. <https://www.foxnews.com/us/hawaiis-genetically-modified-papayas-attacked>
37. Frank, F. (2021). El pan en manos de las corporaciones [Informe 1]. Amenazas a la soberanía alimentaria en Argentina. Acción por la Biodiversidad. <https://www.biodiversidadla.org/Amenazas/TRIGO-TRANSGENICO-HB4-EN-ARGENTINA/Informe-1-El-pan-en-manos-de-las-corporaciones>
38. Galanakis, C. M. (2024). The future of food. *Foods*, 13(4), 506.
39. Gantt, K., & Berry, D. (2023). Where's the yolk—did you just call that mayonnaise?. *The CASE Journal*, 19(4), 509-519.
40. García, M., & López, R. (2025). Opinión de especialistas frente a la liberación de cultivos transgénicos en México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 16(3), 301-315.
41. Gassmann, A. J. (2021). Resistance to Bt maize by western corn rootworm: effects of pest biology, the pest–crop interaction and the agricultural landscape on resistance. *Insects*, 12(2), 136.
42. Golden Rice Project. (2025). Regulatory status. https://www.goldenrice.org/Content2-How/how4_regul.php
43. González, F. G., Capella, M., Ribichich, K. F., Curín, F., Giacomelli, J. I., Ayala, F., ... & Chan, R. L. (2019). Field-grown transgenic wheat expressing the sunflower gene HaHB4 significantly outyields the wild type. *Journal of Experimental Botany*, 70(5), 1669-1681.
44. Goraloglia, G. S., Willig, C., & Strauss, S. H. (2025). Engineering Agrobacterium for improved plant transformation. *The Plant Journal*, 121(5), e70015.
45. GRAIN Network (2018). Don't get fooled again: Unmasking two decades of lies about Golden Rice. <https://grain.org/en/article/6067-don-t-get-fooled-again-unmasking-two-decades-of-lies-about-golden-rice>
46. Green, M. R., & Sambrook, J. (2019). Inverse polymerase chain reaction (PCR). *Cold Spring Harbor Protocols*, 2019(2).
47. Gupta, P. K. (2024). Drought-tolerant transgenic wheat HB4®: a hope for the future. *Trends in Biotechnology*, 42(7), 807-809.

48. Hernández-Juárez, A., Aguirre, L. A., Cerna, E., Flores, M., Frías, G. A., Landeros, J., & Ochoa, Y. M. (2019). Abundance of non-target predators in genetically modified corn. *Florida Entomologist*, 102(1), 96-100.
49. Ibrahim, H. S. S. (2025). Alternative proteins for food security and sustainability: A mini review. *Journal of Food Agrobiotechnology*, 26 (2).
50. International Rice Research Institute. (s. f.). *Golden Rice project: Status and development*. <https://www.irri.org/golden-rice>
51. Ivickas, M. (2023). *Factores culturales, económicos y tecnológicos que influyen en la adopción de agricultura de precisión* [Tesis de maestría, Universidad del CEMA]. <https://ucema.edu.ar/sites/default/files/2024-10/Ivickas,%20Maximiliano%20-%20MAG%20-%202023.pdf>
52. Jang, J., & Lee, D. W. (2024). Advancements in plant based meat analogs enhancing sensory and nutritional attributes. *Science of Food*, 8(1), 50.
53. Kaplinsky N, Braun B, Lisch D et al. (2002) Maize transgene results in Mexico are artefacts. *Nature*, 416, 600–601.
54. Kato-Nitta, N., Tachikawa, M., Inagaki, Y. y Maeda, T. (2022). Percepción pública de los riesgos y beneficios de los cultivos alimentarios modificados genéticamente: Un estudio comparativo internacional entre EE. UU., Japón y Alemania. *Ciencia, Tecnología y Valores Humanos* , 48 (6), 1360-1392.
55. Koul, B., Pudhuvai, B., Bhanot, M., & Tiwari, S. (2024). *Updates on Global Status of Transgenic and Genome-Edited Crops*. In *Genetic Engineering of Crop Plants for Food and Health Security: Volume 2* (pp. 469-510). Singapore: Springer Nature Singapore.
56. Kuiken, T. & Kuzma, J. (2023). *Evaluación del marco regulatorio e institucional para la edición génica agrícola mediante tecnologías basadas en CRISPR en América Latina y el Caribe* (pp. 12-34). GES Center, Univ. Estatal de Carolina del Norte.
57. Lassoued, R., Phillips, P. W., Macall, D. M., Hesselin, H., & Smyth, S. J. (2021). Expert opinions on the regulation of plant genome editing. *Plant Biotechnology Journal*, 19(6), 1104-1109.
58. Lin, H. T., Yen, G. C., Huang, T. T., Chan, L. F., Cheng, Y. H., Wu, J. H., Yeh, S. D., Wang, S. Y., & Liao, J. W. (2013). Toxicity assessment of transgenic papaya ringspot virus of 823-2210 line papaya fruits. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 61(7), 1585–1596.
59. Louette, D., & Smale, M. (2000). Farmers' seed selection practices and traditional maize varieties in Cuizalapa, Mexico. *Euphytica*, 113(1), 25-41.
60. Louette, D., Charrier, A., & Berthaud, J. (1997). In situ conservation of maize in Mexico: genetic diversity and maize seed management in a traditional community. *Economic Botany*, 51(1), 20-38.
61. Ma, X., Wang, B., Li, Z., Ding, X., Wen, Y., Shan, W., ... & Xia, Y. (2022). Effects of glufosinate-ammonium on male reproductive health: focus on epigenome and transcriptome in mouse sperm. *Chemosphere*, 287, 132395.
62. Marčanová, M., & Klenková, D. (2022). *Social acceptance of genetically modified products*. En *International Conference Circular Economy: Opportunities and Challenges* (pp. 32–36).

63. Marden, E., Kulkarni, D., McMahon, E. M., Rowand, M. S., & Verzijden, K. (2023). Regulatory frameworks applicable to food products of genome editing and synthetic biology in the United States, Canada, and the European Union. In *Genomics and the Global Bioeconomy* (pp. 255-285). Academic Press.
64. Masterson, K. (2016). [Imagen]. GMO, GE, Bioengineered... What do all these food labels mean? Vermont Public. <https://www.vermontpublic.org/vpr-news/2016-07-06/gmo-ge-bioengineered-what-do-all-these-food-labels-mean>
65. Méndez-Barreto, K., Macancela-Herrera, A., & Escalona-Aguilar, M. (2025). *Funcionalidad de bancos comunitarios de semillas: Estudio de caso APA Azuay*. Investigación Agraria, e2701801.
66. Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca de la República Argentina. (2022). Resolución 27/2022: Documento de Decisión sobre trigo genéticamente modificado IND-ØØ412-7. Boletín Oficial de la República Argentina. <https://www.boletinoficial.gob.ar/detalleAviso/primera/262355/20220512>
67. Moretti, L., & Palavecino, C. (2020). Trigo transgénico. Ciencia y deuda ambiental. *Revista Lanzallamas*. <https://revistalanzallamas.com.ar/trigo-transgenico-ciencia-y-deuda-ambiental/>
68. Murphy, D. P., Kolesnikov, A. V., Montana, C. L., Khaja, Z. M., Liu, Y., Kefalov, V. J., & Corbo, J. C. (2025). Mechanisms of photoreceptor protection upon targeting the Nr1-Nr2e3 pathway. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 122(21), e2500446122
69. Nicholson, C. F., Eaton, M., Gómez, M. I., & Mattson, N. S. (2023). Economic and environmental performance of controlled-environment supply chains for leaf lettuce. *European Review of Agricultural Economics*, 50(4), 1547-1582.
70. Paarlberg R. (2014). A dubious success: the NGO campaign against GMOs. *GM Crops & Food*, 5(3), 223-228.
71. Piñeyro-Nelson, A., Van Heerwaarden, J., Perales, H. R., Serratos-Hernández, J. A., Rangel, A., Hufford, M. B., ... & Álvarez-Buylla, E. R. (2009). Transgenes in Mexican maize: molecular evidence and methodological considerations for GMO detection in landrace populations. *Molecular Ecology*, 18(4), 750-761.
72. Post, M. J. (2012). Cultured meat from stem cells: Challenges and prospects. *Meat science*, 92(3), 297-301.
73. Premchand, U., Mesta, R. K., Basavarajappa, M. P., Venkataravanappa, V., Reddy, L. C. N., & Shankarappa, K. S. (2025). Epidemiological studies on papaya ringspot virus incidence and management. *Scientific Reports*, 15, 6973.
74. Quist, D., & Chapela, I. H. (2001). Transgenic DNA introgressed into traditional maize landraces in Oaxaca, Mexico. *Nature*, 414(6863), 541-543.
75. Romeis, J., McLean, M. A., & Shelton, A. M. (2013). When bad science makes good headlines: Bt maize and regulatory bans. *Nature Biotechnology*, 31(5), 386-387.
76. Ryan, C. D., Henggeler, E., Gilbert, S., Schaul, A. J., & Swarthout, J. T. (2024). Exploring the GMO narrative through labeling: strategies, products, and politics. *GM Crops & Food*, 15(1), 51-66.

77. Schraiber, J. G., Spence, J. P., & Edge, M. D. (2025). Estimation of demography and mutation rates from one million haploid genomes. *The American Journal of Human Genetics*, 112(9), 2152-2166.
78. Schuster, I., Rodrigues, R. A. D. O., & Linares, E. (2022). Genetically modified corn in Brazil: Historical, results and perspectives. *International Journal of Maize & Sorghum*, 21.
79. Seo, J. S., Song, M., Choi, H. S., Oh, N., Lee, J., Cho, Y. I., ... & Jung, C. (2025). Application of the OsRPS5 promoter for CRISPR/Cas9-mediated genome editing in rice. *Applied Biological Chemistry*, 68(1), 69.
80. Serrano, E. R., Barquín, H. S., Barquín, C. S., & Delgado, M. P. Z. (2022). El maíz, vínculo de identidad, sacralidad y cosmogonía mexicana desde el género. *La Colmena: Revista de la Universidad Autónoma del Estado de México*, (113), 61-76.
81. Singini, T., & Xu, W. (2025). Everyday practices in seed sovereignty. *Journal of Nonprofit Innovation*, 5(4), 6.
82. Smyth, S. J., Falck-Zepeda, J., & Gray, R. (2025). One risk assessment for genetically modified plants. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 13.
83. Sokra, I. (2026). CRISPR–Cas9 Applications in plant science: Advances, challenges, and future perspectives. *Journal of Agriculture and Technology*, 2(1), 129-139
84. Storer, N. P., Babcock, J. M., Schlenz, M., Meade, T., Thompson, G. D., Bing, J. W., & Huckaba, R. M. (2010). Discovery and characterization of field resistance to Bt maize: *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in Puerto Rico. *Journal of Economic Entomology*, 103(4), 1031-1038.
85. Suárez, V. (2025). México se consolida en la lucha contra el cultivo de maíz transgénico. Presidencia de la República. <https://www.gob.mx/pa/articulos/mexico-se-consolida-en-la-lucha-contra-el-cultivo-de-maiz-transgenico-victor-suarez-carrera?idiom=es>
86. Supriya, P., Sharma, T., Bollineni, S. L. N., Kumar, G., Sumathi, P., Balakrishnan, M., & Rao, C. S. (2025). Computational tools for CRISPR Off-target detection: An overview. *Indian Journal of Biochemistry and Biophysics (IJBB)*, 62(10), 1047-1055.
87. Tang, G., Qin, J., Dolnikowski, G. G., Russell, R. M., & Grusak, M. A. (2009). Golden Rice is an effective source of vitamin A. *The American Journal of Clinical Nutrition*, 89(6), 1776-1783.
88. Tang, C. S. (2025). Combating the global food crisis with agricultural technologies: Potential research opportunities. *IEEE Transactions on Engineering Management*, 7.
89. Tripathi, S., Suzuki, J. Y., Carr, J. B., McQuate, G. T., Ferreira, S. A., Manshardt, R. M., ... & Gonsalves, D. (2011). Nutritional composition of Rainbow papaya, the first commercialized transgenic fruit crop. *Journal of Food Composition and Analysis*, 24(2), 140-147.
90. Tuncel, A., Pan, C., Clem, J. S., Liu, D., & Qi, Y. (2025). CRISPR–Cas applications in agriculture and plant research. *Nature reviews Molecular cell biology*, 26(6), 419-441.
91. Trueba, C. C. (2009). El origen del maíz. Naturaleza y cultura en Mesoamérica. *Ciencias*, (092).
92. Ullian, J. (2007). Frankenfood: Monstrous or misunderstood? BU Today. Boston University. <https://www.bu.edu/articles/2007/frankenfood-monstrous-or-misunderstood/>

93. Vértiz, P., & Seoane, J. (2024). Agricultura industrial vs agroecología: ¿cuál es el futuro del agro en la región? *Cuaderno de Investigación Socioambiental*, 8, 1-25.

94. Young, J., Zastrow-Hayes, G., Deschamps, S., Svitashv, S., Zaremba, M., Acharya, A., Paulraj, S., Peterson-Burch, B., Schwartz, C., Djukanovic, V., Lenderts, B., Feigenbutz, L., Wang, L., Alarcon, C., Siksny, V., May, G., Chilcoat, N. D., & Kumar, S. (2019). CRISPR-Cas9 Editing in Maize: Systematic Evaluation of Off-target Activity and Its Relevance in Crop Improvement. *Scientific Reports*, 9(1), 6729.

Nota: Algunas figuras de este capítulo fueron creadas con BioRender.com, MapChart.net y/o sistemas de inteligencia artificial generativa.

Tensiones socioculturales y políticas en torno al uso de la ingeniería genética en plantas

Cadena-Nogales Pedro D1 y Sánchez-Moreano Jessica^{1,2}*

¹Universidad Regional Amazónica Ikiám. Vía Muyuna - Alto Tena, km 7, Tena, Napo, Ecuador.

Correo: pedro.cadena@ikiam.edu.ec

ORCID: 0000-0002-9726-8972

²Universidad Técnica de Ambato. Vía a Cevallos- Querochaca Tungurahua, Ecuador.

Correo: jp.sanchez@uta.edu.ec, jessica.sanchez1@ikiam.edu.ec

ORCID: 0000-0003-0035-6165

En el primer capítulo de esta obra, desglosamos el andamiaje técnico de la ingeniería genética vegetal: el "qué" y el "cómo" científico. En el segundo, exploramos el "dónde" y el "cuándo", analizando casos de estudio que han definido el debate público, desde el maíz nativo en México hasta el trigo HB4 en Argentina. En conjunto, estos dos primeros capítulos construyen una base que articula la explicación científica con sus representaciones sociales. Este capítulo final aborda la pregunta más compleja: el "por qué", marcando un desplazamiento deliberado hacia un análisis más crítico de la biotecnología vegetal y sus implicaciones.

Es necesario entender que la discusión sobre alimentos producidos con ingeniería genética trasciende la parte meramente técnica; a nivel científico se ha desarrollado el qué y el cómo se producen estos alimentos. A pesar de tener también información sobre el *dónde* y *cuándo*, al analizar los hechos y casos presentados en diversas naciones, persiste una dimensión menos explorada: la de los marcos

de sentido, intereses y decisiones que orientan su desarrollo y adopción. No obstante, no se ha dado respuesta aún a una pregunta más compleja, no se ha detallado el motivo ni el *por qué* se promueve el desarrollo de productos vegetales elaborados con ingeniería genética.

Aunque se ha observado que estas innovaciones han resultado ser beneficiosas para sectores industriales, alimenticios y por ende nutricionales, estos alimentos enfrentan una desconfianza social muy arraigada. En este punto, la evidencia técnico-científica, aunque robusta, no resulta suficiente para explicar ni resolver las controversias públicas. Esto puede deberse a la compleja interacción que tiene la cultura, economía, el poder y la confianza-opinión pública, lo que evidencia que el debate no se sitúa únicamente en el terreno del conocimiento científico, sino en un entramado sociocultural más amplio, más que al conocimiento o rechazo a la técnica en sí.

3.1. La anatomía de la percepción pública, más allá de la "alfabetización"

Durante décadas, la comunidad científica abordó los temas de debate público bajo el *modelo de déficit*, la idea de que la resistencia o el rechazo público se deben simplemente a una falta de conocimiento técnico o científico en particular; asumiendo que, si se educa o alfabetiza sobre la temática en cuestión a la población se lograría mayor aceptación (Wynne, 1991); esta estrategia ha funcionado para aumentar la comprensión, aceptación y adopción de un tema en específico. Así fue como se logró la aceptación masiva de los programas de vacunación infantil, teniendo como resultado la erradicación de la viruela y la casi erradicación de la poliomielitis en el siglo XX. Del mismo modo, gracias a la difusión de conocimientos de microbiología a finales del siglo XIX y principios del XX se completó la implementación de la higiene moderna, lavado de manos con antisépticos, tanto en personal médico como en la población en general (Park, 2002). Desde la perspectiva de producción agrícola, se consiguió que los agricultores comprendan que una optimización del riego y el uso de fertilizantes puede contribuir a incrementar sus beneficios económicos (FAO, 2011).

Sin embargo, investigaciones en el ámbito social demuestran que la percepción pública sobre la biotecnología no es una ecuación racional, sino un complejo entramado de factores contextuales, en donde los valores culturales, las creencias éticas y la confianza institucional son factores determinantes más que el conocimiento técnico en sí (Trump et al., 2023). Al indagar sobre la percepción de los alimentos genéticamente modificados, se presentan aristas muy complejas, por ejemplo, en Venezuela se encontró que el *público general* tiene una percepción significativamente más negativa y confusa que los actores sociales, exponiendo que la biotecnología en sí tiene una connotación positiva, mientras que el término transgénico evoca un rechazo inmediato (Pereira de Abreu et al., 2006). Este resultado es similar al obtenido en otras regiones, denotando que la población no se cuestiona sobre la seguridad

de la técnica o del producto, sino más bien, en qué tan confiable es el ente que sugiere que la técnica o producto es seguro. Se resalta que la opinión pública rechaza la biotecnología corporativa, ya que se percibe la priorización de ganancias económicas sobre el bienestar público; al tener de por medio un conflicto de intereses y que el resultado de la práctica no representa un beneficio inmediato, arraiga más la idea de que la adopción de esta tecnología presenta más riesgos sistémicos e irreversibles antes que un beneficio colectivo; por lo tanto se deberían usar estrategias integrales y complejas que la educación y dominio del conocimiento para invertir esta concepción (Lindberg et al., 2023).

3.2. El nudo de la controversia, tensiones socioculturales y políticas

Gran parte del territorio latinoamericano abarca una gran cantidad de biodiversidad; sumado a todos los eventos sociales, económicos y culturales que han marcado su desarrollo propiciando un ambiente particularmente intenso al momento de debatir sobre ingeniería genética. De manera general, la tensión sobre esta temática sobresale en los ejes de soberanía alimentaria y economía de exportación (Napolitano et al., 2024).

En torno a la soberanía alimentaria se tiene que países como México, centro de origen del maíz, o Ecuador y Perú cuna de la papa, los cultivos nativos no son sólo un recurso genético, son un pilar de identidad cultural y patrimonio biocultural (Caballero Salinas et al., 2025). Bajo esta premisa, la introducción de organismos genéticamente modificados (OGM), con sus regímenes de patentes y propiedad intelectual, no se percibe como una innovación, sino como una amenaza a la soberanía alimentaria y a las prácticas agrícolas tradicionales; dando paso a la denominada bio-hegemonía¹, modelo donde la tecnología y la legislación refuerzan un sistema de agronegocio dependiente.

En el ámbito económico, este territorio presenta diferencias profundas; por una parte, Brasil y Argenti-

¹**Bio-hegemonía:** concebida como la imposición de un orden o control sobre la vida misma por parte de grupos dominantes.

na se sitúan como potencias agrícolas, quienes han adoptado la biotecnología como un motor económico clave para sus exportaciones de *commodities*, como la soya y el maíz, desarrollando marcos regulatorios ágiles, diseñados para facilitar la innovación y la adopción comercial en contraste con naciones como Ecuador, seguido de Perú y, en menor proporción, México (Figura 3.1), quienes han adoptado posturas más restrictivas, incluyendo moratorias o

prohibiciones constitucionales (Rozas et al., 2022). Esta bifurcación no responde a una diferencia en las capacidades técnico-científicas, sino a una diferencia en la política, en donde los primeros hacen una apuesta por el modelo económico de exportación frente a la priorización del principio precautorio y la protección del patrimonio genético adoptado por los segundos.



Figura 3.1. Diferentes enfoques regulatorios en América Latina frente a los organismos genéticamente modificados (OGM). Argentina y Brasil (naranja, modelo permisivo) promueven la biotecnología agrícola para la producción y exportación de *commodities*. Ecuador y Perú (verde, modelo restrictivo) priorizan la protección del patrimonio biocultural. México (morado, modelo abierto) adopta regulaciones diferenciadas según la especie. Las flechas representan flujos globales de comercio, tecnología y debate regulatorio asociados a estos cultivos.

3.3. Gobernanza, ¿quién decide y cómo se regula?

Se define como gobernanza al intento de gestionar las tensiones generadas mediante normativas. Sin embargo, los marcos regulatorios actuales, diseñados en la década de 1990, están siendo desbordados por la nueva ciencia, creando una crisis de legitimidad (Zarate et al., 2023).

Al analizar las normativas vigentes sobre el uso de alimentos producidos con ingeniería genética, resalta la Constitución Ecuatoriana del 2008, considerada como una de las más progresistas del mundo en materia ambiental, al reconocer derechos a la naturaleza (Pachamama) tal como lo indican los Artículos 14 y 71.- *Derechos de la Naturaleza: Reconocen que la naturaleza tiene derecho a que se respete integralmente su existencia y al mantenimiento y regeneración de sus ciclos vitales.* Así mismo la Disposición Transitoria Quinta de la Constitución enuncia que *"Se prohíbe la introducción, cultivo, liberación y comercialización de semillas y cultivos transgénicos. La ley establecerá las excepciones que la autoridad competente autorizará, fundamentada en informes técnicos y científicos y en consulta previa a la comunidad, que la Asamblea Nacional, en el plazo señalado, dictará la Ley de Bioseguridad que regulará esta materia."* (Constitución de la República del Ecuador, 2008).

Ecuador mantiene una postura que prioriza la protección del patrimonio genético y el derecho a la agrobiodiversidad, viendo a los OGM como una potencial amenaza a estos activos y a la autonomía del agricultor sobre sus semillas, con el afán de elevar la autonomía alimentaria y la protección ambiental de un daño grave o irreversible, incluso cuando la certeza científica no es absoluta; hecho reflejado en el Artículo 396 de la Constitución el cual expresa que *en caso de duda sobre el impacto ambiental, se aplicará el principio precautorio*; el Artículo 281

establece que *"La soberanía alimentaria constituye un objetivo estratégico y una obligación del Estado para garantizar que las personas... alcancen la autosuficiencia... Se promoverá la preservación y recuperación de la agrobiodiversidad y de los saberes ancestrales vinculados a ella; así como el uso, la conservación e intercambio libre de semillas."* (Constitución de la República del Ecuador, 2008). Es así como se evita la dependencia de patentes y *commodities* agrícolas controlados por corporaciones transnacionales destacando que su vasta agrobiodiversidad es un activo nacional que debe ser protegido de la posible contaminación genética y preservado para la soberanía alimentaria.

No obstante, para cumplir a cabalidad lo expresado constitucionalmente la falta de una Ley de Bioseguridad clara y la fuerza del mandato constitucional han mantenido una moratoria de facto² a la introducción, cultivo, y liberación de OGM en el país, entendiéndose que mientras esta ley detallada no sea aprobada por la Asamblea Nacional, no hay un marco legal claro para autorizar ninguna excepción.

Si comparamos la realidad ecuatoriana con la de Brasil o Argentina resalta el modelo agrícola-económico de estas naciones, sustentado en la exportación a gran escala apoyada de una rápida adopción tecnológica. Tanto Brasil como Argentina presentan marcos regulatorios ágiles centrados en la evaluación de riesgos caso por caso y la equivalencia, es decir, que centran en la evaluación de la seguridad del producto final, resultando en la rápida aprobación de nuevas variedades de *commodities* para mantener la competitividad global. Gracias a ello, se han establecido como facilitadores estratégicos en la aceptación de OGM tanto para productores como consumidores teniendo una fuerte representación como actores que desarrollan innovaciones biotecnológicas, manteniendo un modelo que busca la eficiencia y la productividad mediante una regulación que facilita la introducción de biotecnología (Lewi et al., 2025).

²**Moratoria de facto:** Suspensión o prohibición de una actividad que no ha sido establecida formalmente por una ley o decreto, sino que existe en la práctica debido a una circunstancia legal, política o administrativa que impide su realización efectiva

La postura adoptada por Brasil y Argentina no dista mucho de la posición de los países norteamericanos, Estados Unidos y Canadá, quienes basan su sistema regulatorio bajo la premisa de si un OGM es sustancialmente equivalente³ a su contraparte convencional debe ser regulado de la misma manera; debido a ello en EE. UU. el etiquetado de OGM careció del carácter obligatorio durante muchos años limitando el consumo informado. Estos países consideran a la ingeniería genética como una herramienta para la innovación, sin tener una regulación diferenciada con el mejoramiento convencional, facilitando la adopción masiva y la exportación de *commodities* (Marden et al., 2023).

Una situación similar manifiesta Australia, que a pesar de adoptar abiertamente el cultivo de algodón modificado opera bajo un marco legal extremadamente riguroso, para evaluar exhaustivamente los riesgos de los alimentos OGM sobre la salud y el medio ambiente (Ghag, 2024), tomando en cuenta criterios científicos y técnicos, resultando en una alta confianza interna, ya que solamente se autoriza su uso si se demuestra la seguridad del producto.

La Unión Europea se posiciona como el principal promotor de la inspección rigurosa bajo el principio precautorio a pesar de no tener una prohibición constitucional explícita como lo tiene Ecuador. Es así como, no se prohíben los OGM, pero el proceso de autorización es extremadamente largo, costoso y políticamente sensible, resultando en una escasa-nula producción comercial de OGM dentro de su territorio. Su modelo regulatorio hace énfasis en la trazabilidad y el etiquetado obligatorio, expresado en el reglamento 1829/2003 y 1830/2003 de los productos que contienen OGM, satisfaciendo la demanda de los consumidores quienes valoran su derecho al consumo informado, y de ser el caso elegir productos libres de ingeniería genética (Marden et al., 2023).

No obstante, este enfoque regulatorio ha comenzado a evolucionar en respuesta al desarrollo de nuevas herramientas de edición génica y al debate sobre si estas deben recibir el mismo tratamiento que los OGM tradicionales. El 17 de junio de 2026, el

Parlamento Europeo dio la aprobación final al nuevo reglamento sobre las Nuevas Técnicas Genómicas (NTG/NGT), estableciendo un marco regulatorio diferenciado para muchas plantas obtenidas mediante edición génica. Las modificaciones consideradas equivalentes a las que podrían obtenerse por mejoramiento convencional quedaron sujetas a requisitos simplificados, mientras que las modificaciones más complejas continúan regulándose de forma similar a los OGM tradicionales. No obstante, la reforma no ha eliminado el debate sobre aspectos como la evaluación de riesgos, el etiquetado, la trazabilidad y la patentabilidad de las variedades obtenidas mediante estas técnicas.

China por su parte, mantiene una política dual, ya que importa masivamente soya y maíz transgénico para alimentación animal, pero es más cautelosa con el cultivo de OGM destinados a consumo humano, tal como es el caso del arroz. Su objetivo es desarrollar su propia innovación biotecnológica evitando en un futuro, depender de patentes extranjeras que limitarían la producción local. Al igual que China, Japón tiene una importación importante de cultivos OGM, aun así el cultivo interno es prácticamente inexistente (Koul et al., 2024). Los alimentos que contienen OGM pasan por un estricto proceso de etiquetado y su aprobación radica en la confianza del consumidor en función de la calidad percibida de los alimentos de producción nacional.

Mediante la Ley Federal de 2016, Rusia prohíbe totalmente el cultivo y crianza de OGM, en su lugar promueve la agricultura limpia y ecológica, defiende fervientemente la independencia alimentaria a través de técnicas de mejoramiento convencional. Su población presenta una posición precavida y escéptica frente a los OGM. El uso de OGM está permitido solamente con fines investigativos (Koul et al., 2024).

Retomando el caso de Ecuador, a pesar de tener una prohibición explícita del cultivo de OGM, presenta una aplicación laxa o inexistente de control de bioseguridad en las importaciones para consumo. Esta situación genera una paradoja de soberanía, donde el país se declara libre de cultivos OGM, pero su industria es dependiente de la importación de

³**Sustancialmente equivalente:** Misma composición nutricional y funcional

estas materias primas. Con este antecedente, en el año 2022 hubo intentos legislativos que buscaban flexibilizar el ingreso de semillas transgénicas, con otros fines que no sean de investigación, medidas que la Corte Constitucional mediante la Sentencia No. 22-17-IN/22 calificó como inconstitucionales (Sentencia No. 22-17-IN/22, 12 ene 2022, Ecuador).

Pero entonces, ¿por qué existe una brecha entre el ideal constitucional y la realidad práctica? Para empezar, es necesario aclarar que el país es deficitario en materias primas de la industria alimentaria animal, principalmente de maíz amarillo duro y soya. Este déficit afecta a sus respectivas cadenas productivas y por ende al costo de vida. Por tal motivo, el Estado ha autorizado cupos de importación masiva provenientes de países como Argentina y Brasil que, como ya se discutió antes, la producción de *commodities* de estos países es fundamentalmente OGM; sumado a la carencia de control de bioseguridad efectivo en la Aduana, quien prioriza el control fitosanitario y no control genético (USDA Foreign Agricultural Service, 2024).

En lo que concierne a los productos que contengan OGM destinados a consumo humano en Ecuador, estos deben ser etiquetados de acuerdo con lo establecido en la norma NTE INEN 1334-1 (INEN, 2016); no obstante, su cumplimiento es criticado por ser parcial o ineficaz, dificultando el derecho a la elección del consumidor; como consecuencia, un producto es consumido sin que la población pueda rastrear fácilmente el origen genético del alimento animal.

El proceder del estado ecuatoriano da paso a que existan vulnerabilidades sistémicas, ya que se tiene el riesgo de contaminación por el ingreso de OGM, que pueden presentar una filtración hacia ecosistemas cercanos ya sean naturales o agrícolas. Este actuar representa un peligro potencial a la agrobiodiversidad que se pretende proteger constitucionalmente. Asimismo, desde un punto de vista político y social, de manera forzada el Estado debe ignorar el espíritu de la Constitución debido a la necesidad de abastecimiento, salvaguardando la seguridad alimentaria del país, pero exponiendo que el modelo

de soberanía alimentaria que se promulga es inviable sin tener una autosuficiencia productiva robusta que evite la dependencia de mercados externos que no provean insumos de la misma naturaleza que se produce internamente. Es necesario el desarrollo de un marco de bioseguridad integral que regule o restrinja el ingreso y consumo de OGM y no se concentre exclusivamente en la prohibición de la producción, este vacío legal puede manifestar un problema de salud pública y ambiental que socava la intención constitucional.

3.4. El desafío de la edición genética

De manera general se puede decir que la biotecnología alimentaria se regula de dos maneras opuestas. Tal como se aprecia en la Figura 3.2, la una se enfoca en el proceso, si una planta se obtuvo mediante técnicas de OGM se regula estrictamente como tal, independientemente de sus características finales. La segunda se enfoca en el producto, la regulación aplica solo si el producto final tiene características novedosas o presenta un riesgo demostrable en comparación con su contraparte convencional como es el caso de Estados Unidos, Argentina y Brasil (Zarate et al., 2023). Es necesario recalcar que la evaluación del proceso realiza evaluaciones de riesgo caso por caso, el mismo que es largo y costoso; contempla también la trazabilidad obligatoria y el etiquetado específico.

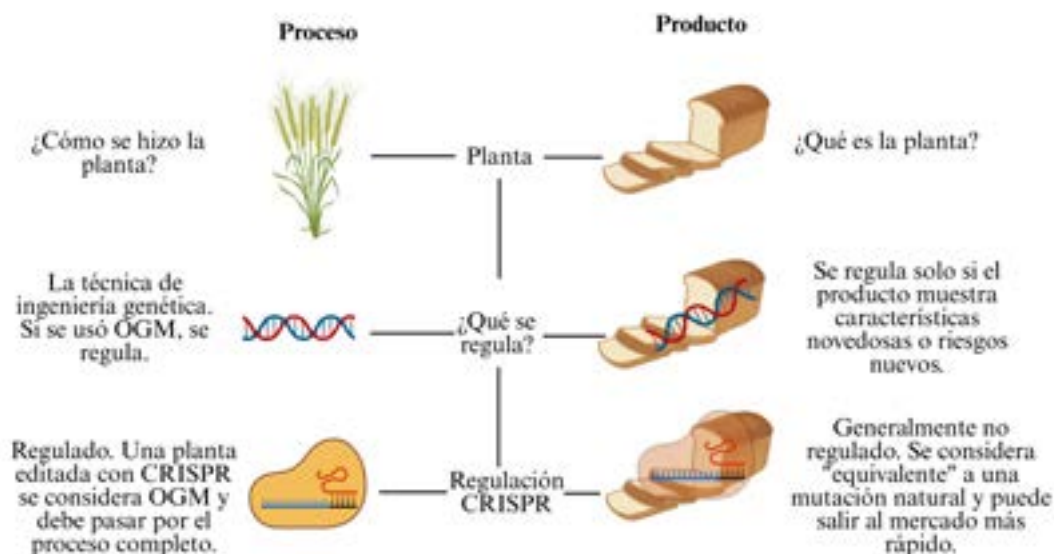


Figura 3.2. Principales enfoques regulatorios aplicados a la biotecnología vegetal. El esquema compara dos criterios utilizados para evaluar nuevas variedades: el basado en el proceso, que regula según la técnica utilizada (por ejemplo, ingeniería genética o CRISPR), y el basado en el producto, que evalúa las características finales de la planta y sus posibles riesgos.

No obstante, este sistema dual ha colapsado con la llegada de CRISPR, ya que, si un científico usa CRISPR para eliminar un solo gen sin insertar ADN foráneo, ¿es un OGM? Si se analiza bajo el enfoque de "proceso" sí lo es, si se lo analiza bajo el enfoque de "producto" probablemente no (Marden et al., 2023). La confusión y simplificación de terminología a transgénico u OGM ha llevado a enmarcar tecnologías precisas como CRISPR bajo el mismo estigma de "Frankenfood" que se aplicó a los OGM de primera generación, obstaculizando un debate matizado. Por ende, esta discrepancia terminológica y regulatoria incrementa la incertidumbre hacia la investigación, la innovación y el comercio internacional.

Actualmente, la discriminación de OGM se centra fundamentalmente en el análisis de riesgo a nivel técnico-científico, es decir si es seguro o no consumirlo. Sin embargo, la población en general plantea cuestionamientos a nivel socioeconómico y ético, exige información sobre ¿quiénes se benefician

directamente de este tipo de producción?, ¿tendrán o no derecho a elegir qué consumir?, ¿existe transparencia en el etiquetado? ¿Existe una real protección contra la concentración de poder y monopolización?, entre otras, y la gran mayoría percibe una nula participación ciudadana en la evaluación de los impactos sociales (McFadden et al., 2024). Al momento, se sigue tomando como referencia a los OGM tradicionales, como es el caso de la soya resistente a glifosato, caso que es estricto y altamente politizado a nivel global. Si hacemos referencia al Protocolo de Cartagena (2000), principal marco legal internacional, se establece que es necesario garantizar el traslado, manipulación y uso seguros de los Organismos Vivos Modificados (OVM), previendo procedimientos para la notificación previa y el consentimiento informado de los países importadores. Bajo este manto, varios países toman diferentes posturas para evitar un riesgo potencial, incluso sin plena certeza científica, estableciendo regulaciones restrictivas o moratorias.

En este punto, el debate yace en si los organismos editados genéticamente (OEG) deben ser regulados como OGM o como productos de mejoramiento convencional (mutagénesis), debido a que la técnica introduce mutaciones precisas sin dejar rastros de ADN de otra especie. Al hablar específicamente de este procedimiento, se presentan diferentes aristas, la UE, por ejemplo, dictaminó recientemente una distinción entre modificaciones genéticas equivalentes a las obtenidas por mejoramiento convencional, sujetas a requisitos simplificados, y modificaciones más complejas, que continúan regulándose de forma similar a los OGM tradicionales. Otros países, como EE. UU, Canadá y Australia, consideran que, si el producto final podría haberse obtenido mediante edición genética, al no contener ADN foráneo, no se regula como OGM, permitiendo que este tipo de productos evadan los costosos procesos regulatorios de los transgénicos. Para el caso de Ecuador, se prohíbe explícitamente el cultivo de transgénicos, pero la aplicación a la edición genética aún no está definida; aun así, siguiendo el principio precautorio Constitucional tendería a restringirla. La base de estas posturas radica en que la regulación por proceso discrimina la tecnología porque introduce una modificación intencional que no ocurrió naturalmente. Mientras que, la regulación por producto discrimina la tecnología favorablemente porque el resultado final es indistinguible de uno obtenido por mejoramiento convencional, justificando su desregulación.

Cabe recalcar que los altos costos de la regulación de OGM tradicionales, que incluyen validación, trazabilidad y más, han favorecido la concentración del mercado en unas pocas grandes corporaciones, como Bayer-Monsanto. Por su parte, la desregulación de la edición genética en EE. UU. y Australia reduce las barreras de entrada, lo que ha permitido que instituciones públicas, universidades y pequeñas empresas de biotecnología desarrollen productos que no podrían costear el proceso regulatorio de un OGM tradicional; esta discriminación positiva promueve la innovación descentralizada (McFadden et al., 2024).

De todas formas, es necesario que exista una clara diferenciación de la terminología asociada a alimentos producidos mediante ingeniería genética, es pertinente aclarar que una edición genética no equivale a la transgénesis (ver capítulo 1, *Terminología y clasificación en ingeniería genética vegetal*). De esta manera se fortalecerá la seguridad científica y con ello, la percepción de riesgo, la tecnología utilizada y las implicaciones económicas y de propiedad intelectual. El entendimiento y procesos de gobernanza atraviesan por una fase de transición y discriminación, creando así una brecha legal y económica significativa entre la transgénesis y la edición genética.

3.5. La próxima década de la biotecnología vegetal

A pesar de las controversias, la biotecnología continúa transformándose y evolucionando para satisfacer los requerimientos de producción en un mundo que cambia constantemente y con cada cambio presenta nuevas exigencias. Al analizar estas “transformaciones” esquematizadas en la Figura 3.3, se aprecia que en primera instancia fue el desarrollo de OGM a nivel corporativo y focalizado en los *commodities*; la segunda fase, impulsada por CRISPR, tiene el potencial de ser radicalmente distinta. Ésta última permite que la edición genética sea más barata, rápida y precisa que la transgénesis, colocando sobre la mesa la posibilidad de *democratización* de la tecnología, permitiendo que universidades públicas e institutos de investigación nacionales puedan desarrollar cultivos de interés local y social (Gao, 2021); como resultado se tendría una gama de productos, como la yuca que será resistente a virus locales, papas que no se oxidan, tomates con mayor vida útil o variedades de granos adaptadas a la sequía. En este punto, y de manera irónica, la ciencia ya no es el principal obstáculo, el mayor cuello de botella para el futuro de estas innovaciones no es técnico, sino social y político, dependiente de la aceptación pública y la parálisis regulatoria gubernamental.



Figura 3.3. Evolución reciente de la biotecnología agrícola. De los cultivos transgénicos tradicionales (1990–2010), centrados en resistencia a herbicidas e insectos, a la etapa actual de edición genética con aplicaciones en nutrición y adaptación climática, y un futuro marcado por la biología sintética y la innovación tecnológica.

Al mismo tiempo, el horizonte tecnológico se expande más allá de las plantas. La próxima disrupción tendrá cabida gracias a los avances en biología, química e informática, dando paso a la biología sintética y la fermentación de precisión, empleando microorganismos modificados genéticamente, que estén programados para ser bio-fábricas, permitiendo crear, de manera eficiente y escalable, proteínas animales a nivel industrial sin el requerimiento de estos especímenes. Se busca desacoplar la producción de moléculas complejas de la agricultura y la ganadería tradicionales, para ajustarse a las presiones de la realidad global como la escasez de recursos, cambio climático y crecimiento poblacional (Augustin et al., 2024). Este nuevo paradigma reconfigurará la agricultura y la alimentación de maneras que apenas comenzamos a imaginar, haciendo que los debates actuales sobre los OGM parezcan solo el primer acto de una transformación mucho más profunda.

La convergencia tecnológica de la biología, automatización y computación permitirá que las bases de la biotecnología vegetal se traslapen a otros sectores. Es conocido que la tecnología desarrollada

en el ámbito agrícola es rápidamente adaptable a ámbitos terapéuticos y cosméticos, teniendo la posibilidad de moléculas complejas de alta pureza y forma constante, sin la variabilidad de la agricultura o la presión negativa a la vida silvestre. Del mismo modo, el mejoramiento de organismos vivos podría desarrollar algas y bacterias capaces de producir combustibles de alto octanaje o bioplásticos de manera eficiente, reduciendo la dependencia de los combustibles fósiles. A más de ello, la inteligencia artificial (IA) puede llegar a ser el motor invisible que impulse la eficiencia de la biotecnología, alineándose con la necesidad de sistemas más automatizados. Por ejemplo en el diseño de proteínas, los algoritmos de IA pueden predecir y diseñar secuencias de ADN y proteínas con funciones específicas acelerando la innovación de años a meses; se podría gestionar plataformas robóticas de alto rendimiento que prueban miles de cepas microbianas modificadas al día, y en un futuro un poco más lejano los modelos de IA analizarían el genoma de un paciente para diseñar terapias génicas o medicamentos específicos, llevando el concepto de edición genética a la salud individual (Gandhewar et al., 2025).

Con el pasar de cada ciclo productivo, la industria agrícola y ganadera presenta limitaciones ambientales y la reducción de disponibilidad de las tierras agrícolas. Esta nueva generación biotecnológica estará direccionada a resolver estos y otros desafíos globales, donde los sistemas tradicionales son insostenibles frente a las presiones demográficas y climáticas cambiantes. La escasez de agua y tierra podría solucionarse con procesos fermentativos precisos donde el requerimiento de tierra y agua es significativamente menor que en la agricultura o la ganadería. El incremento poblacional exponencial exige que los sistemas y cadenas de producción sean más eficientes, esta nueva tendencia permitiría la producción industrial de proteínas estables en cualquier lugar. La programación o diseño de microorganismos que consumen subproductos o fuentes de carbono no alimentarias para producir materiales reducirían la presión sobre los recursos vírgenes.

De manera inherente, la tendencia planteada acarrea un conjunto de dilemas totalmente nuevos para los marcos regulatorios, especialmente para aquellas naciones donde tienen posturas restrictivas y regulatorias sin diferenciación. Para quienes se centran en proteger la biodiversidad *in situ* (campo) y el patrimonio genético, como es el caso del Ecuador, esta nueva tendencia puede representar desafíos importantes; por ejemplo, tomando el caso de productos lácteos que actualmente son producidos por vacas, y que bajo esta perspectiva serán producidos por levaduras genéticamente modificadas, no podría catalogarse como un "cultivo transgénico" y por ende no rige la Disposición Transitoria Quinta. En el caso de que no sea producido sino importado no puede ser analizado bajo los mismos criterios de bioseguridad que tiene una semilla, teniendo como resultado una invisibilidad regulatoria. En torno a la soberanía alimentaria, se entiende que se debe proteger el método de producción tradicional o el derecho a producir alimentos de manera autónoma y sostenible, esta nueva forma de producir obligaría a redefinir si la soberanía se ejerce diferenciando la producción que se tiene en el campo o en el laboratorio.

Ahora bien, esta nueva tendencia contradice la democratización que trajo la edición genética, generando nuevamente la concentración de poder y

conflicto de intereses mayores. Si en los inicios se tuvieron patentes sobre semillas, aquí se tendrán patentes sobre cepas o protocolos. A nivel gubernamental, esta transformación obligaría de manera directa o indirecta a los gobiernos a mover el foco de la bioseguridad del campo al laboratorio y a la cadena de suministro industrial, forzando a los países a tomar decisiones estratégicas sobre su modelo económico y su definición de alimento seguro y soberano.

3.6. La urgencia de una alfabetización para la acción

En lo que refiere al consumo de alimentos, la tendencia muestra a un consumidor más consciente, que prefiere alimentos limpios y provenientes de agricultura justa. Pero también se presenta un patrón de consumo promovido por el sensacionalismo y el marketing. La ingeniería genética se posiciona abiertamente en un modelo agrícola convencional, excluyendo explícitamente a las prácticas agrícolas agroecológicas debido a preocupaciones éticas, ambientales y socioeconómicas. La agricultura orgánica prohíbe estrictamente el uso de organismos modificados genéticamente, esta exclusión se extiende a las técnicas derivadas, como la fusión celular, si las plantas parentales no pueden cruzarse de forma convencional (Nikonova, 2023)

El desarrollo de OGM ha provocado la concentración del mercado de semillas, en 2025 el 56% de semillas patentadas estuvo bajo el control de Bayer, Corteva, Syngenta y BASF. La vigencia de las patentes restringe la capacidad de otros mejoradores de utilizar variedades protegidas e impide que los agricultores guarden y replanten semillas, contradiciéndose con los principios de sostenibilidad y los principios agroecológicos. Se evalúa el riesgo de un empobrecimiento genético y una reducción de la diversidad de las plantas cultivadas (ETC GROUP y GRAIN, 2025).

Desde la agroecología, las técnicas de ingeniería genética se consideran una violación de la integridad del genoma de la planta y de la célula como unidad funcional, al ser consideradas como una intervención profunda de la vida en sí. La preocupación por la posibilidad de polinización cruzada de cultivos

transgénicos a otros organismos plantea desafíos relevantes de coexistencia para la agricultura orgánica y a pequeña escala (Giraldo, 2025).

Las controversias que exploramos en este libro rara vez tratan sobre la ciencia en sí misma. Tratan sobre la desconfianza, el control y los modelos de desarrollo. Los casos de estudio del capítulo 2 no son incidentes aislados; son los síntomas de un sistema de gobernanza que no ha logrado equilibrar la innovación tecnológica con las demandas sociales de transparencia, equidad y participación.

Se destaca la necesidad de una divulgación científica que no opere bajo la caduca premisa del modelo de déficit. Se debe reconocer que el ecosistema informativo en el que se desarrolla esta divulgación está activamente contaminado. La ciudadanía no solo se enfrenta a una falta de información, sino a un torrente de desinformación estratégicamente diseñada en una era de *posverdad*⁴, donde las apelaciones a la emoción y las creencias personales a menudo tienen más peso que la evidencia objetiva (Mendoza et al., 2023).

Cuando los intereses particulares sobresalen se predispone a que la percepción pública tenga un molde previamente diseñado; la manipulación del debate se convierte en una estrategia predecible (Isakson et al., 2023). Como resultado, la ciudadanía se encuentra atrapada entre narrativas opuestas, y continúa sin tener las herramientas claras que le permitan tomar decisiones informadas.

La alfabetización científica de la ciudadanía para la toma de decisiones debe trascender la memorización de hechos científicos, debe generar pensamiento crítico (Cadena-Nogales, 2025). Este pensamiento crítico debe proporcionar al ciudadano la capacidad de analizar el proceso de la ciencia y no solo sus productos. Implica la habilidad de evaluar la credibilidad de las fuentes, discernir la metodología, identificar conflictos de interés y comprender la naturaleza del consenso científico (Jones et al., 2012).

Debe facultar la competencia para preguntar: ¿Quién financia este estudio? ¿Qué intereses representa esta organización? ¿Este titular alarmista se corresponde con los datos del artículo original?, etc. De esta forma el consumidor puede tomar decisiones con una postura clara.

Las controversias biotecnológicas son cuestiones *sociocientíficas* que exigen una participación, la población debe pasar de ser un consumidor pasivo de información a un *evaluador* activo y un *agente de decisión* (Sadler, 2004), que tenga la capacidad de debatir colectivamente sobre legislación y gobernanza en torno a temas biotecnológicos.

El panorama mundial de los alimentos modificados genéticamente se caracteriza por una marcada división. Existen posturas restrictivas como permisivas, sistemas de producción que adoptan estas innovaciones, así como sistemas que rechazan los alimentos producidos mediante ingeniería genética ya que van en contra de los principios que fomentan la biodiversidad, la autonomía de los agricultores y la integridad ecológica de los sistemas alimentarios. El objetivo de esta obra no radica en convencer al lector de "aceptar" ciegamente la biotecnología. Sino el proporcionar las herramientas para deconstruir el debate. El futuro de nuestra alimentación requiere un entendimiento profundo sobre biotecnológica basada no solo en la comprensión de los procesos y técnicas, sino en el pensamiento crítico sobre los sistemas que los regulan y los discursos que los rodean. La participación informada y crítica en la gobernanza de estas poderosas herramientas es, en última instancia, la única vía para asegurar que la ciencia sirva al interés público.

⁴Se refiere a circunstancias o fenómenos en los que los hechos objetivos tienen menos influencia en la formación de la opinión pública que las apelaciones a la emoción y a las creencias personales.

3.7. Preguntas de discusión y temas para ampliar

Preguntas de discusión

1. ¿Por qué la percepción pública de la ingeniería genética no depende únicamente del conocimiento científico?
2. ¿Quién debería tomar decisiones sobre el uso y regulación de la ingeniería genética en plantas?
3. ¿Qué desafíos regulatorios plantea la edición génica frente a tecnologías anteriores?
4. ¿Qué papel debería tener la educación en la toma de decisiones sobre biotecnología?

Temas para ampliar

1. Ética de la biotecnología aplicada a la ingeniería genética en plantas (evaluación de riesgos y beneficios, justicia distributiva, acceso a tecnologías y consideraciones intergeneracionales)
2. Gobernanza de la ciencia (actores involucrados, toma de decisiones y mecanismos de participación pública)
3. Alfabetización científica para la toma de decisiones en biotecnología (comprensión crítica de la evidencia y formación de ciudadanía informada)

3.8. Referencias

1. Augustin, M. A., Hartley, C. J., Maloney, G., & Tyndall, S. (2024). Innovation in precision fermentation for food ingredients. *Critical reviews in food science and nutrition*, 64(18), 6218-6238.
2. Caballero Salinas, J. C., Pizaña Vidal, H. A., González Cabañas, A. A., & Guevara Hernández, F. (2025). Legado biocultural entre agronomía, economía y política. *Revista Siembra*, 12(2).
3. Cadena-Nogales, P.D.; Verdugo-Perona, J.J.; Solaz-Portolés, J.J.; Sanjosé, V. Relationships Between Preservice Teachers' Interest, Perceived Knowledge, and Argumentation in Socioscientific Issues: Implications for Teaching About the Complexity of Sustainability Challenges. *Sustainability* 2025, 17, 3860.
4. Constitución de la República del Ecuador. (2008). *Constitución de la República del Ecuador*. Registro Oficial 449, 20 de octubre de 2008.
5. Corte Constitucional del Ecuador. (2022, 20 de enero). *Sentencia No. 22-17-IN/22 y acumulados* [Resolución]. Quito, Ecuador. Recuperado de <https://www.corteconstitucional.gob.ec/sentencia-22-17-in-22-y-acumulados-inconstitucionalidad-de-actos-normativos/>
6. ETC Group, & GRAIN. (2025). *Top 10 agribusiness giants: Corporate concentration in food and farming in 2025*. GRAIN. <https://grain.org/en/article/7284-top-10-agribusiness-giants-corporate-concentration-in-food-farming-in-2025>
7. Gandhewar, N., Pimpalkar, A., Jadhav, A., Shelke, N., & Jain, R. (2025). Leveraging deep learning for genomics analysis: advances and applications. *Genomics at the Nexus of AI, Computer Vision, and Machine Learning*, 191-225.
8. Gao, C. (2021). Genome engineering for crop improvement and future agriculture. *Cell*, 184(6), 1621-1635.
9. Ghag, S. B. (2024). Genetically modified organisms and their regulatory frameworks. In *Global Regulatory Outlook for CRISPRized Plants* (pp. 147-166). Academic Press.
10. Giraldo, O. F. (2025). The agroecological movement. A panoramic view. *The Journal of Peasant Studies*, 52(1), 47-73.
11. Instituto Ecuatoriano de Normalización. (2016). NTE INEN 1334-1: Rotulado de productos alimenticios para consumo humano. Parte 1: Requisitos. Quito, Ecuador: INEN.
12. Isakson, S. R., Clapp, J., & Stephens, P. (2023). The financialization of agricultural commodities: implications for food security. In *Handbook of Food Security and Society* (pp. 202-214). Edward Elgar Publishing.
13. Jones, A., Buntting, C., Hipkins, R. et al. Developing Students' Futures Thinking in Science Education. *Revista de Educación en Ciencias*, 42, 687-708 (2012).
14. Koul, B., Pudhuvai, B., Bhanot, M., & Tiwari, S. (2024). Updates on Global Status of Transgenic and Genome-Edited Crops. In *Genetic Engineering of Crop Plants for Food and Health Security: Volume 2* (pp. 469-510). Singapore: Springer Nature Singapore.

15. Lewi, D. M., Godoy, P., & Simeone, F. (2025). Experiences, learnings and perspectives in the regulation of agricultural biotechnology: the view from Argentina. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 13, 1600642. Lindberg, S. A., Peters, D. J., & Cummings, C. L. (2023). Gene-Edited Food Adoption Intentions and Institutional Trust in the United States: Benefits, Acceptance, and Labeling. *Rural Sociology*, 88(2), 392-425.
16. Marden, E., Kulkarni, D., McMahon, E. M., Rowand, M. S., & Verzijden, K. (2023). *Regulatory frameworks applicable to food products of genome editing and synthetic biology in the United States, Canada, and the European Union*. In *Genomics and the Global Bioeconomy* (pp. 255-285). Academic Press.
17. McFadden, B. R., Rumble, J. N., Stofer, K. A., & Folt, K. M. (2024). US public opinion about the safety of gene editing in the agriculture and medical fields and the amount of evidence needed to improve opinions. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 12, 1340398.
18. Mendoza, M., Dagatti, M., & López, P. C. L. (2023). Fake News y desinformación: desafíos para las democracias de América Latina y el Caribe. *Cuadernos del Centro de Estudios en Diseño y Comunicación. Ensayos*, (182), 173-177.
19. Napolitano, C., Clavijo, C., Rojas-Bonzi, V., Miño, C. I., González-Maya, J. F., Bou, N., ... & Zapata-Ríos, G. (2024). Understanding the conservation-genetics gap in Latin America: Challenges and opportunities to integrate genetics into conservation practices. *Frontiers in Genetics*, 15, 1425531.
20. Nikonova, N. (2023, August). and Consumption of Organic Products. In *Agriculture Digitalization and Organic Production: Proceedings of the Third International Conference on Agriculture Digitalization and Organic Production (ADOP 2023)*, St. Petersburg, Russia, June 05–07, 2023 (Vol. 362, p. 49). Springer Nature.
21. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. (2011). *Ahorrar para crecer: Guía para los responsables de las políticas sobre la intensificación sostenible de la producción agrícola en pequeña escala*. FAO. <https://www.fao.org/3/i2215s/i2215s.pdf>
22. Park, S. (2002). The development of modern infection control: The contributions of Pasteur, Lister and Koch. *Journal of Hospital Infection*, 51, 246–249.
23. Pereira de Abreu, D. A., Villalba Rodríguez, K., Schroeder, M., Mosqueda, M. B., & Pérez, E. E. (2006). GMO technology: Venezuelans' consumers perceptions—Situation in Caracas. *Journal of Technology Management & Innovation*, 1(5), 80–86.
24. Rozas, P., Kessi-Pérez, E.I. & Martínez, C. Genetically modified organisms: adapting regulatory frameworks for evolving genome editing technologies. *Journal of Biological Research*, 55, 31 (2022).
25. Sadler, T. D. (2004). Informal reasoning regarding socioscientific issues: A critical review of research. *Journal of Research in Science Teaching: The Official Journal of the National Association for Research in Science Teaching*, 41(5), 513-536.
26. Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica. (2000). *Protocolo de Cartagena sobre Seguridad de la Biotecnología del Convenio sobre la Diversidad Biológica*. Montreal, Canadá: Naciones Unidas. Recuperado de: <https://bch.cbd.int/protocol>
27. Trump, B. D., Cummings, C. L., Loschin, N., Keisler, J. M., Wells, E. M., & Linkov, I. (2023). The worsening divergence of biotechnology: the importance of risk culture. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 11, 1250298.

28. USDA Foreign Agricultural Service. (2024). *Ecuador: Agricultural biotechnology annual* (Report No. EC2024-0008). U.S. Department of Agriculture. https://apps.fas.usda.gov/newgainapi/api/Report/DownloadReportByFileName?fileName=Agricultural%20Biotechnology%20Annual_Quito_Ecuador_EC2024-0008.pdf
29. Wynne, B. (1991). Knowledges in context. En S. Jasanoff, G. E. Markle, J. C. Petersen, & T. Pinch (Eds.), *Handbook of Science and Technology Studies* (pp. 1–17). Cambridge University Press.
30. Zarate, S., Cimadori, I., Roca, M. M., Jones, M. S., & Barnhill-Dilling, K. (2023). *Evaluación del marco regulatorio e institucional para la edición génica agrícola mediante tecnologías basadas en CRISPR en América Latina y el Caribe* (pp. 53-60). GES Center, Univ. Estatal de Carolina del Norte.

Nota: algunas figuras de este capítulo fueron creadas con BioRender.com, MapChart.net y/o sistemas de inteligencia artificial generativa

Ingeniería genética en plantas: Conceptos, casos y controversias es una obra que combina rigor científico y análisis social para explorar la biotecnología vegetal desde múltiples ángulos. El primer capítulo sienta las bases técnicas —desde el descubrimiento del ADN hasta las herramientas modernas de edición genómica como CRISPR—, explicando cómo se diseñan, transforman y validan las plantas genéticamente modificadas. El segundo capítulo confronta esa base científica con casos reales de alto impacto mediático, como el maíz transgénico en México, el trigo HB4 en Argentina, el arroz dorado y la papaya de Hawái, contrastando la evidencia técnica con su representación pública y el fenómeno de los "Frankenfoods". El capítulo final da un paso atrás para examinar las tensiones socioculturales, económicas y políticas que rodean la adopción de estas tecnologías, cuestionando por qué persiste la desconfianza social pese a la solidez científica, y reflexionando sobre los desafíos de gobernanza que plantea el futuro de la edición genética en la agricultura.

ikiam.edu.ec

cedia
cedia.edu.ec

ISBN: 978-9907-9549-1-3

