

**Existe un problema crucial en la genética molecular y su aplicación en la agricultura, medicina y producción de fármacos. Esta ciencia está basada en una teoría de hace 50 años que dice que sólo el ADN gobierna la herencia. Los genetistas moleculares ahora confrontan con una creciente divergencia entre esta premisa ampliamente aceptada y una serie de experimentos discordantes que la contradicen. Pero esta disparidad permanece completamente desconocida y los experimentos con plantas transgénicas y animales —muchos de los cuales todavía no se los han reconocido como tales— continúan en una escala masiva.**

## Desenrollando el Mito del ADN

BARRY COMMONER

**A**LGUNA vez la biología fue considerada una disciplina lánguida, excesivamente descriptiva, una ciencia pasiva que durante su historia se contentó meramente con observar el mundo natural sin intervenir en él. Esto no duró. Hoy la biología, armada con el poder de la genética, ha reemplazado a la Física como la ciencia del Siglo, y se levanta para asumir el poder divino de la creación, intentando producir formas artificiales de vida. Los primeros pasos hacia este nuevo Génesis han sido ampliamente promocionados por la prensa. No hace mucho, los científicos impactaron al mundo con Dolly,<sup>1</sup> la oveja sin padre clonada directamente de las células de su madre; estas técnicas han sido ahora aplicadas, insatisfactoriamente, a células humanas. ANDi, un fotogénico macaco, nació hace poco portando el gen de un aguaviva luminiscente.<sup>2</sup> Los cerdos ahora llevan un gen de una hormona bovina de crecimiento y muestran significantes mejorías en aumento de peso, consumo de comida y reducción de grasa. Gran parte de la soja que crece en EE UU ha sido modificada genéticamente para sobrevivir a la aplicación de herbicidas poderosos.

Nuestros investigadores de vanguardia y los empresarios científicos —dos niveles que son cada vez más intercambiables— nos aseguran que estas proezas de progreso tecnológico, aunque maravillosas y complejas, son de todas maneras seguras y dignas de confianza. Se nos ha dicho que todo está bajo control.

Convenientemente ignorados, olvidados, o en algunas instancias simplemente suprimidos, están los fracasos y abortos espontáneos. Muchos clones exhiben desarrollo defectuoso antes o después de nacer, y aún clones aparentemente normales sufren frecuentes malformaciones renales o cerebrales.<sup>3</sup> ANDi, perversamente, ha fallado en brillar como un aguaviva. Los cerdos ingeniados genéticamente tienen una alta incidencia de úlceras gástricas, artritis, corazón agrandado, dermatitis y disfunciones renales. A pesar de las afirmaciones de la industria biotecnológica de que la soja modificada genéticamente sólo

---

<sup>1</sup> I. WILMUT *et al.*, *Viable offspring derived from fetal and adult mammalian cells.* Nature 385(6619):810–3, 1997.

<sup>2</sup> CHAN *et al.*, *Transgenic monkeys produced by retroviral gene transfer into mature oocytes.* Science, 291:309–312, 2001.

<sup>3</sup> R. JAENISCH and I. WILMUT, *Don't clone humans,* Science 291:2552, 2001.

ha sido alterada con el agregado de un gen extraño, el propio sistema genético de la planta ha sido también inadvertidamente alterado, con potenciales consecuencias peligrosas.<sup>4</sup> Las compañías biotécnicas no tienen el hábito de publicar estudios que puedan cuestionar la eficiencia de sus milagrosos productos o que puedan sugerir la presencia de una serpiente en el jardín biotecnológico.

Las equivocaciones deben ser descartadas como los necesarios errores que caracterizan al progreso científico. Pero detrás de ellas se oculta un fracaso más profundo. Las maravillas de la ciencia genética están completamente fundadas en el descubrimiento de la doble hélice del ADN por FRANCIS CRICK y JAMES WATSON en 1953, y avanzan desde la premisa de que esta estructura molecular es el agente exclusivo de la herencia de toda cosa viviente: en el reino de la genética molecular, el ADN es el monarca absoluto.

Conocido entre los biólogos moleculares como el Dogma Central, esta premisa asume que el genoma de un organismo —su dotación total de genes— debería responder completamente por el ensamblaje característico de sus rasgos genéticos.<sup>5</sup> Desde que CRICK propuso esto hace 44 años, el Dogma Central ha venido a dominar la investigación biomédica. Simple, elegante, fácil de resumir, busca reducir la herencia a dimensiones moleculares: el agente molecular de la herencia es el ADN, ácido desoxiribonucleico, una molécula muy larga y lineal, firmemente enrollada en el núcleo celular. El ADN está constituido por cuatro tipos diferentes de nucleótidos, que se ensartan juntos en cada gen en un particular orden lineal o secuencial; los genes, que abarcan segmentos de ADN, a través de una serie de procesos moleculares, dan lugar a cada uno de nuestros rasgos hereditarios.

Pero la premisa del Dogma Central, lamentablemente, es falsa. Testeada entre 1990 y 2001 en uno de los más largos y más altamente publicitados emprendimientos científicos de nuestro tiempo, el Proyecto Genoma Humano, la teoría colapsó bajo el peso de los hechos. Hay por lejos menos genes humanos para poder explicar la complejidad de nuestros rasgos hereditarios o las vastas diferencias hereditarias entre plantas, animales y personas. Desde cualquier óptica razonable, el descubrimiento —publicado en febrero de 2001— señala la caída del Dogma Central. Esto también destruye los fundamentos científicos de la ingeniería genética y la validez de los sonoros clamores de la industria biotecnológica de que sus métodos de cultivo de alimentos genéticamente modificados son **específicos, precisos y predecibles**<sup>6</sup> y por lo tanto, seguros. Resumiendo, el más dramático logro rescatable de los 3000 millones de dólares del Proyecto Genoma Humano, es la refutación de su propia racionalidad científica.

En 1990, WATSON describió al Proyecto Genoma Humano como «la última descripción de la vida». Esto reeditaré, proclamó, en «que sabremos qué es lo que determina si vamos a tener vida como una mosca, una zanahoria o un ser humano». ¿Cómo podría la minuciosa disección del ADN en una secuencia de miles de millones de nucleótidos soportar esta proclamación? El resquebrajado Dogma Central establecido por CRICK,

<sup>4</sup> P. WINDELS *et al*, *Characterisation of the Roundap Ready soybean insert*. Eur. Food Res Technol. 213:107–112, 2001.

<sup>5</sup> F.H.C. CRICK, *On Protein Synthesis*, In: Symposium of the Society for Experimental Biology XII, p 153. New York: Academic Press, 1958.

<sup>6</sup> P. GOMER and R. KOTULAK, *Life by Design*. Chicago Tribune, April 8, 1990.

pretende responder a esta pregunta. Esto hipotetiza una cadena bien definida de procesos moleculares que llevan desde un único gen de ADN a la aparición de un particular rasgo hereditario.

La segunda hipótesis de CRICK vincula limpiamente el gen con la proteína. Esta *hipótesis de secuencia* establece que la información genética de cada gen es transmitida, alterada en forma pero no en contenido, por el ARN intermediario, hacia la secuencia distintiva del aminoácido de una particular proteína. Se sigue que en cada ser vivo debería haber una correspondencia uno-a-uno entre el número total de genes y el de proteínas. El conjunto completo de los genes humanos debe entonces representar la herencia total de una persona. Finalmente, como el ADN está hecho de los mismos cuatro nucleótidos en todos los seres vivos, el código genético es universal, lo cual significa que un gen debería ser capaz de producir su proteína particular dondequiera que esto ocurra, aún en diferentes especies.

La teoría de CRICK está basada en una extravagante proposición: que los genes tienen único, absoluto y universal control sobre la totalidad de la herencia en todas las formas de vida. De acuerdo a CRICK, la información genética se origina en la secuencia de nucleótidos del ADN y finaliza, inalterada, en la secuencia de aminoácidos de la proteína. El pronunciamiento es crucial ya que dota al gen con un concentrado control sobre la identidad de la proteína y el rasgo hereditario que la proteína genera. Para acentuar la importancia de este tabú genético, CRICK apuesta el futuro de toda la empresa en él, afirmando que «el descubrimiento de un solo tipo de célula actual en la cual la información genética pasó desde proteína a ácido nucleico o de proteína a proteína sacudiría la total base intelectual de la biología molecular». <sup>7</sup> CRICK era consciente de la impetuosidad de su apuesta, pues era sabido aún entonces que en las células vivientes, las proteínas entran en promiscuo contacto molecular con numerosas otras proteínas y con moléculas de ADN y ARN. Él insistió en que esas interacciones eran genéticamente **castas**.

En febrero del 2001 las chances de CRICK sufrieron una espectacular caída. En la revista *Nature & Science*, en conferencias de prensa y en apariciones en televisión, los dos equipos de investigación del genoma informaron sus resultados. El principal resultado fue **inesperado**. <sup>8</sup> en lugar de los 100 000 o más genes predichos a partir de la estimación del número de proteínas humanas, la cuenta de los genes fue solamente de alrededor de 30 000. De acuerdo a estas medidas los humanos somos apenas más ricos genéticamente que un yuyo (que tiene unos 26 000 genes) y estaríamos dotados genéticamente de alrededor del doble que una mosca de la fruta o un gusano primitivo. <sup>9</sup>

Estos resultados sorprendentes contradicen la premisa científica por la cual el proyecto genoma fue llevado adelante y destrona su teoría básica: el Dogma Central. Después de todo, si la cuenta de los genes humanos es mucho menor, para poder equilibrar el número de proteínas y los numerosos rasgos hereditarios que éstas engendran, y si no puede explicar la vasta diferencia hereditaria entre un yuyo y una persona, debe haber

<sup>7</sup> F.H.C. CRICK, *The Central Dogma of Molecular Biology*, Nature 227:561–563 (ver p. 563), 1970.

<sup>8</sup> International Human Genome Sequencing Consortium, *Initial sequencing and analysis of the human genome*. Nature 409 (6822):860–921, 2001.

<sup>9</sup> C. VENTER *et al.*, *The Sequence of the Human Genome*. Science 291:1304–1351, 2001.

mucho más que «la última descripción de la vida» de la que hablaba WATSON y de lo que solamente los genes puedan decirnos.

Científicos y periodistas de algún modo fallaron en informar lo que había pasado. El informe del proyecto científico ofrece muy poco para explicar la escasez en el conteo de los genes. Una de las posibles explicaciones de porqué la cuenta de los genes fue «tan discordante con nuestras predicciones» fue descrita en *Science* como sigue: «casi el 40 % de los genes humanos están ensamblados alternadamente».<sup>10</sup> Propiamente entendida, esta modesta, sino esotérica explicación, cumple con la trágica profecía de CRICK: esto «sacude totalmente la base intelectual de la biología molecular» y socava la validez científica de su aplicación en ingeniería genética.

El empalme alterno es una sorprendente desviación del ordenado diseño del Dogma Central, en el cual un único gen codifica la secuencia de aminoácidos de una única proteína. En el empalme alterno, la secuencia original de nucleótidos del gen se divide en fragmentos que entonces son recombinados en diferentes formas para codificar una multiplicidad de proteínas, cada una de ellas diferente en su secuencia aminoácida de las otras y de la secuencia que podría codificar el gen original si quedara intacto. El empalme alterno puede tener un extraordinario impacto en la proporción gen/proteína. El récord para el número de diferentes proteínas producidas por un gen individual por empalme alternado lo tiene la mosca de la fruta, en la cual un solo gen produce hasta 38 016 variantes de moléculas de proteína.<sup>11</sup>

Por lo tanto el empalme alterno tiene un impacto devastador en la teoría de CRICK: desarma el hipotetizado aislamiento del sistema molecular que transfiere información genética desde un gen individual a una única proteína. También contradice la teoría de que las proteínas no pueden transmitir información genética a los ácidos nucleicos (en este caso el ARN mensajero).<sup>12</sup> El descubrimiento del empalme alternado además invalida la exclusividad del soporte genético sobre el proceso molecular de la herencia. Entonces, el efecto genético sobre la herencia no puede ser predicho simplemente por su secuencia de nucleótidos cuya determinación es uno de los principales propósitos del Proyecto Genoma Humano. Desde 1989, cuando aún se debatía el Proyecto Genoma Humano entre los biólogos moleculares, sus destacados profesionales seguramente estaban al tanto de los más de 200 trabajos científicos que ya se habían publicado acerca del empalme alternado en genes humanos.<sup>13</sup>

La escasez en la estimación de los genes humanos podría y ciertamente debería haber sido prevista. Es difícil de eludir la conclusión, problemática como es, de que los planificadores del proyecto sabían anticipadamente que la disparidad entre el número de genes y el de proteínas era de esperarse, y que los 3000 millones de dólares que costó el proyecto no podrían justificarse a través del extravagante anuncio de que el genoma nos diría finalmente quienes somos.<sup>14</sup>

---

<sup>10</sup> *ibid*, p. 1345.

<sup>11</sup> D. SCHUMUCKER *et al*, *Drosophila Dscam is an axon guidance receptor exhibiting extraordinary molecular diversity*. *Cell*, 101(6):671.-84, 2000.

<sup>12</sup> C.A. COLLINS and C. GUTHRIE, *Allelespecific genetic interactions...* *Genes Dev*, 13 (15):1970-82, 1999.

<sup>13</sup> Results of PubMed search for articles containing alternative splicing AND human.

<sup>14</sup> C. VENTER *et al*, *The Sequence of the Human Genome*. *Science* 291:1304-1351, 2001.

El empalme alternado no es el único descubrimiento de los últimos 40 años que a contradicho los preceptos básicos del Dogma Central. Otras investigaciones han intentado erosionar el rol central de la doble hélice de ADN, el ubícuo ícono de la teoría. En la descripción original del descubrimiento del ADN, WATSON y CRICK comentaron que la estructura en hélice «inmediatamente sugiere un posible mecanismo de copia del material genético». Esta auto duplicación es el rasgo crucial de la vida y, al atribuirlo al ADN, concluyeron, algo prematuramente, que habían descubierto la mágica llave molecular de la vida.<sup>15</sup>

La replicación biológica incluye la precisa duplicación del ADN, pero esto es logrado por la célula viva, no solamente por la molécula de ADN. En el desarrollo de una persona desde un simple óvulo fertilizado, el genoma es replicado miles de millones de veces, su precisa secuencia de tres mil millones de nucleótidos es recordada con extraordinaria fidelidad.<sup>16</sup> El rango de error en la inserción de un nucleótido en una nueva secuencia de ADN fuera de su propio orden, es de una en diez mil millones de nucleótidos. Pero por sí solo el ADN es incapaz de tan fiel replicación. En un experimento en un tubo de ensayo, un filamento de ADN provisto de una mezcla de sus cuatro nucleótidos constitutivos alinearé a éstos con alrededor de uno de cada cien fuera de lugar. Cuando son agregadas al tubo de ensayo enzimas de proteínas apropiadas, el rango de error de la fidelidad con la cual los nucleótidos son incorporados al nuevo filamento de ADN se reduce a uno en diez millones. Este error remanente es finalmente reducido a uno en diez mil millones si actúan enzimas reparadoras —también proteínas— que detectan y remueven los nucleótidos mal emparejados en el nuevo ADN sintetizado.<sup>17</sup>

Por lo tanto, en la célula viva, el código de los nucleótidos del gen puede ser replicado fidedignamente sólo debido a que un tipo de proteínas especializadas interviene para prevenir la mayoría de los errores, que el ADN por sí mismo está incapacitado para realizar, y reparar los errores remanentes. En este sentido la información genética no surge únicamente del ADN sino a través de una esencial **colaboración** con enzimas y proteínas, una contradicción al precepto del Dogma Central que postula que la herencia es gobernada únicamente por la auto replicación de la doble hélice del ADN.

Otra importante observación divergente es que para generar los rasgos hereditarios, la proteína recién creada, un colgajo [lineal] encadenado fuera de la molécula, debe ser plegada en una estructura exactamente organizada en forma de pelota. Los eventos bioquímicos que dan lugar a los rasgos genéticos —por ejemplo, la actividad enzimática que sintetiza una particular pigmentación del color de ojos— ocurren en lugares específicos de la cara externa de la proteína tridimensional, la que es creada en una forma particular según la cual la molécula es plegada en esa estructura. Para preservar la simplicidad del Dogma Central, CRICK fue inducido a asumir, sin ninguna evidencia que lo soporte, que la naciente proteína, una molécula lineal, siempre se plegaba a sí misma en la forma

<sup>15</sup> J.D. WATSON and F.H.C. CRICK, *Molecular structure of nucleic acids: A structure of DNA*. Nature 171:737.-738, 1953.

<sup>16</sup> M. RADMAN and R. WAGNER, *The High Fidelity of DNA Replication*. Scientific American, August 40-46, 1988.

<sup>17</sup> B. COMMONER, *Failure of the WATSON-CRICK theory as a chemical explanation of inheritance*. Nature 220:334.-340, 1968.

correcta una vez que su secuencia de aminoácidos hubiera sido determinada. En los 80, no obstante, se descubrió que algunas proteínas nacientes están destinadas a permanecer sin plegarse —y por lo tanto bioquímicamente inactivas— a no ser que un tipo especial de proteína —la chaperona— las estructure adecuadamente.<sup>18</sup>

A mitad de los 80, mucho antes del multimillonario Proyecto Genoma Humano y antes de que los cultivos modificados genéticamente comenzaran a invadir nuestros campos, una serie de procesos basados en proteínas se entrometieron en la exclusiva franquicia genética de los genes del ADN. Un conjunto de proteínas enzimas debían reparar los frecuentes errores en la replicación de los genes y también en la transmisión del código genético hacia las proteínas. Ciertas proteínas ensambladas en spliceosomes,<sup>19</sup> pueden arrastrar la transcripción del ARN, creando cientos y aún miles de proteínas diferentes a partir de un gen individual. Una familia de chaperonas, proteínas que facilitan un apropiado plegamiento y por lo tanto la actividad bioquímica de proteínas recién nacidas, forman parte esencial del proceso gen-hacia-proteína.

En razonable medida, estos resultados contradicen la máxima cardinal del Dogma Central: que el gen del ADN gobierna exclusivamente los procesos moleculares que dan lugar a un particular rasgo hereditario.

El gen del ADN ejerce una importante influencia en la herencia, pero no es el único a tal respecto y actúa solamente en **colaboración** con una multitud de procesos basados en las proteínas, que previenen y reparan secuencias incorrectas, transforman la proteína naciente en su forma activa plegada y proveen crucial información genética adicional mucho más allá que la originada por el propio gen.

La credibilidad en el Proyecto Genoma Humano no es la única baja en el empecinamiento de la comunidad científica en resistir a los resultados experimentales que contradicen al Dogma Central, ni la más importante.

El hecho de que un gen puede dar lugar a múltiples proteínas también destruye los fundamentos teóricos de la hiper-millonaria industria de la ingeniería genética para la producción de alimentos. En ingeniería genética está asumido, sin una adecuada prueba experimental, que un gen de bacteria para una proteína insecticida, por ejemplo, transferido a una planta de maíz, producirá esa proteína y nada más. Aún en ese extraño entorno genético, el empalme alterno del gen de la bacteria puede dar lugar a múltiples variantes de la proteína prevista, o también a proteínas portando escasa relación con la original con **efectos impredecibles** sobre los ecosistemas y la salud humana.

El retraso en destronar al todopoderoso gen, dio lugar en los 90 a una invasión masiva de la ingeniería genética en la agricultura, aunque su justificación científica ya había sido cuestionada al menos una década antes. De todas maneras, ignorando el profundo hecho de que en la naturaleza el intercambio normal de material genético ocurre exclusivamente entre especies individuales, los ejecutivos de la industria biotécnica se han jactado reiteradamente de que, en comparación, mover un gen de una especie a otra no sólo es normal, sino además **más específico, preciso y predecible**.

<sup>18</sup> R.J. ELLIS and S.M. HEMMINGSEN, *Molecular chaperones*, Trends Bloch Sci, 14 (8):339-42, 1989.

<sup>19</sup>No pude hallar traducción al castellano de esta palabra. (N. del T.).

Que la industria está guiada por el Dogma Central quedó explicitado por RALPH HARDY, presidente del Consejo Nacional de Biotecnología Agrícola de los Estados Unidos y director formal en Ciencias de la Vida en DuPont, la principal productora de semillas modificadas genéticamente. En 1999, en un testimonio en el Senado, describió sucintamente la teoría que guía a la industria de esta manera: «el ADN (las moléculas gerente general) dirigen la formación del ARN (las moléculas gerentes de nivel medio) que dirigen la formación de proteínas (las moléculas trabajadoras)». <sup>20</sup> Es de esperarse que el resultado de transferir un gen de bacteria a una planta de maíz sea tan predecible como una empresa corporativa: lo que hagan los trabajadores estará precisamente determinado por lo que los nuevos gerentes generales le digan que hagan.

Esta versión del Dogma Central es el fundamento científico sobre el cual cada año miles de millones de plantas transgénicas de soja, maíz y algodón crecen con la esperanza de que el particular gen foráneo en cada una, será replicado con toda fidelidad en cada una de los miles de millones de divisiones celulares que ocurren a medida que cada planta se desarrolla; que en cada una de las nuevas células, el gen extraño codificará solamente una proteína con la secuencia exacta de aminoácidos que codificaba en su organismo original; y que a través de toda esta saga biológica, a pesar de la presencia extraña, el complemento natural de ADN de la planta se autorreplicará correctamente, sin cambios anormales en su composición.

En una planta común que no ha sido modificada, la seguridad de su proceso genético natural resulta de la compatibilidad entre su sistema de genes y su sistema de proteínas mediadoras, necesariamente compensados. La armoniosa relación entre los dos sistemas se perfecciona durante su interacción, en una misma especie, durante larguísimos períodos evolucionarios, en los cuales la selección natural elimina las variantes incompatibles. En otras palabras, dentro de una misma especie la seguridad de un exitoso desenlace del complejo sistema molecular que da lugar a un particular rasgo hereditario, está garantizada por muchos miles de años de testeo en la naturaleza.

En una planta modificada por ingeniería genética, de todas maneras, el gen foráneo de bacteria transplantado puede interactuar apropiadamente con el sistema de proteínas mediadoras de la planta. Se sabe que plantas grandes como las de maíz, soja y algodón poseen proteínas que reparan el ADN mal codificado;<sup>21</sup> proteínas que empalman alternadamente al ARN mensajero, y por ende producen una multiplicidad de diferentes proteínas a partir de un solo gen;<sup>22</sup> y proteínas que cuidan el correcto plegamiento de las proteínas recién nacidas.<sup>23</sup> Pero la historia evolutiva del sistema de la planta es muy diferente que la del gen bacteriano. Como resultado, es verosímil que en las plantas transgénicas la armoniosa interdependencia del gen foráneo con la nueva hueste de sistemas de proteínas mediadoras termine desbaratándose de manera **inespecífica, imprecisa e inherentemente impredecible**.

<sup>20</sup> R.W.F. HARDY, In Agricultural Research and Development, Hearing before Senate Committee on Agriculture, Nutrition and Forestry, Oct 6, 1999.

<sup>21</sup> N. TUTEJA *et al*, *Molecular mechanisms of damage and repair: progress in plants*. Crit Rev Biochem Mol Biol. 36 (4):337-97, 2001.

<sup>22</sup> P. COMELLI *et al*, *Alternative splicing of two leading exons partitions promoter activity...* Plant Mol Biol. 41 (5):615-25, 1999.

<sup>23</sup> A.A. LUND *et al*, *Heat-stress response of mito-chondria*, Plan Physiol. 116 (3):1097-110, 1998.

En la práctica estas rupturas son reveladas por los numerosos experimentos fallidos que ocurren antes de que un organismo transgénico pueda ser producido, y por cambios genéticos inesperados que ocurren aun cuando el gen ha sido exitosamente transferido.<sup>24</sup>

Más alarmante es la reciente evidencia en el creciente campo de los alimentos cultivados modificados genéticamente, de que, de esta muchedumbre de plantas transgénicas, el genoma de la soja que contiene un gen foráneo para resistir a los herbicidas ha sido inadvertidamente alterado. Monsanto admitió en 2000 que sus semillas de soja contienen algunos fragmentos extra del gen transferido, pero de todas maneras concluyen que «no se han observado ni es de esperarse que se hayan producido nuevas proteínas».<sup>25</sup> Un año después, investigadores belgas descubrieron que un segmento del ADN de la propia planta se había mezclado. El ADN anormal era lo suficientemente largo para producir una nueva proteína, una proteína potencialmente dañina.<sup>26</sup>

Una manera de que tal misterioso ADN pueda abrirse paso está sugerido por un estudio reciente que muestra que en algunas plantas que portan un gen bacteriano, la enzima de la planta que corrige los errores de replicación del ADN reorganizó la secuencia de nucleótidos del gen foráneo.<sup>27</sup> Las consecuencias de tales cambios no pueden ser previstas.

Las probabilidades de estos efectos de desorganización en la transferencia de genes en cultivos modificados genéticamente, aun siendo raras excepciones, se amplifican enormemente por los miles de millones de plantas transgénicas que aún siguen creciendo año tras año. El grado en que estas desorganizaciones puedan ocurrir en cultivos genéticamente modificados no es conocida en el presente, porque a la industria biotecnológica no se le exige que provea a las agencias regulatorias la más básica información acerca de la composición real de las plantas transgénicas. Por ejemplo, no es requerido ningún test para mostrar que la planta produce realmente una proteína con la misma secuencia aminoácida que la de la proteína bacteriana original. Más aún, no hay requerimientos para estudios basados en análisis detallados de la estructura molecular y actividad bioquímica del gen foráneo y sus productos proteínicos en los transgénicos comercializados para cultivos.

Dado que algunos efectos inesperados se pueden desarrollar muy lentamente, las plantas de cultivo deberían ser monitoreadas en sucesivas generaciones. Ninguno de estos test esenciales han sido realizados, y miles de millones de plantas transgénicas están ahora creciendo con sólo un muy rudimentario conocimiento sobre los cambios resultantes en su composición. Sin estos controles no hay manera de saber si pueden sobrevenir consecuencias azarosas. Dado el fracaso del Dogma Central, no hay seguridad de que no ocurrirán. Los cultivos modificados genéticamente que crecen actualmente, representan

<sup>24</sup> V.G. PURSEL *et al*, *Integration, expression and germeline transmission of growth-related genes in pigs*. *Reprod Fertil Suppl.* 41:7787, 1990.

<sup>25</sup> Monsanto Product Safety Center. Confidential Report (MSL-16712). Updated Molecular Characterisation & Safety Assessment of Roundap Ready Soybean Event 403-2. Monsanto Company, St. Louis, Missouri.

<sup>26</sup> P. WINDELS *et al*, *Characterisation of the Roundap Ready soybean insert*, *Eur Food Res Technol.* 213:107-112, 2001.

<sup>27</sup> A. KOHLI *et al*, *Transgene organization in rice...* *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 95(12):7203-8, 1998.

un masivo y descontrolado experimento cuyo devenir es inherentemente impredecible. Los resultados podrían ser catastróficos.

El Dogma Central de CRICK a jugado un rol muy fuerte en la creación tanto del Proyecto Genoma Humano, como en la difusión de los alimentos cultivados con modificaciones genéticas sin ningún tipo de regulación. Aunque las evidencias que contradicen la teoría imperante se acumulan, esto no ha tenido efecto sobre las decisiones para reorientar estos dos emprendimientos monumentales en curso.

Es verdad que la mayor parte de los resultados experimentales generados por la teoría confirman el concepto de que la información genética, en la forma de secuencias de nucleótidos del ADN, es transmitida vía ARN hacia la proteína. Pero otras observaciones han contradicho la correspondencia uno-a-uno de gen con proteína, y han quebrado la exclusiva franquicia de los genes sobre la explicación molecular de la herencia. En el curso ordinario de la ciencia tales factores nuevos habrían sido introducidos en la teoría, adicionados a su complejidad, redefiniendo su significado o, si fuese necesario, desafiando sus premisas básicas. Las teorías científicas están destinadas a ser cuestionadas, precisamente esto es lo que las vuelve científicas. El Dogma Central ha sido inmune a este proceso. La evidencia divergente es debidamente reportada y, frecuentemente, genera intensas investigaciones, pero su oposición a la teoría dominante casi nunca es notada.

A causa de su adhesión a una teoría obsoleta, la mayoría de los biólogos moleculares operan bajo el supuesto de que el ADN es el secreto de la vida, por el contrario, una cuidadosa observación de la jerarquía de los procesos vitales, sugiere fuertemente que es otro el camino: el ADN no crea la vida; la vida es la que da lugar al ADN.<sup>28</sup> Cuando la vida se formó por primera vez sobre la Tierra, las proteínas deben haber aparecido antes que el ADN, porque, al revés que el ADN, las proteínas poseen la habilidad catalítica de generar la energía química necesaria para ensamblar pequeñas moléculas del entorno en cadenas largas como las de ADN. El ADN es un mecanismo creado por la célula para almacenar la información producida por ella. La vida primitiva sobrevivió porque pudo crecer, construyendo su organización característica de moléculas complejas. Debe haber habido un tipo desalineado de crecimiento; lo que era recientemente creado no se replicaba exactamente. Pero una vez producido por la célula primitiva, el ADN se habría convertido en un lugar estable para almacenar información estructural acerca del quimismo caótico de la célula. No puede haber ninguna duda que la emergencia del ADN fue un estadio crucial en el desarrollo de la vida, pero debemos evitar el error de reducir la vida a una molécula maestra con la expectativa de satisfacer nuestra necesidad emocional de una simplicidad sin ambigüedades.

Los datos experimentales, esquilados por las teorías dogmáticas, apuntan a la irreductibilidad de la célula viva, cuya inherente complejidad sugiere que cualquier sistema genético artificialmente alterado, dada la magnitud de nuestra ignorancia, tarde o temprano debe dar lugar a consecuencias no intencionadas pero potencialmente desastrosas. Deberíamos estar dispuestos a reconocer lo poco que realmente conocemos sobre los secretos de la célula, la unidad fundamental de la vida.

---

<sup>28</sup> B. COMMONER, *Relationship between biological information and the origin of life*. In: K. MATSUNO *et al*, eds. *Molecular Evolution and Protobiology*, p. 283, Plenum Press. New York, 1984.

¿Por qué, entonces, el Dogma Central continuó en pie? En alguna medida la teoría ha sido protegida de las críticas por un ardid más común a la religión que a la ciencia: el disenso, o meramente el descubrimiento de un hecho discordante, es una ofensa que merece castigo, una herejía que conduce fácilmente al ostracismo profesional. Muchos de estos prejuicios pueden ser atribuidos a una inercia institucional, una falta de rigor, pero hay otras, más insidiosas razones de porqué los genetistas moleculares, están satisfechos con el status quo: el Dogma Central les ha dado tal satisfactoria, seductora, explicación simplista de la herencia, que pareciera sacrílego introducir dudas. El Dogma Central es simplemente demasiado bueno para no ser cierto.

Como resultado, el financiamiento para la genética molecular se incrementó rápidamente en los últimos 20 años; han proliferado nuevas instituciones académicas, muchas de ellas variantes *genómicas* de profesiones más mundanas, como la salud pública. En Harvard y otras universidades, el currículum biológico se ha centrado sobre el genoma. Pero detrás de la tradicional economía científica de prestigio, y las generosas financiaciones que las siguen, como la noche sigue al día, el dinero ha distorsionado el proceso científico desde lo que alguna vez fueron propósitos puramente académicos que se han comercializado en un asombroso grado a causa de los mismos investigadores. La Biología se ha convertido en un brillante objetivo para aventurar capitales. Cada nuevo descubrimiento trae nuevas patentes, nuevas asociaciones, nuevas filiales corporativas.

Pero como la oposición creciente a los cultivos transgénicos claramente demuestra, existe una persistente inquietud pública no sólo con la seguridad de los alimentos modificados genéticamente, sino también con los peligros inherentes al atropellar arbitrariamente los patrones de la herencia que han sido fijados en la naturaleza a través de una prolongada experiencia evolutiva. Muy a menudo estas inquietudes han sido ridiculizadas por la industria como los miedos **irracionales** de un público no educado. La ironía, por supuesto, es que la industria biotecnológica está basada en una ciencia que tiene 40 años de antigüedad y convenientemente desprovista de la mayoría de los recientes resultados que demuestran que existen poderosas razones para temer las potenciales consecuencias de transferir un gen de ADN entre diferentes especies. Lo que el público teme no es a la ciencia experimental sino a la decisión fundamentalmente irracional de sacarla del laboratorio hacia el mundo natural antes de que verdaderamente la hayamos entendido.

**Barry Commoner** posee una larga y rica historia en las ciencias ambientales y en el activismo social. Luego de recibirse como profesor de Biología en la Universidad de Harvard, pasó 34 años en la Universidad de San Luis, Missouri. Allí exploró la función viral y condujo investigaciones celulares con implicaciones en el diagnóstico del cáncer. Durante los 50, COMMONER estuvo decididamente involucrado en los debates sobre armamento atómico, y en los 60 participó del activismo ecologista en cuestiones inherentes a contaminación ambiental y recursos energéticos.

En 1980, COMMONER encabezó el Centro para la Biología de los Sistemas Naturales en el Queen College de Nueva York, y ahora dirige el Proyecto Critical Genetics. Es autor de nueve libros.

Publicado en julio de 2003 en las páginas 6 a 12 de la revista:

**Seedling**  
Biodiversity, Rights and Livelihood

de GRAIN (Genetic Resources Action INternacional)

<http://www.grain.org>

Traducción: EDUARDO MARCUZI

Revisión de traducción y diseño editorial: MARCELO ACUÑA