



Runa

ISSN: 0325-1217

ISSN: 1851-9628

runa.revista@gmail.com

Universidad de Buenos Aires

Argentina

Francesc, Christian Federico; Folguera, Guillermo
Saberes simplificados, tecnociencia y omisión de riesgos.
El caso de los organismos genéticamente modificados

Runa, vol. 39, núm. 2, 2018, Julio-, pp. 5-27
Universidad de Buenos Aires
Argentina

Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=180857655001>

- ▶ Cómo citar el artículo
- ▶ Número completo
- ▶ Más información del artículo
- ▶ Página de la revista en redalyc.org

UAEM

redalyc.org

Sistema de Información Científica Redalyc
Red de Revistas Científicas de América Latina y el Caribe, España y Portugal
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Saberes simplificados, tecnociencia y omisión de riesgos

El caso de los organismos genéticamente modificados



Christian Federico Francese

Universidad de Buenos Aires. Facultad de Filosofía y Letras. Instituto de Filosofía “Doctor Alejandro Korn”, Grupo de Filosofía de la Biología. Buenos Aires, Argentina.
Correo electrónico: francese.christian@gmail.com

Recibido:
4 de abril de 2018
Aceptado:
1 de octubre de 2018

Guillermo Folguera

Universidad de Buenos Aires. Facultad de Filosofía y Letras. Instituto de Filosofía “Doctor Alejandro Korn”, Grupo de Filosofía de la Biología. Buenos Aires, Argentina.
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, CONICET, Argentina.
Correo Electrónico: guillefolguera@yahoo.com.ar

Resumen

La tecnociencia ha sido asociada a importantes riesgos para el ambiente y la salud humana. A su vez, dichos riesgos han sido atribuidos a un descnocimiento científico acerca de los daños que pueden ser generados por la tecnociencia. En este trabajo argumentamos que, en lugar de estar asociado a un no-saber, otra fuente de riesgos puede proceder de una simplificación de elementos complejos del conocimiento científico. Así pues, considerando el caso de los organismos genéticamente modificados (OGM) de uso agrícola, nuestro análisis compara conceptualizaciones propias de la biotecnología con el conocimiento propio de la genética molecular disciplinar. Para ello se examina bibliografía especializada de una y otra área de conocimiento. Nuestros resultados muestran que el conocimiento asociado a OGM presenta una visión lineal y determinística en comparación con la complejidad presente en la genética molecular contemporánea. La complejidad no contemplada puede estar asociada a daños hacia el ambiente y las poblaciones.

Palabras clave

Tecnociencia; Riesgos;
Organismos genéticamente
modificados; Biotecnología;
Simplificación epistémica



Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución 4.0 Internacional.

Simplified knowledge, technoscience and risk omission. The case of genetically modified organisms

Abstract

Key words

Technoscience; Risks Genetically modified organisms; Biotechnology; Epistemic simplification

Technoscience has been associated with significant risks to the environment and human health. In turn, these risks have been attributed to a scientific ignorance about the damages that can be generated by technoscience. In this paper we argue that, instead of being associated with a non-knowledge, another source of risks can come from a simplification of complex elements of scientific knowledge. Thus, considering the case of genetically modified organisms (GMOs) for agricultural use, our analysis compares conceptualizations of biotechnology with the knowledge of molecular disciplinary genetics. For this purpose, specialized bibliography of both areas of knowledge is examined. Our results show that the knowledge associated with GMOs presents a linear and deterministic vision compared to the complexity present in contemporary molecular genetics. Unforeseen complexity may be associated with damage to the environment and populations.

Conhecimento simplificado, tecnociência e omissão de riscos. O caso dos organismos geneticamente modificado

Resumo

Palavras-chave

Tecnociência; Riscos; Organismos Geneticamente Modificados; Biotecnologia; Simplificação epistêmica

A tecnociência tem sido associada a importantes riscos para o meio ambiente e a saúde humana. Por sua vez, tais riscos têm sido atribuídos a um desconhecimento científico sobre os danos que podem ser gerados pela tecnociência. Neste artigo argumentamos que, ao invés de ser associado a um não-saber, outra fonte de risco pode vir de uma simplificação dos elementos complexos do conhecimento científico. Assim, considerando o caso dos organismos geneticamente modificados (OGM) de uso agrícola, nossa análise compara conceções próprias da biotecnologia com o conhecimento próprio da disciplina de genética molecular. Para tanto, é analisada uma bibliografia especializada de ambas as áreas do conhecimento. Nossos resultados mostram que o conhecimento associado aos OGMs apresenta uma visão linear e determinística comparado com a complexidade presente na genética molecular contemporânea. A complexidade não contemplada pode estar associada a danos ao meio ambiente e às populações.

1. Introducción

Tecnociencia, conocimiento y riesgos

En las últimas décadas, los marcados y diversos vínculos entre ciencia y tecnología han dado origen a numerosas categorías, entre las cuales se destaca la de “tecnociencia” (Hottois, 1999; Latour, 2001; Echeverría, 2003; Pestre, 2005; Linares, 2008; para alternativas al uso de dicha noción, Niiniluoto, 1997

y Cuevas 2005). Dicho concepto refiere principalmente al modo de vínculo establecido entre empresas, Estados e instituciones científicas en las últimas décadas, que ha tenido un fuerte efecto sobre las investigaciones científicas hacia la generación de tecnologías posibles de ser comercializadas en el mercado internacional (Pestre, 2005). A su vez, el término hace referencia al entrelazamiento entre actividad científica y actividad tecnológica desde la década de 1940 del siglo pasado, al punto de hacer difícil la distinción entre ambas (ver Echeverría, 2003).

Este carácter híbrido de la tecnociencia ha tenido entre sus efectos “una combinación entre un ‘conocer científico’ y un ‘producir tecnológico’” (Linares, 2008, p. 369). En el mismo sentido, Latour (2001) pone el acento en la mixtura de aspectos epistémicos y artefactuales. Hottois (1999) también indica que la tecnociencia debe ser concebida como un cuerpo de conocimientos integrados en los que tanto los aspectos científicos como los técnicos se presentan profundamente articulados en todas las etapas del proceso de construcción. Pese a esta compleja naturaleza entre saberes y artefactos, las características de la dimensión epistémica de la tecnociencia no han sido debidamente exploradas y con frecuencia se han soslayado las novedades que pueden haberse establecido. En esta dirección, Echeverría argumenta, como una de las tesis básicas de su influyente libro *La revolución tecnocientífica*, que “la tecnociencia ha surgido por un cambio profundo en la estructura de la práctica científica, no por una revolución epistemológica o metodológica” (Echeverría, 2003, p. 27), descartando así que existan particularidades inherentes al conocimiento tecnocientífico. En una posición ligeramente diferente, Pestre (2005) propone, aunque sin analizar en profundidad, que la tecnociencia presenta una versión particular de la ciencia, una visión reduccionista que involucra la marginación de saberes. Así pues, en este trabajo nos centraremos en este contrapunto, buscando reconocer características distintivas de la dimensión epistémica de la tecnociencia y algunas de sus principales consecuencias.

Los efectos de la tecnociencia han sido abordados desde numerosos ámbitos, principalmente por los riesgos que pueden estar asociados (ver, a modo de ejemplo Beck, 1998 [1986]; Linares, 2008). En efecto, la manipulación de la naturaleza a veces puede traer acarreados ciertos accidentes, pero nuestra experiencia indica que los propios tecnocientíficos involucran una magnitud jamás vista. Así pues, se ha indicado que los accidentes de la tecnociencia encadenan fenómenos naturales con acciones tecnológicas, con consecuencias impredecibles y, muchas veces, catastróficas (Linares, 2008). A su vez, la ubicuidad de la tecnociencia en nuestras sociedades ha hecho la inclusión de la posibilidad del accidente a gran escala en cualquier momento como un elemento más en consideración. De este modo, la situación de vivir bajo riesgo constante ha hecho que el vínculo entre los efectos de la tecnociencia y los riesgos se haya consolidado como un eje ineludible de discusión (Beck, 1998 [1986]).

Pues bien, nos interesa centrarnos aquí en el complejo vínculo entre la dimensión epistémica de la tecnociencia y los potenciales riesgos. En general, el uso del concepto de “riesgo” implica asumir que en el empleo de la tecnociencia algo puede “salir mal”, entendido como una falta de certeza acerca de qué se trata y cuáles son sus implicancias. Así, dichos riesgos suelen ser asociados a un grado de incertidumbre, una ausencia de certeza científica (Winner, 2008 [1986]). Las decisiones tecnocientíficas en las cuales hay riesgos presentes involucran entonces cierto grado de incertidumbre en la cual existe una dinámica compleja entre conocimiento y desconocimiento tecnocientífico (Linares, 2008). De este modo, se ha puesto principal énfasis en cómo se conjugan los riesgos

con dicho no-saber (a modo de ejemplo, ver Japp, 2000; Böschens *et al.*, 2006; Gross, 2007; Beck y Wehling, 2011). Sin embargo, no trabajaremos en el presente artículo la ausencia de conocimiento y los riesgos asociados, sino el modo en que se articulan los saberes elegidos y los riesgos potenciales. Nuestra perspectiva y búsqueda será más bien cómo el enfoque de conocimiento elegido, los cuerpos teóricos seleccionados y las relaciones teóricas establecidas incluyen y/o excluyen factores de riesgo.

Genética molecular y OGM

Sin dudas, las denominadas ciencias de la vida en general, y la biología en particular, no han sido ajenas a la historia y al presente de la tecnociencia. En particular, uno de los campos del saber que ha mostrado una relación más estrecha con los aspectos tecnológicos y con grandes efectos tanto sociales como ambientales ha sido la genética molecular, dada su capacidad de modificación del ADN a través de la ingeniería genética. Así pues, con un campo de saber que se remonta a la década de 1940 ya con fuertes vínculos empresariales,¹ desde los años setenta se encuentra marcada por la elaboración de tecnologías asociadas a la secuenciación y manipulación del ADN. Sin dudas, tal dominio ha permitido un mejor entendimiento de fenómenos a nivel molecular y celular. Pero a su vez, la capacidad de modificar a nivel molecular a los seres vivos ha dado lugar a modificaciones con diversos objetivos y riesgos, no siempre suficientemente reconocidos. En particular, a fines de los años setenta comienzan a surgir numerosas empresas de biotecnología, muchas de ellas relacionadas con el ámbito universitario (Bud, 2001). Más recientemente, la amalgama entre genética molecular e intereses empresariales ha tenido su auge en el desarrollo del proyecto genoma humano, emprendimiento tecnocientífico por autonomía, en el cual, con la promesa de conocer el origen de las enfermedades humanas, convergen numerosas instituciones científicas de todo el mundo y empresas, principalmente farmacéuticas y biotecnológicas (Echeverría, 2003). Asimismo, junto con estas prácticas de gran impacto, capaces de alterar los genomas, diversos sectores de la comunidad científica han advertido sobre los posibles daños sanitarios que pueden surgir de las modificaciones del ADN. Así pues, los riesgos asociados han sido preocupación ya desde los primeros virus recombinantes y, con el objeto de discutirlos, han existido instancias como las conocidas conferencias de Asilomar (1973 y 1975) (ver Krimsky, 1982). Desde luego, las controversias continúan, y la creciente asociación entre empresas y comunidad científica ponen el debate acerca de los riesgos biotecnológicos como necesario y urgente.

Uno de los emprendimientos en los que se conjugan conocimiento científico, intereses empresariales y riesgos son los organismos genéticamente modificados (OGM) de uso agrícola, de enorme impacto a nivel global, pero también a escala regional y local. Dichos organismos son plantas a las cuales se les han agregado uno o más genes con el objetivo de agregar alguna característica adicional a dichas plantas bajo la búsqueda final de aumentar la productividad. Así, por ejemplo, a la conocida soja RR, de amplio uso en nuestro país y en la región, se le ha agregado un gen que le confiere resistencia al herbicida glifosato, comercializado con el nombre Roundup Ready® (RR). De este modo se configura el denominado paquete tecnológico que incluye la diáda semilla modificada genéticamente y un agroquímico, que en el caso particular de la soja RR consiste en el uso extensivo del herbicida para matar todas las malezas que puedan afectar al cultivo.

1. A modo de ejemplo, el propio término genética molecular se le ha atribuido a Warren Weaver, Director de la División de Ciencias Naturales de la Fundación Rockefeller (Abir-Am, 1982). Estas estrechas relaciones entre un discurso pretendidamente descriptivo de la naturaleza pero a la vez con fuerte capacidad de realizar negocios asociados a la innovación.

El empleo de OGM para la agricultura ha presentado objeciones y resistencias en todo el mundo y particularmente en nuestro país, donde comunidades de diferentes territorios y diferentes formas de organización políticas y sociales han presentado oposición a su uso. Así pues, entre las consecuencias que se han señalado a su empleo se encuentran el desplazamiento forzado de comunidades de sus territorios, una agricultura acentuadamente mecanizada en detrimento de formas tradicionales de agricultura, una economía dependiente del valor del precio internacional de la soja, concentración en la comercialización de las semillas en pocas empresas multinacionales (Grupo de Reflexión Rural, 2004; Pengue y Altieri, 2005; Teubal, 2006; Mocase-Vía Campesina, 2008, entre otras), entre otros aspectos. Además, se ha advertido sobre los daños ambientales y sanitarios implicados por la utilización del paquete tecnológico (soja RR + glifosato), entre los cuales vale la pena destacar pérdida de biodiversidad, contaminación de aguas y suelos, y graves problemas de salud en las poblaciones expuestas al herbicida. Existen, a su vez, informes sobre riesgos biológicos asociados al uso de OGM vegetales, tales como daños en su consumo, reacciones alérgicas y la continua aparición de malezas resistentes al herbicida (Ho, 1998).

En este escenario, es importante mencionar que también en el seno de la propia comunidad científica han surgido voces que cuestionan ciertos supuestos epistémicos empleados en los emprendimientos biotecnológicos. En el caso del proyecto genoma humano, numerosos científicos han salido a negar las bases teóricas en las que se sustentaban las promesas vinculadas a la secuenciación del genoma humano (Keller, 1992; Lewontin, 2001). En gran medida, las críticas resaltan las interacciones que a nivel genético y molecular existen y presentan un panorama complejo sobre la forma en que la información genética se expresa, en oposición a la perspectiva “gencentrista” que asume la ingeniería genética (ver a modo de ejemplo Ho, 1998; Krimsky y Gruber, 2013). De esta manera, ciertos autores ya fueron delimitando cuáles son las características epistémicas de la tecnociencia en biología (o tecnobiología, al decir de Echeverría, 2003). Vale la pena entonces la pregunta acerca de si estas particularidades se vinculan con los riesgos asociados a la tecnociencia.

A partir de lo presentado, la pregunta principal del presente trabajo es: para el caso de los OGM agrícolas, respecto de los saberes actuales sobre la genética molecular, ¿qué conocimientos son incluidos y excluidos, y qué relación tiene ello con la consideración o no de ciertos riesgos asociados? Nuestra hipótesis principal es que, en los aspectos epistémicos considerados en la producción e implementación de los OGM vegetales se dan procesos de simplificación epistémica tales que generan la propia omisión de los factores de riesgo. Así pues, en este caso, los riesgos tecnocientíficos no se encontrarían asociados a una ausencia de saber, sino más bien a la elección de un tipo de saber particular que excluye determinados conocimientos y, por ende, a sus riesgos asociados. Con tal objetivo, comparamos los discursos de la comunidad científica en el seno de sus disciplinas y en las instancias de generación y validación de los OGM, esto es, las similitudes y diferencias entre las perspectivas de la genética molecular disciplinar y la genética asociada a OGM de uso agrícola. Así, en la próxima sección realizaremos algunas disquisiciones conceptuales y metodológicas respecto del tipo de comparación realizada. Luego, en la sección 3 presentamos los principales resultados obtenidos y los analizaremos buscando ver si existen simplificaciones del conocimiento científico en las conceptualizaciones asociadas a OGM. Por último, discutimos en la sección 4 cómo la perspectiva epistémica elegida puede generar la omisión de factores de riesgo tecnocientífico.

2. Metodología: acepciones, relaciones, libros y artículos

Nociones de gen y otras entidades de la genética molecular: P y D

Pese a que la visión hegemónica de la ciencia suele presentar una visión monolítica del modo en que se describen ciertas entidades, con frecuencia se reconocen importantes diversidades en el modo de entender ciertos términos clave, aún al seno de una misma área específica. Estas diferencias no solo establecen diversos modos de uso, sino que suelen tener consecuencias significativas en el ámbito epistémico. Una de las nociones que ha mostrado mayor polisemia en la biología es justamente la de gen. Por ello, resulta fundamental aproximarse a los modos de ser caracterizado. De tal manera, en esta sección, en un primer momento presentamos un panorama acerca del significado de dicha entidad en la biología contemporánea, y luego nos explayamos acerca de cómo indagamos en los modos en que el discurso asociado a la biotecnología lo conceptualiza. Comenzamos entonces abordando qué se entiende por “gen” actualmente.

En primer lugar, es preciso señalar que diversos autores plantean que el concepto de gen se encuentra en crisis. En efecto, la noción que ha regido desde los inicios de la genética molecular hasta los años setenta, en la cual el gen se encuentra espacialmente delimitado, y su función, asociada a la producción de una cadena polipeptídica, ya no es válida (concepto “clásico molecular” según Neumann-Held, 1999; “neoclásico”, según Portin, 1993). En consecuencia, han surgido diversas acepciones del concepto, y su uso varía incluso en las diversas subdisciplinas (Fogle, 1990; Stotz, Griffiths y Knight, 2004; Griffiths y Stotz, 2006, 2013; El-Hani, 2007; Meyer, Bomfim y El-Hani, 2013). Así, por ejemplo, Fogle (1990, 2000), al abordar el problema de la espacialidad del gen y observar que no es posible definirlo como una unidad, propone que los genes deben ser definidos como conjuntos de dominios (secuencias) en el ADN. Waters (1994) propone dos nociones de gen, el “gen clásico” y el “molecular”. La primera hace referencia a la conceptualización de la genética en la primera mitad del siglo XX, en la cual los genes son definidos en función de las diferencias que causan en los rasgos observables de los organismos, el fenotipo. En el segundo caso, “el concepto fundamental que subyace a la aplicación del gen en la biología molecular es el de un gen para una secuencia lineal en un producto en alguna etapa de la expresión genética” (Waters, 1994, p. 178).

Griffiths y Neumann-Held (1999) cuestionan la posición de Waters, en tanto para una secuencia genética determinada pueden observarse diferentes fenotipos. En términos de genética molecular, la causa de ello radica en diferentes mecanismos que se registran a partir de la expresión de dicho gen tal como los de modificación de la molécula de ARN, por lo que “varios ‘genes’ se derivarían de un ‘gen’” (Griffiths y Neumann-Held, 1999, p. 657). A partir de ello es que proponen evitar la noción de gen en términos de secuencias de ADN para pasar más bien a otra que se asocie a su capacidad de expresar diferentes productos (ARN, proteínas, etcétera).

Aun reconociendo la diversidad de conceptos, para el presente trabajo consideraremos una de las posiciones más influyentes en filosofía de la biología, la presentada por Lenny Moss (2004). El autor distingue dos nociones de gen. Por un lado, aquella que lo define a partir de su vínculo con el fenotipo. Este caso, que denomina “gen-P”, puede ser identificado a partir de las locuciones de tipo “gen de” o “gen para” un determinado fenotipo, por ejemplo, “gen de semilla amarilla”. En esta definición se asume que el gen presenta alguna relación de tipo causal directa en la presencia o ausencia de un determinado

rasgo fenotípico, en el ejemplo típico de Gregor Mendel, la presencia de semillas amarillas. Esta noción es semejante a la de “gen clásico” presentada por Waters, aunque Moss argumenta que esta conceptualización se mantiene en la biología contemporánea (ver también el concepto de “gen como generador de diferencias” en Keller, 2010). En la segunda acepción, a la cual Moss llama “gen-D”, el gen es indefinido respecto del fenotipo. En palabras de Moss (2004):

Gen-D se define por su secuencia molecular. Un Gen-D es un recurso de desarrollo (de ahí la D) que en sí mismo es indeterminado con respecto al fenotipo. Ser un Gen-D es ser una unidad transcripcional en un cromosoma dentro del cual están contenidos recursos de plantillas moleculares (p. 46).

Así pues, la característica central en la distinción de Moss es el vínculo entre genes y fenotipo. Sin embargo, consideramos que esta distinción puede ser de suma utilidad para otras moléculas del ámbito celular. Por ello, en este trabajo la utilizaremos también para el caso del ARN y las proteínas, de modo de poder indagar tanto en la relación entre ellas como con respecto al fenotipo del organismo. Así pues, en las fuentes consideradas veremos si se considera al gen como gen-D o gen-P, al ARN como ARN-D o ARN-P, y a las proteínas, como proteínas-D o proteínas-P, siendo que aquellas entidades definidas como “-D” sean indeterminadas respecto del fenotipo, y las “-P” sean definidas a partir de su vínculo con él.

Relaciones entre entidades: la pregunta por la linealidad

Junto con la conceptualización de las entidades involucradas —genes, ARN, proteínas—, aparece la pregunta por el tipo de relación que se presenta entre ellas. Entre los diferentes tipos de relaciones, hay una distinción que resulta fundamental a nuestros fines: indagar si estamos (o no) frente a escenarios lineales y deterministas. Se buscarán entonces elementos que complejicen los vínculos entre las entidades, a los que denominaremos “factores complejizantes”. Estos factores son procesos, mecanismos, características biológicas que impiden considerar una relación 1:1 entre los genes, el ARN, las proteínas y el fenotipo. Vale la pena aquí recordar que, hasta los años setenta, se ha considerado que el vínculo era unívoco, siendo la información tal que, del ADN, se obtengan linealmente las moléculas de ARN y otro tanto para las proteínas (Portin, 1993; Neuman-Held, 1999). En gran medida, tal conceptualización proviene de la formulación del “dogma central de la biología molecular” (Crick, 1958), en el cual se establece la dirección del flujo de información genética del ADN a las proteínas, mediado por la molécula del ARN.

De tal modo, es importante mencionar que, en las últimas décadas, se le han presentado algunas restricciones al dogma central, tales como la existencia de retrovirus (los cuales pueden transferir información desde ARN a ADN), la detección de proteínas denominadas “chaperonas”, que dan forma a las proteínas —lo cual pone en duda la hipótesis de que el plegamiento de las proteínas era una simple función de la cadena de aminoácidos—, entre otras (ver Morange, 2008). A su vez, la relación entre genes y proteínas se complejiza a partir del reconocimiento de diferentes modificaciones de los productos del gen dentro del propio núcleo celular. Así, por ejemplo, se reconocen numerosos tipos de modificaciones de las propias moléculas del ARN que terminan generando proteínas con diferentes funciones. De tal forma, seguir la información desde los genes hasta las proteínas no resulta hoy en día una tarea sencilla, dada la no colinealidad en el flujo de información.

Pero a su vez, desde la perspectiva del dogma central, no queda claro de qué manera los genes codifican información para los rasgos fenotípicos, dado que el dogma no propone mecanismos de transmisión de información desde las proteínas hasta el fenotipo. Al respecto, Crick solamente señala: “Se puede argumentar que estas secuencias [de aminoácidos] son la más delicada expresión posible del fenotipo de un organismo y que grandes cantidades de información evolutiva pueden estar escondidas dentro de ellas” (Crick, 1958, p. 142). Lo que Crick quiere decir no es que el fenotipo de un organismo es efectivamente el conjunto de proteínas, porque está claro que los organismos no somos una “sopa de proteínas” (Noble, 2006); sino que entendemos que lo que Crick sugiere es que el fenotipo depende únicamente de las proteínas o, en otros términos, que la información necesaria para explicar las diferentes funciones, comportamientos y morfologías observables a nivel organismo ya se encuentra contenida en la secuencia de aminoácidos, que a su vez se encuentra determinada en la secuencia de ADN. Sin embargo, se han señalado numerosas discrepancias a tal posición. En efecto, se ha remarcado que el contexto en el que los genes y los organismos se encuentran es considerado de suma importancia para entender cómo se forman los fenotipos. En consecuencia, las investigaciones en biología del desarrollo se han acercado a la biología evolutiva y a las diferentes ecologías para poder dar cuenta de la embriogénesis adecuadamente. Desde estas perspectivas, el ambiente es insoslayable, e incluso cumple con el mismo rol causal que los genes (Oyama, 2000; Oyama, Griffiths y Gray, 2003). A su vez, los mismos genotipos pueden dar lugar a formas diferentes, tal como es presentado por el concepto de “plasticidad fenotípica” (West-Eberhard, 1989; Schlichting y Pigliucci, 1998; Lewontin, 2000). Por último, ciertas áreas de la biología de sistemas también han cuestionado la linealidad en la relación genotipo-fenotipo al remarcar el ruido de la expresión genética como fuente de dinámicas no deterministas (Kupiec, Gandrillon, Morange y Silberstein, 2009; Kærn, Elston, Blake y Collins, 2005; Huang, 2015).

En este marco, Huang (2015) observa como problemático que la “causalidad lineal y determinística” (p. 44) siga estando presente tanto en áreas de la biología molecular como en ciertas aproximaciones de la medicina. El autor define a tal visión de la siguiente manera:

[las] explicaciones causales lineales para los fenotipos se resume en los omnipresentes esquemas de ‘flecha-flecha’: A → B, que significa ‘A causa B’, donde A es típicamente una molécula biológica. En el lenguaje de la biología moderna, se dice que A se encuentra ‘más arriba’ [upstream] de B (p. 42)

Siguiendo a Huang, rastrearemos la presencia de relaciones de tipo lineales o no lineales (y denominaremos a estas últimas como “complejas”) teniendo en cuenta la presencia de factores complejizantes.

A partir de lo considerado, en el presente trabajo indagaremos sobre las nociones de entidades involucradas y la presencia o no de relaciones lineales entre ellas en las investigaciones asociadas a OGM agrícolas. El aspecto por aclarar ahora es en qué fuentes se realizará dicho estudio y el tipo de análisis que se habrá de realizar.

Fuentes utilizadas y tipo de análisis realizado

Con el objetivo de indagar si los OGM agrícolas presentan alguna característica particular en términos epistémicos, examinaremos la relación genotipo-fenotipo en la genética molecular disciplinar por un lado, y en investigaciones

asociadas a OGM agrícolas por el otro. Con este fin indagamos tres grupos de fuentes diferentes. Para el análisis en la genética molecular disciplinar examinamos, en primer lugar, libros de texto especializados, empleados como manuales para la enseñanza de los saberes propios de la biología molecular a nivel universitario (ver Apéndice en página 24.), Tabla 1). En segundo lugar, artículos propios de genética molecular (principalmente de plantas) de revistas consideradas de primera categoría —*Nature, Science, Cell*—. En cuanto a la relación entre genes y rasgos fenotípicos en investigaciones asociadas a OGM vegetales, examinamos artículos de revistas asociadas a OGM vegetales —*Transgenic Research, Weed Technology*—. En ambos casos, fueron considerados 30 artículos de 2012 en adelante (ver Apéndice en página 24.), Tablas 2 y 3).

De este modo, en las tres fuentes mencionadas —libros y artículos de genética molecular y artículos de investigaciones asociadas a OGM vegetales— indagaremos acerca de cómo se conceptualiza la relación genotipo-fenotipo, teniendo en cuenta los aportes de Moss (2004) y de Huang (2015). El estudio acerca de dicho vínculo comprenderá dos momentos. En primer lugar, indagaremos acerca de si entidades moleculares son definidas en función del fenotipo (“-P”) o si son indeterminadas (“-D”) respecto de él. En segundo lugar, de acuerdo con Huang (2015), analizamos la presencia y ausencia de factores que conlleven a que una relación lineal deje de serlo. En tal caso entenderemos a dicha relación como no lineal o “compleja”, y a los factores que la generan, como “factores complejizantes”. A partir de lo expuesto, pasamos entonces a mostrar los resultados de los análisis.

3. Resultados

Los resultados están agrupados en tres grandes conjuntos, según la fuente analizada. En el caso de los libros de texto (Tabla 1), en términos generales, los resultados muestran que prevalece el uso de la noción-D tanto para el ADN, el ARN y las proteínas, esto es, indeterminada respecto del fenotipo (Figura 1a). Así, por ejemplo, en la 5^a edición del libro *Biología molecular de la célula*, de Alberts y colaboradores (2008), el gen se define de la siguiente manera:

Región del ADN que es transcrita como una unidad y que transporta la información de una característica hereditaria discreta, que habitualmente corresponde a (1) una sola proteína (o a un conjunto de proteínas relacionadas entre sí generadas por varios procesos postranscripcionales) o (2) un solo ARN (o un conjunto de ARN estrechamente relacionados entre sí. (G:17)

Es decir, la definición responde al vínculo con el ARN o las proteínas, no en relación con el fenotipo. Vale la pena destacar, a su vez, que en el caso del libro *Genética*, de Griffiths y colaboradores (2002), se hace presente una noción de tipo gen-P, debido a que expone las estrategias de conocimiento propias de la genética clásica. A su vez, el tipo de relación entre dichas entidades y también con el aspecto fenotípico del organismo en general muestra una relación de tipo no lineal (Figura 1b), en la que se encuentran representados numerosos factores complejizantes (Figura 1c).

En cuanto a los resultados de los artículos de genética molecular en plantas (Figura 2), se observa también que mayormente las conceptualizaciones son indeterminadas respecto del fenotipo, aunque también se hayan presentes nociones de tipo “-P” (Figura 2a). Al respecto, vale la pena hacer algunas aclaraciones y comentarios. En primer lugar, que la presencia de conceptos

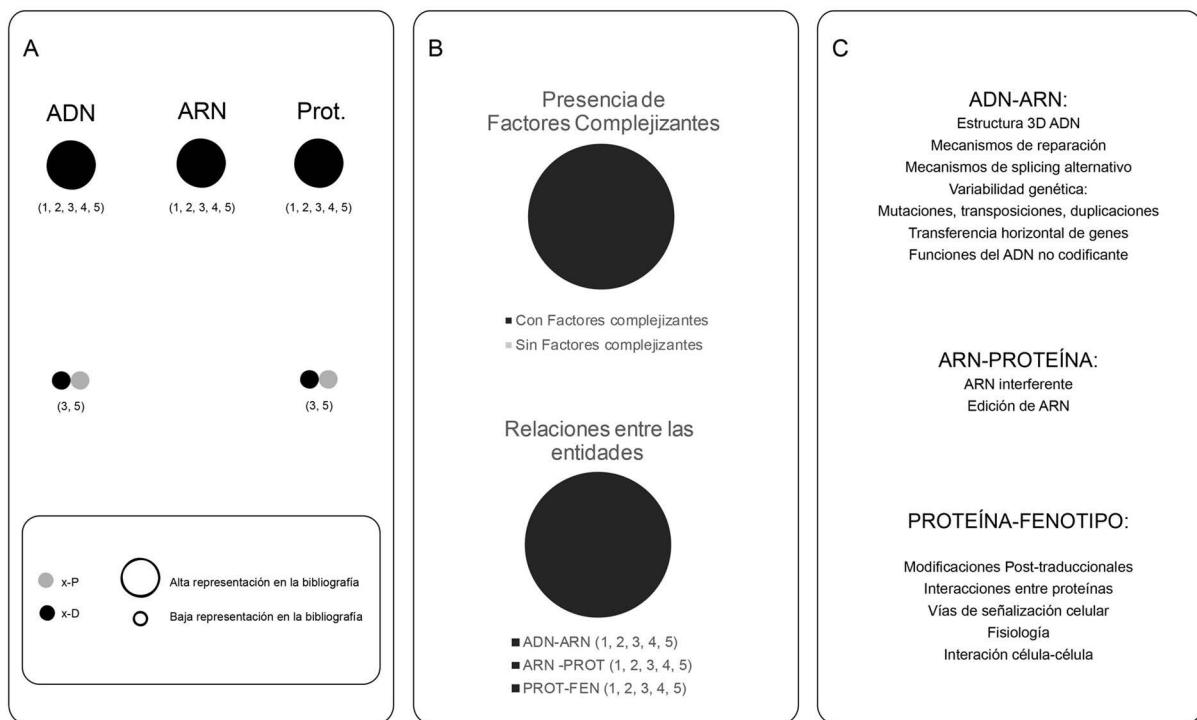


Figura 1. Resultados de las conceptualizaciones halladas en los libros de texto universitarios. En A se muestra la presentación en bibliografía de las nociones. En B se presenta el tipo de relaciones entre entidades. En C se detallan los factores reconocidos en cada caso.

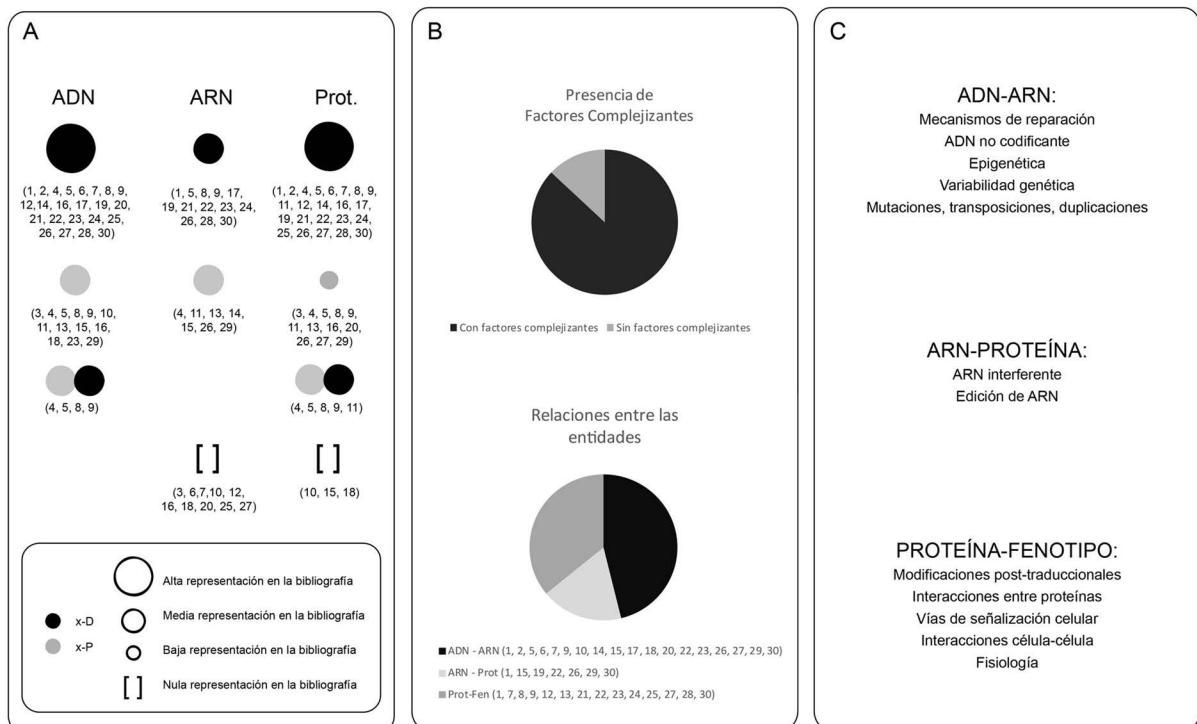


Figura 2. Resultados de las conceptualizaciones halladas en los artículos publicados en revistas especializadas de genética molecular. En A se muestra la presentación en bibliografía de las nociones. En B se presenta el tipo de relaciones entre entidades. En C se detallan los factores reconocidos en cada caso.

indeterminados respecto del fenotipo se da en gran medida en investigaciones en organismos modelo, tales como *Arabidopsis thaliana*. Es el caso del artículo de Wahl y colaboradores (2013) (Tabla 2), en el cual se estudia la regulación de la floración y se asume un escenario complejo para realizar la investigación, ya que se considera que el vínculo entre genes y la floración es lejos de ser lineal y determinista. Así, en el primer párrafo de la introducción se plantea que “las plantas han evolucionado [generando] una intrincada red genética que controla el inicio de la floración en respuesta a señales ambientales y endógenas como la duración del día, temperatura, estado hormonal y disponibilidad de hidratos de carbono” (Wahl *et al.*, 2013, p. 704). En segundo lugar, también parece relevante destacar que las indeterminaciones respecto del fenotipo aparecen en artículos vinculados a biología evolutiva. Un claro ejemplo es el artículo de Lisch (2012), en el cual reseña el rol de los transposones (secuencia de ADN que puede moverse a diferentes partes del genoma) en la evolución de las plantas. Es interesante que aquí, una misma secuencia de ADN incide sobre la formación de los fenotipos, pero a partir de cómo interactúa con otros segmentos de ADN. Una de las formas más frecuentes para ello es, por ejemplo, que el transposón se traslade a la posición de un gen determinado, inactivándolo.

Asimismo, en los artículos referentes a la biología del desarrollo también prevalecen las nociones indeterminadas hacia el fenotipo. Esta perspectiva se debe en gran medida a que, en el desarrollo de los diferentes organismos, las claves ambientales suelen ser factores de suma importancia, tanto como la propia secuencia de ADN. Así se remarca, por ejemplo, en el artículo de English y colaboradores (2015) que “[en su trabajo presentan un marco teórico] basado en la suposición de que, desde la perspectiva del organismo en desarrollo, tanto las entradas [*inputs*] genéticas como no genéticas pueden ser potenciales fuentes de información acerca del régimen selectivo que enfrenta un individuo” (English *et al.*, 2015, p. 2). A su vez, en el artículo de Morris (2014) se critica la posición “proteinocéntrica” —proteína-P, en nuestra nomenclatura— y se propone un cambio en la forma de pensar a partir del “rol del ARN en la célula y en la biología del desarrollo” (p. 1). Agrega a continuación: “La evidencia emergente sugiere que hay más genes codificando para ARNs regulatorios que para proteínas en el genoma humano, y que la cantidad y tipos de regulación genética en organismos complejos ha sido sustancialmente incomprendida” (p. 1).

Por otra parte, es importante destacar que en las investigaciones no siempre aparece claramente qué conceptualización se está considerando, en parte porque suelen emplearse de manera mezclada nociones determinadas e indeterminadas. Esto aparece de manera explícita en forma de promesa. Por ejemplo, en el caso del artículo de Dohm y colaboradores (2013), en el que presentan la secuencia completa de la remolacha, el trabajo se estructura de acuerdo con una noción indeterminada del gen. Sin embargo, arrimándose a una posición de tipo gen-P, propone “La secuencia genómica de la remolacha azucarera habilita la identificación de genes que afectan a rasgos agronómicamente relevantes, respalda el entrecruzamiento molecular [*molecular breeding*] y maximiza el potencial de la planta en biotecnología energética” (p. 546). A su vez, en el artículo de Cook y colaboradores (2012), en el cual se estudia la asociación entre ciertos genes y resistencia de nemátodos a la soja, la investigación se estructura de acuerdo con una noción de tipo gen-P y, sin embargo, sobre el final del artículo, manifiesta: “Los mecanismos bioquímicos de la resistencia mediada por Rhg1 permanecen desconocidos” (p. 2). Y luego agrega que las proteínas codificadas en los genes bajo estudio podrían llegar a participar en

la producción de compuestos tóxicos para nemátodos y *sugiere* determinado mecanismo de acción.

Estos aspectos señalados para la conceptualización de las entidades pueden encontrarse de manera similar en cuanto a la referencia a factores complejizantes (Figura 2b y c). A manera de ejemplo, resaltaremos el artículo de Quint y colaboradores (2016), el cual se fundamenta sobre dichos factores, dado que es un trabajo sobre aspectos de biología del desarrollo (termomorfogénesis) en el modelo *Arabidopsis*. En el resumen se destaca como conclusión: “La termomorfogénesis es integralmente gobernada por varias vías de señalización, el reloj circadiano, mecanismos epigenéticos y regulación a nivel de la cromatina” (p. 1). La divergencia con las relaciones lineales se observa también en el artículo de Zhu (2016) en el cual se estudia la respuesta de las plantas a situaciones de estrés, como falta de agua, infecciones o concentraciones de sal inadecuadas. Allí, el autor argumenta que una de las dificultades de identificar sensores a señales ambientales reside en “la redundancia funcional entre los genes que codifican para proteínas sensoras de manera que la disfunción en un gen no causa fenotipos significativos en respuestas de estrés” (Zhu, p. 313). Así pues, estos ejemplos ilustran la presencia de factores complejizantes a la relación entre genes y características observables de los organismos.

Por último, los artículos asociados a OGM vegetales (Tabla 3) mayormente presentan a entidades de tipo “-P”, esto es, que las entidades ADN, ARN y proteínas son determinadas por el fenotipo (Figura 3a). Aquí vale la pena señalar que nos encontramos básicamente con tres tipos de artículos. Están aquellos en los cuales se prueba o mejora una determinada tecnología (publicados principalmente en revistas como *Weed Technology*); los que investigan

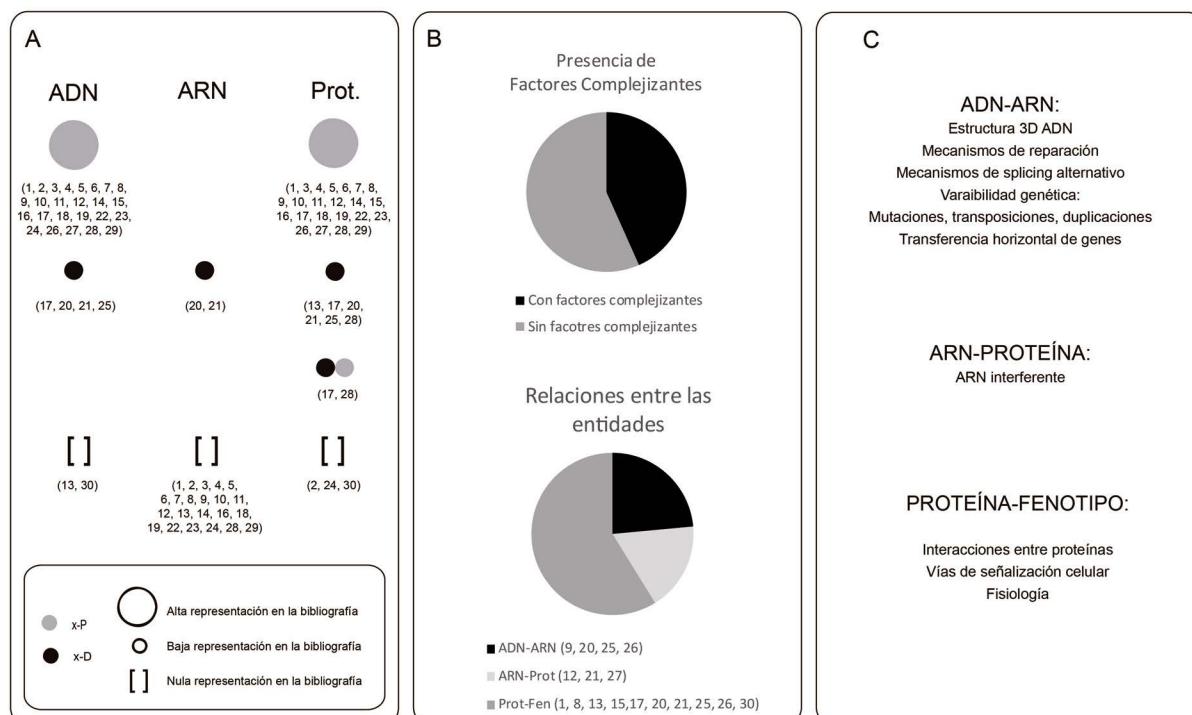


Figura 3. Resultados de las conceptualizaciones halladas en los artículos asociados a OGMs de uso agrícola. A) Mayormente se reconoce la presencia de nociones de tipo “-P”. Prácticamente no hay mención del intermediario ARN. Los números se corresponden con el número de artículo presente en la tabla 3. B) En la mayor parte de los artículos no se reconocen factores complejizantes. C) Lista de factores reconocidos, en pocos artículos (ver el cuerpo del texto).

cómo generar nuevas modificaciones genéticas (publicados en revistas como *Nature*); y aquellos interesados en la detección de la presencia de los transgenes. Para nuestros fines, el último tipo de artículos resultan poco interesantes, ya que constituyen básicamente poner a punto diversas técnicas de identificación. En cuanto a los primeros, hay que destacar que simplemente se asume una relación determinística. Por ejemplo, en el caso de Craigmyle y colaboradores (2013), que se estudia cuál es el mejor modo de aplicación de determinados herbicidas (2,4-D y glufosinato), se asume un vínculo de tipo gen-P y proteína-P (el ARN no es mencionado):

El transgén responsable de la degradación de 2,4-D en estas plantas es un sustrato bacteriano de la enzima ariloxialcanoato dioxigenasa (AAD). El gen AAD-12 que ha sido incorporado en soja resistente a 2,4-D actúa en herbicidas auxínicos de piridiloxiacetato como triclopir y fluroxipir, junto con 2,4-D. [...] Este rasgo debe presentar a los productores nuevas opciones para el control de malezas de hoja ancha que han adquirido [*have evolved*] resistencia a glifosato (p. 79).

Aquí, el vínculo entre gen, proteína y característica observable —planta resistente a herbicida— es estrecho. El gen es responsable de la producción de una proteína que le da un rasgo particular a la planta. Esto genera dos efectos sumamente significativos a nuestros fines. Por un lado, la omisión del ARN implica la no consideración de todos los mecanismos de modificación de este, que conllevan justamente a evitar una relación de tipo lineal entre la molécula de ADN y la proteína. A su vez, la caracterización de ambos en términos P reafirma dicha relación lineal, no solo entre sí, sino también del propio fenotipo del organismo.

A su vez, es interesante señalar que, en aquellos artículos en los cuales se piensa cómo generar nuevas modificaciones genéticas —vale decir, los que todavía se encuentran en etapas relacionadas con el diseño— se presentan visiones deterministas, pero reconocen ciertos elementos complejizantes. Al respecto, se puede mencionar el artículo de Paiva Rolla y colaboradores (2013), el cual se propone aportar en dirección de desarrollar plantas tolerantes a la sequía. Su estrategia consiste en “[insertar por ingeniería genética] plantas con factores de transcripción que regulan la expresión de varios genes relacionados a respuestas de defensa de estrés abiótico” (p. 1); en particular, emplean un factor de transcripción que es regulado por déficit de agua y baja temperatura. A través de tal estrategia reconoce las limitaciones de aproximaciones tradicionales, dado que no es posible que exista un “gen de tolerancia a sequía” porque es evidente que las respuestas de una planta a una sequía son múltiples e “influenciadas por el tiempo, la intensidad, la duración y la frecuencia del estrés así como por diversas interacciones planta-suelo-atmósfera” (p. 2). Así pues, su visión es del tipo gen-P, pero reconocen que el rasgo en cuestión presenta origen multigénico.

Uno de los artículos que más nos han llamado la atención entre aquellos asociados al diseño de OGM vegetales es “Un análisis comparativo de efectos por inserción [*insertional effects*] en plantas modificadas genéticamente: consideraciones para evaluaciones pre-mercado” de Schnell y colaboradores (2014). En él se asume una visión de tipo gen-D, y se plantea:

Dada la complejidad de las células de plantas y las limitaciones actuales de la ingeniería genética, rasgos no intencionales pueden surgir [...] en adición a la nueva característica. Los rasgos no intencionales son cambios fenotípicos en la planta que se pueden materializar como consecuencia de cambios genéticos tales

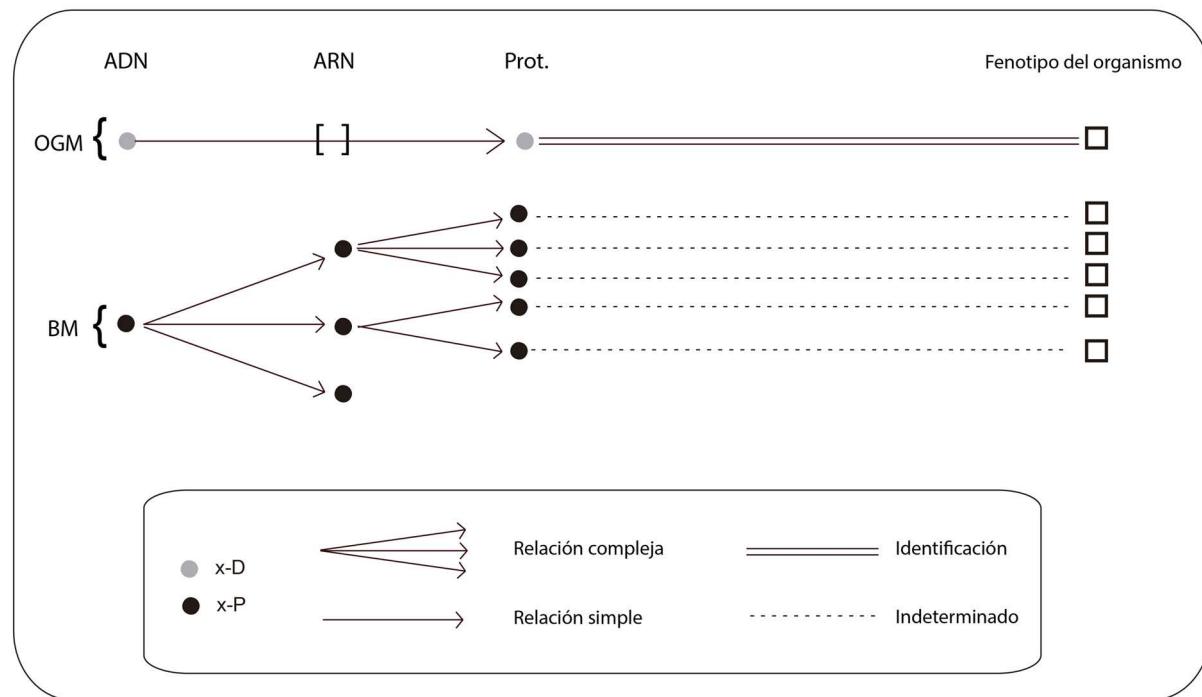
como inserciones de ADN, supresiones o rearreglos, los cuales pueden tener lugar durante el procedimiento de ingeniería genética y el proceso de cultivo de tejido asociado (p. 2).

Así pues, pensando en cómo construir mejores transgénicos para el mercado, los autores advierten efectos no deseados que se observan al asumir una definición de los conceptos no determinada respecto del fenotipo. En la misma línea que este artículo también se encuentra el de Ladics y colaboradores (2015), el cual analiza ciertos efectos no intencionales en la producción de organismos genéticamente modificados y, en una posición interesante para nuestro trabajo, intenta despegarlos de posibles daños ambientales: “Una observación común es que [efectos] ‘no intencionales’ no necesariamente significan ‘nocivos’” (p. 3). El reconocimiento de efectos no intencionales por modificaciones genéticas da la pauta de que existen elementos teóricos que no están siendo considerados en la producción de OGM agrícolas, no precisamente por desconocimiento —ya que en gran medida se pueden explicar y ambos artículos son ejemplo de ello—, sino porque se elige qué tener en cuenta y qué no.

En cuanto a la presencia de factores complejizantes, en la mayor parte de los artículos estos se encuentran ausentes (Figura 3b). En general, tal ausencia se debe a que mayormente no se intenta reconstruir cómo es que el transgén produce el fenotipo —los mecanismos moleculares con los cuales se arriba a los fenómenos observables—, sino que se busca mostrar la presencia del transgén en la planta y caracterizar el fenotipo alcanzado. Vale la pena mencionar, sin embargo, cómo otras estrategias de investigación asociadas a OGM presentan factores que complejizan la relación entre genotipo y fenotipo. Por ejemplo, en el artículo de Quijano y colaboradores (2014) se comparan patrones de expresión genética de OGM con el mismo transgén (Pm3b) y se concluye acerca del rol del ambiente en las diferencias encontradas: “nuestros datos proporcionan evidencia de que el entorno influyó en la expresión genética en las líneas Pm3b más que el transgén mismo” (p. 87). Sin dudas, para explicar tales resultados es necesario recurrir a factores complejizantes, que pongan de relieve la no linealidad entre genes y fenotipo (Figura 3c).

Con los resultados presentados, podemos decir, a grandes rasgos, que puede reconocerse una tendencia de simplificación de la complejidad en los trabajos realizados en el ámbito particular de los OGM, respecto de los propios del ámbito científico disciplinario. En consecuencia, parece darse que la tecnociencia de los OGM agrícolas involucra un fuerte proceso de *simplificación epistémica*, el cual consiste en linealizar relaciones complejas, conceptualizando a las entidades de manera determinística y soslayando factores complejizantes (Figura 4).

Por otra parte, es importante observar que la simplificación del conocimiento no se produce de manera abrupta; hay cierto continuo en el que algunos artículos primeramente clasificados como propios de la genética disciplinaria resultan con posiciones más lineales que otros etiquetados propiamente asociados a los OGM. Este continuo es el que marca el carácter híbrido de la tecnociencia en el que tecnología y ciencia se vuelven difíciles de separar, en tanto la mezcla de conceptualizaciones (lineales y no lineales) permite que las propias descripciones y explicaciones científicas sean dadas para que las entidades puedan ser manipulables de acuerdo con intereses mercantiles. Vale la pena remarcar que en varios de los artículos de la genética disciplinaria se encuentra explícito que las investigaciones presentan el objetivo último de mejorar el rendimiento de los cultivos. Pero por otra parte, el hecho mismo



de encontrar simplificaciones en el conocimiento asociado a OGM agrícolas nos da la pauta de que hay elementos que están siendo dejados por fuera del ámbito de las instrumentalizaciones y manipulaciones que necesita el mercado. En efecto, la complejidad señalada para la biología de las plantas muestra que no todo el conocimiento parece poder ser adaptado a la búsqueda de beneficios económicos. Así pues, en el conocimiento tecnocientífico parecen convivir explicaciones y descripciones del mundo que son subsumidas con fines pragmáticos, pero también aquellas que no lo son.

Figura 4. Comparación entre la visión de la genética molecular y la de la biología molecular disciplinar. En el caso de los OGMs, se presentan relaciones simples (lineales), en el que un gen codifica para una proteína y esta se identifica con el fenotipo. Por el contrario, para la biología molecular, los vínculos son complejos e indeterminados.

4. A modo de cierre: simplificación epistémica y riesgos

En esta instancia volvamos a nuestro marco general, esto es, el vínculo entre saberes y riesgos. Tal como señalamos en la introducción, desde la aparición de la noción de riesgo asociada a la tecnociencia, los debates han girado en términos de que los riesgos tecnocientíficos se relacionan con ausencia de conocimiento acerca de qué puede suceder. Desde las voces más influyentes, es ese desconocimiento el que genera un riesgo. Sin embargo, aquí hemos reconocido otro tipo de vínculo: muchos de los riesgos pueden asociarse a un saber positivo no considerado. Sin que se derive de este aspecto la falsa idea de que sólo la ciencia puede reconocer riesgos a partir de las prácticas tecnocientíficas, resulta interesante reconocer que en el seno de la propia ciencia se presenta una diversidad significativa que es omitida en los campos tecnológicos. De esta manera, no es que no se sepa qué es lo que puede llegar a suceder en la práctica tecnocientífica, más bien, se elige no saber a partir de esquemas monistas que excluyen factores de riesgo.

Así pues, observamos que en los OGM algunos autores han identificado daños debido a la no consideración de la complejidad existente entre genotipo y fenotipo. Así pues, en el estudio de Duke (2010), se muestra un aumento de malezas con resistencia a glifosato y, entre las explicaciones posibles a ello, sugiere que podría tratarse de mecanismos de transferencia horizontal de genes. Asimismo,

Ho (1998) presenta varios casos —ocultados por las empresas— en los que se han tenido que retirar productos del mercado por interacciones no deseadas, tales como alergias y la producción de toxinas nocivas para los seres humanos. Los artículos analizados que estudian a los OGM antes de ser lanzados al mercado, como el de Ladics y colaboradores (2015) son también buenos ejemplos de los vínculos entre riesgos y simplificación epistémica.

Otro de los elementos a resaltar es el tono de promesa en los que varios artículos se sitúan. Así pues, vale la pena destacar el cruce que varios autores realizan al tener una visión de tipo gen-P y prometer que en algún momento se encontrarán las bases moleculares que demuestren la conexión entre el genotipo y el fenotipo (y viceversa). Estas promesas parecen responder a escenarios más ligados al ámbito comercial que a la actividad científica propiamente dicha.

En este escenario vale entonces preguntarse: ¿de qué se trata esta simplificación? ¿Con qué se asocia? Y, ¿cómo se la comprende? Considerados los interrogantes en su conjunto, los resultados asociados a los OGM dejan tres elementos que precisan ser considerados frente a la necesidad de qué tipo de tecnociencia es la que se está produciendo, qué relaciones muestra con las reivindicaciones de las comunidades respecto de sus modos de vida y el tipo de Naturaleza asociada. La exacerbación de los aspectos deterministas y las nociones asociadas al fenotipo muestran un vínculo estrecho con promesas agronómicas y económicas, incrementos de productividad y beneficios de diferente orden, pero inseparable de una omisión de factores complejizantes potenciales. Se establece así una no consideración de factores de riesgo generados desde el propio recorte y simplificación de marcos teóricos para generar escenarios lineales y deterministas, exacerbando un tipo de consideración de la tecnociencia que podemos entender como publicitaria. ¿A qué nos referimos? Se trata de un doble aspecto complementario. Por un lado, una publicidad que realiza afirmaciones en términos de promesas y donde las necesidades de los consumidores están en relación directa con la de los productores. Por otro lado, la publicidad nunca establece los potenciales costos asociados. Aún reconociendo que las necesidades en cuestión pudieran ser saldadas con dicho producto, nunca se señalan potenciales efectos negativos o no considerados, o simplemente alternativas a dicha opción. De este modo, la tecnociencia se presenta con similares características. Tres elementos aparecen fuertemente asociados a los elementos epistémicos que presenta: simplificación, promesas y omisión de factores de riesgo. Desde sus propios productos comerciales, establecen vínculos directos con simplificaciones que, llevadas al extremo, generan un mapa de promesas exacerbadas y riesgos omitidos. Cabe entonces finalizar con aquella afirmación de Primo Levi en *Los hundidos y los salvados*, ahora en un contexto diferente pero igualmente aplicable: “este deseo de simplificación está justificado, la simplificación no siempre lo está” (pp. 16).

□ Referencias bibliográficas

- » Abir-Am, P. (1982). The Discourse of Physical Power and Biological Knowledge in the 1930s: A Reappraisal of the Rockefeller Foundation's Policy in Molecular Biology. *Social Studies of Science*, 12(3), 341-382.
- » Beck, U. 1998 [1986]. *La sociedad del riesgo. Hacia una nueva modernidad*. Barcelona: Paidós.
- » Beck, U. y Wehling, P. (2011). The politics of non-knowing: An emerging area of social and political conflict in reflexive modernity. En P. Baert y F. D. Rubio (Eds.), *The Politics of Knowledge* (pp. 33-57). Nueva York: Routledge.
- » Böschens, S., Kastenhofer, K., Marschall, L., Rust, I., Soentgen, J. y Wehling, P. (2006). Scientific cultures of non-knowledge in the controversy over genetically modified organisms (GMO): the cases of molecular biology and ecology. *GAIA-Ecological Perspectives for Science and Society*, 15(4), 294-301.
- » Bud, R. (2001). History of biotechnology. *Encyclopedia of Life Sciences*. DOI:10.1038/npg.els.0003086
- » Crick, F. H. (1958). On protein synthesis. *The Symposia of the Society of Experimental Biology*, 12, 138-163.
- » Cuevas, A. (2005). The many faces of science and technology relationships. *Essays in Philosophy*, 6(1), 3.
- » Duke, S. O. (2010). Glyphosate degradation in glyphosate-resistant and-susceptible crops and weeds. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 59(11), 5835-5841.
- » Echeverría, J. (2003). *La revolución tecnocientífica*. Madrid: Fondo de Cultura Económica.
- » El-Hani, C. N. (2007). Between the cross and the sword: the crisis of the gene concept. *Genetics and Molecular Biology*, 30(2), 297-307.
- » Fogle, T. (1990). Are genes units of inheritance? *Biology and Philosophy*, 5(3), 349-371.
- » Fogle, T. (2000). The dissolution of protein coding genes in molecular biology. En P. Beurton, R. Falk y H.-J. Rheinberger (Eds.), *The concept of the gene in development and evolution: Historical and epistemological perspectives* (pp. 3-25). Cambridge, Reino Unido: Cambridge University Press.
- » Griffiths, P. E. y Neumann-Held, E. M. (1999). The many faces of the gene. *BioScience*, 49(8), 656-662.
- » Griffiths, P. E. y Stotz, K. (2006). Genes in the postgenomic era. *Theoretical Medicine and Bioethics*, 27(6), 499-521.
- » Griffiths, P. y Stotz, K. (2013). *Genetics and philosophy: An introduction*. Cambridge, Reino Unido: Cambridge University Press.
- » Gross, M. (2007). The unknown in process: Dynamic connections of ignorance, non-knowledge and related concepts. *Current Sociology*, 55(5), 742-759.
- » Grupo de Reflexión Rural (2004). Contra encuentro Iguazú. Recuperado de <https://iae.princeton.edu/catalog/283a4fb6-2424-46de-ac38-32ceb3c1e6df#?c=oym=oys=oycv=oyxywh=-371%2Co%2C5438%2C6418>
- » Ho, M. W. (1998). *Genetic engineering-dream or nightmare?: the brave new world of bad science and big business*. Bath, Reino Unido: Gateway Books.

- » Hottois, G. (1999). *El paradigma bioético: una ética para la tecnociencia*. Barcelona: Anthropos.
- » Huang, S. (2015). Limits to Deterministic-Linear Causality in Biomedicine: Effects of Stochasticity and Non-Linearity in Molecular Networks. En M. Bertolaso (Ed.), *The Future of Scientific Practice: 'bio-techno-logos'* (pp. 41-64) Londres: Pickering y Chatto.
- » Japp, K. P. (2000). Distinguishing non-knowledge. *Canadian Journal of Sociology/Cahiers canadiens de sociologie*, 25(2), 225-238.
- » Kærn, M., Elston, T. C., Blake, W. J. y Collins, J. J. (2005). Stochasticity in gene expression: from theories to phenotypes. *Nature Reviews Genetics*, 6(6), 451-464.
- » Keller, E. F. (1992). Nature, nurture, and the human genome project. En D. J. Kevles y L. E. Hood (Eds.), *The code of codes: Scientific and social issues in the human genome project* (pp. 281-299). Cambridge, Estados Unidos: Harvard University Press.
- » Keller, E. F. (2010). *The mirage of a space between nature and nurture*. Durham, Estados Unidos: Duke University Press.
- » Krimsky, S. (1982). *Genetic alchemy*. Cambridge: MIT Press.
- » Krimsky, S. y Gruber, J. (Eds) (2013). *Genetic explanations: sense and nonsense*. Cambridge, Estados Unidos: Harvard University Press.
- » Kupiec, J. J., Gandrillon, O., Morange, M., y Silberstein, M. (2009). *Le hasard au coeur de la cellule: probabilités, déterminisme, génétique*. París: Syllepse.
- » Latour, B. (2001). *La esperanza de Pandora: ensayos sobre la realidad de los estudios de la ciencia*. Barcelona: Gedisa.
- » Levi, P. (2000). *Los hundidos y los salvados*. Barcelona: Muchnik.
- » Lewontin, R. C. (2000). *Genes, organismo y ambiente: Las relaciones de causa y efecto en biología*. Barcelona: Gedisa.
- » Lewontin, R. C. (2001). *It ain't necessarily so: The dream of the human genome and other illusions*. Nueva York: Nueva York Review of Books.
- » Linares, J. E. (2008). *Ética y mundo tecnológico*. México: Fondo de Cultura Económica.
- » Meyer, L. M. N., Bomfim, G. C. y El-Hani, C. N. (2013). How to understand the gene in the twenty-first century? *Science & Education*, 22(2), 345-374.
- » Mocase-Vía Campesina (2008). Paro en el campo: comunicado del Mocase-Vía Campesina. Recuperado de <http://anred.org/spip.php?breve3325>
- » Morange, M. (2008). What history tells us XIII. Fifty years of the Central Dogma. *Journal of Biosciences*, 33(2), 171-175.
- » Moss, L. (2004). *What genes can't do*. Cambridge: MIT press.
- » Neumann-Held, E. (1999). The gene is dead - Long live the gene: Conceptualizing genes the constructionist way. En P. Koslowski (Ed.), *Sociobiology and bioeconomics: The theory of evolution in biological and economic thinking* (pp. 105-137). Berlín: Springer.
- » Niiniluoto, I. (1997). Ciencia frente a Tecnología: ¿Diferencia o identidad? *Arbor*, 157(620), 285-299.
- » Noble, D. (2006). *The music of life: biology beyond genes*. Oxford, Reino Unido: Oxford University Press.
- » Oyama, S. (2000). *The ontogeny of information. Developmental systems and evolution*. Durham, Estados Unidos: Duke University Press.

- » Oyama, S., Griffiths, P. E. y Gray, R. D. (Eds.). (2003). *Cycles of contingency: Developmental systems and evolution*. Cambridge: MIT Press.
- » Pengue, W. A. y Altieri, M. A. (2005). La soja transgénica en América Latina. Una maquinaria de hambre, deforestación y devastación socio ecológica. *Ecología Política*, 30, 87-94.
- » Pestre, D. (2005). *Ciencia, política y dinero*. Buenos Aires: Nueva Visión.
- » Portin, P. (1993). The concept of the gene: short history and present status. *The Quarterly Review of Biology*, 68(2), 173-223.
- » Schlücht, C. D. y Pigliucci, M. (1998). *Phenotypic evolution: a reaction norm perspective*. Sunderland, Estados Unidos: Sinauer Associates Incorporated.
- » Stotz, K., Griffiths, P. E. y Knight, R. (2004). How biologists conceptualize genes: an empirical study. *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences*, 35(4), 647-673.
- » Teubal, M. (2006). Expansión del modelo sojero en la Argentina. De la producción de alimentos a los commodities. *Realidad Económica*, 220, 71-96.
- » Waters, C. K. (1994). Genes made molecular. *Philosophy of Science*, 61(2), 163-185.
- » West-Eberhard, M. J. (1989). Phenotypic plasticity and the origins of diversity. *Annual review of Ecology and Systematics*, 20(1), 249-278.
- » Winner, L. (2008) [1986]. *La ballena y el reactor*. Barcelona: Gedisa.

Apéndices

Tabla 1. Libros de texto analizados

- Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K. y Walter, P. (2008). *Biología molecular de la célula*, 5ta ed. Barcelona: Omega.
- Gilbert, S. F. (2005). *Biología del desarrollo*, 7ma ed., Buenos Aires: Editorial Médica Panamericana.
- Griffiths, A. J. F., Miller, J. H., Suzuki, D. T., Lewontin, R. C. y Gelbart, W. (2002). *Genética*, 7ma ed. Madrid: Mc Graw Hill-Interamericana.
- Lodish, H. F., Berk, A., Matsudaira, P., Kaiser, C. A., Krieger, M., Scott, M. P., Zipursky, S. L. y Darnell, J. (2005). *Biología molecular y celular*, 5º ed. Buenos Aires: Editorial Médica Panamericana.
- Nicholl, D. S. (2008). *An introduction to genetic engineering*. Cambridge: Cambridge University Press.

Tabla 2. Artículos sobre genética molecular analizados

1. Albert, V. A., Barbazuk, W. B., Der, J. P., Leebens-Mack, J., Ma, H., Palmer, J. D., ... y Soltis, P. S. (2013). The Amborella genome and the evolution of flowering plants. *Science*, 342(6165), 1467. doi: 10.1126/science.1241089
2. Bredeson, J. V., Lyons, J. B., Prochnik, S. E., Wu, G. A., Ha, C. M., Edsinger-Gonzales, E., ... y Nauluvula, P. (2016). Sequencing wild and cultivated cassava and related species reveals extensive interspecific hybridization and genetic diversity. *Nature Biotechnology*, 34(5), 562-570.
3. Chen, H., Xie, W., He, H., Yu, H., Chen, W., Li, J., ... y Tang, X. (2014). A high-density SNP genotyping array for rice biology and molecular breeding. *Molecular Plant*, 7(3), 541-553.
4. Cook, D. E., Lee, T. G., Guo, X., Melito, S., Wang, K., Bayless, A. M., Wang J., Hughes, T., Willis, D. K., Clemente, T. E., Diers, B. W., Jiang, J., Hudson, M. E. y Bent, A. F. (2012). Copy number variation of multiple genes at Rhg1 mediates nematode resistance in soybean. *Science*, 338(6111), 1206-1209.
5. Coustham, V., Li, P., Strange, A., Lister, C., Song, J. y Dean, C. (2012). Quantitative modulation of polycomb silencing underlies natural variation in vernalization. *Science*, 337(6094), 584-587.
6. Dohm, J. C., Minoche, A. E., Holtgräwe, D., Capella-Gutiérrez, S., Zakrzewski, F., Tafer, H., ... y Goesmann, A. (2014). The genome of the recently domesticated crop plant sugar beet (*Beta vulgaris*). *Nature*, 505(7484), 546-549.
7. English, S., Pen, I., Shea, N. y Uller, T. (2015). The information value of non-genetic inheritance in plants and animals. *PloS one*, 10(1), e0116996. doi:10.1371/journal.pone.0116996
8. Grotewold, E. (2016). Flavonols drive plant microevolution. *Nature Genetics*, 48(2), 112-113.
9. Huang, R., Jiang, L., Zheng, J., Wang, T., Wang, H., Huang, Y. y Hong, Z. (2013). Genetic bases of rice grain shape: so many genes, so little known. *Trends in Plant Science*, 18(4), 218-226.
10. Huang, X., Yang, S., Gong, J., Zhao, Q., Feng, Q., Zhan, Q., ... y Chen, N. (2016). Genomic architecture of heterosis for yield traits in rice. *Nature*, 537(7622), 629-633.
11. Jia, J., Zhao, S., Kong, X., Li, Y., Zhao, G., He, W... y Jing, R. (2013). *Aegilops tauschii* draft genome sequence reveals a gene repertoire for wheat adaptation. *Nature*, 496(7443), 91-95.
12. Jones, A. M., Xuan, Y., Xu, M., Wang, R. S., Ho, C. H., Lalonde, S., ... y Su, T. (2014). Border control—a membrane-linked interactome of *Arabidopsis*. *Science*, 344(6185), 711-716.
13. Lanfear, R., Ho, S.Y.W., Davies, J., Moles, A. T., Aarssen, L., Swenson, N. G., Warman, L., Zanne, A. E. y Allen, A. P. (2013). Taller plants have lower rates of molecular evolution. *Nature Communications*, 4, 1879. doi: 10.1038/ncomms2836
14. Lisch, D. (2013). How important are transposons for plant evolution? *Nature Reviews Genetics*, 14(1), 49-61.
15. Liu, W., Yuan, J. S., y Stewart Jr, C. N. (2013). Advanced genetic tools for plant biotechnology. *Nature Reviews Genetics*, 14(11), 781-793.
16. Ma, Y., Dai, X., Xu, Y., Luo, W., Zheng, X., Zeng, D... y Xiao, J. (2015). COLD1 confers chilling tolerance in rice. *Cell*, 160(6), 1209-1221
17. Marí-Ordóñez, A., Marchais, A., Etcheverry, M., Martin, A., Colot, V. y Voinnet, O. (2013). Reconstructing de novo silencing of an active plant retrotransposon. *Nature Genetics*, 45(9), 1029-1039.

18. Meyer, R. S., y Purugganan, M. D. (2013). Evolution of crop species: genetics of domestication and diversification. *Nature Reviews Genetics*, 14(12), 840-852.
19. Morris, K. V., y Mattick, J. S. (2014). The rise of regulatory RNA. *Nature Reviews Genetics*, 15(6), 423-437.
20. Patten, M. M. (2016). Epigenetics: Imprinting evolution in Arabidopsis. *Nature Plants*, 2(10), 16152. doi: 10.1038/nplants.2016.152
21. Quint, M., Delker, C., Franklin, K. A., Wigge, P. A., Halliday, K. J. y van Zanten, M. (2016). Molecular and genetic control of plant thermomorphogenesis. *Nature Plants*, 2(1), 15190. doi:10.1038/nplants.2015.190
22. Shi, J., Cui, M., Yang, L., Kim, Y. J. y Zhang, D. (2015). Genetic and biochemical mechanisms of pollen wall development. *Trends in Plant Science*, 20(11), 741-753.
23. Sun, L., Miao, Z., Cai, C., Zhang, D., Zhao, M., Wu, Y., ... y Nelson, R. L. (2015). GmHs1-1, encoding a calcineurin-like protein, controls hard-seededness in soybean. *Nature Genetics*, 47(8), 939-943.
24. Van der Krol, A. R. e Immink, R. G. (2016). Secrets of the world's most popular bedding plant unlocked. *Nature Plants*, 2(6), 16082. doi: 10.1038/nplants.2016.82
25. Wahl, V., Ponnu, J., Schlereth, A., Arrivault, S., Langenecker, T., Franke, A., Franke, A., Feil, R., Lunn, J. E., Stitt M. y Schmid, M. (2013). Regulation of flowering by trehalose-6-phosphate signaling in *Arabidopsis thaliana*. *Science*, 339(6120), 704-707.
26. Wang, Q., Nian, J., Xie, X., Yu, H., Zhang, J., Bai, J... y Xie, Q. (2018). Genetic variations in ARE1 mediate grain yield by modulating nitrogen utilization in rice. *Nature Communications*, 9(1), 735. doi: 10.1038/s41467-017-02781-w
27. Weller, J. L., y Ortega, R. (2015). Genetic control of flowering time in legumes. *Frontiers in Plant Science*, 6, 207. doi: 10.3389/fpls.2015.00207
28. Xu, C., Liberatore, K. L., MacAlister, C. A., Huang, Z., Chu, Y. H., Jiang, K., ... y Van Eck, J. (2015). A cascade of arabinosyl transferases controls shoot meristem size in tomato. *Nature Genetics*, 47(7), 784-792.
29. Zhang, L., Yu, H., Ma, B., Liu, G., Wang, J., ... y Zhang, Y. (2017). A natural tandem array alleviates epigenetic repression of IPA1 and leads to superior yielding rice. *Nature Communications*, 8, 14789. doi: 10.1038/ncomms14789
30. Zhu, J. K. (2016). Abiotic stress signaling and responses in plants. *Cell*, 167(2), 313-324.

Tabla 3. Artículos asociados a OGM analizados.

1. Ainsworth, E. A., Yendrek, C. R., Skoneczka, J. A. y Long, S. P. (2012). Accelerating yield potential in soybean: potential targets for biotechnological improvement. *Plant, Cell & Environment*, 35(1), 38-52.
2. Anbazhagan, K., Bhatnagar-Mathur, P., Vadez, V., Dumbala, S. R., Kishor, P. K. y Sharma, K. K. (2015). DREB1A overexpression in transgenic chickpea alters key traits influencing plant water budget across water regimes. *Plant Cell Reports*, 34(2), 199-210.
3. Aulakh, J. S. y Jhala, A. J. (2015). Comparison of glufosinate-based herbicide programs for broad-spectrum weed control in glufosinate-resistant soybean. *Weed Technology*, 29(3), 419-430.
4. Azadi, H., Samiee, A., Mahmoudi, H., Jouzi, Z., Rafiaani Khachak, P., De Maeyer, P. y Witlox, F. (2016). Genetically modified crops and small-scale farmers: main opportunities and challenges. *Critical Reviews in Biotechnology*, 36(3), 434-446.
5. Baktavachalam, G. B., Delaney, B., Fisher, T. L., Ladics, G. S., Layton, R. J., Locke, M. E., ... y Evans, S. L. (2015). Transgenic maize event TC1507: Global status of food, feed, and environmental safety. *GM crops y food*, 6(2), 80-102.
6. Bruce, T. J. (2012). GM as a route for delivery of sustainable crop protection. *Journal of experimental botany*, 63(2), 537-541.
7. Craigmyle, B. D., Ellis, J. M. y Bradley, K. W. (2013). Influence of weed height and glufosinate plus 2, 4-D combinations on weed control in soybean with resistance to 2, 4-D. *Weed technology*, 27(2), 271-280.
8. de Paiva Rolla, A. A., Carvalho, J. D. F. C., Fuganti-Pagliarini, R., Engels, C., Do Rio, A., Marin, S. R. R., ... y Neumaier, N. (2014). Phenotyping soybean plants transformed with rd29A: AtDREB1A for drought tolerance in the greenhouse and field. *Transgenic Research*, 23(1), 75-87.

9. Gressel, J. (2015). Dealing with transgene flow of crop protection traits from crops to their relatives. *Pest Management Science*, 71(5), 658-667.
10. Johnson, G., Breitenbach, F., Behnken, L., Miller, R., Hoverstad, T. y Gunsolus, J. (2012). Comparison of herbicide tactics to minimize species shifts and selection pressure in glyphosate-resistant soybean. *Weed Technology*, 26(2), 189-194.
11. Kamle, S. y Ali, S. (2013). Genetically modified crops: detection strategies and biosafety issues. *Gene*, 522(2), 123-132.
12. Kanchiswamy, C. N., Malnoy, M., Velasco, R., Kim, J. S. y Viola, R. (2015). Non-GMO genetically edited crop plants. *Trends in Biotechnology*, 33(9), 489-491.
13. Komatsu, S., Mock, H. P., Yang, P. y Svensson, B. (2013). Application of proteomics for improving crop protection/artificial regulation. *Frontiers in Plant Science*, 4, 522. doi:10.3389/fpls.2013.00522
14. Kovács, G., Sági, L., Jacon, G., Arinaitwe, G., Busogoro, J. P., Thiry, E. ... y Remy, S. (2013). Expression of a rice chitinase gene in transgenic banana ('Gros Michel', AAA genome group) confers resistance to black leaf streak disease. *Transgenic Research*, 22(1), 117-130.
15. Kovalchuk, N., Jia, W., Eini, O., Morran, S., Pyvovarenko, T., Fletcher, S., ... y Langridge, P. (2013). Optimization of TaDREB3 gene expression in transgenic barley using cold-inducible promoters. *Plant Biotechnology Journal*, 11(6), 659-670.
16. Ladics, G. S., Bartholomaeus, A., Bregitzer, P., Doerrer, N. G., Gray, A., Holzhauser, T., ... y Parrott, W. (2015). Genetic basis and detection of unintended effects in genetically modified crop plants. *Transgenic Research*, 24(4), 587-603.
17. Liu, F., Zhao, Q., Mano, N., Ahmed, Z., Nitschke, F., Cai, Y., ... y Emes, M. J. (2016). Modification of starch metabolism in transgenic *Arabidopsis thaliana* increases plant biomass and triples oilseed production. *Plant Biotechnology Journal*, 14(3), 976-985.
18. Moura-Melo, S., Miranda-Castro, R., de-los-Santos-Álvarez, N., Miranda-Ordieres, A. J., dos Santos Junior, J. R., da Silva Fonseca, R. A. y Lobo-Castañón, M. J. (2017). A Quantitative PCR-Electrochemical Genosensor Test for the Screening of Biotech Crops. *Sensors*, 17(4), 881. doi:10.3390/s17040881
19. Prado, J. R., Segers, G., Voelker, T., Carson, D., Dobert, R., Phillips, J., ... y Reynolds, T. (2014). Genetically engineered crops: from idea to product. *Annual Review of Plant Biology*, 65, 769-790.
20. Quijano, C. D., Brunner, S., Keller, B., Gruisse, W. y Sautter, C. (2015). The environment exerts a greater influence than the transgene on the transcriptome of field-grown wheat expressing the *Pm3b* allele. *Transgenic Research*, 24(1), 87-97.
21. Rajeev Kumar, S., Anunanthini, P. y Ramalingam, S. (2015). Epigenetic silencing in transgenic plants. *Frontiers in Plant Science*, 6, 693. doi:10.3389/fpls.2015.00693
22. Ribeiro, T. P., Arraes, F. B. M., Lourenço-Tessutti, I. T., Silva, M. S., Lisei-de-Sá, M. E., Lucena, W. A., ... y Alves-Ferreira, M. (2017). Transgenic cotton expressing Cry10Aa toxin confers high resistance to the cotton boll weevil. *Plant Biotechnology Journal*, 15(8), 997-1009.
23. Rubio, J., Montes, C., Castro, Á., Alvarez, C., Olmedo, B., Munoz, M., ... y Miccono, M. (2015). Genetically engineered Thompson Seedless grapevine plants designed for fungal tolerance: selection and characterization of the best performing individuals in a field trial. *Transgenic Research*, 24(1), 43-60.
24. Ruen, D. C., Scherder, E. F., Ditmarsen, S. C., Prasifka, P. L., Ellis, J. M., Simpson, D. M., ... y Hopkins, B. W. (2017). Tolerance of corn with glyphosate resistance and the aryloxyalkanoate dioxygenase trait (AAD-1) to 2, 4-D choline and glyphosate. *Weed Technology*, 31(2), 217-224.
25. Schnell, J., Steele, M., Bean, J., Neuspiel, M., Girard, C., Dorman, N., ... y Macdonald, P. (2015). A comparative analysis of insertional effects in genetically engineered plants: considerations for pre-market assessments. *Transgenic Research*, 24(1), 1-17.
26. Selvaraj, M. G., Ishizaki, T., Valencia, M., Ogawa, S., Dedicova, B., Ogata, T., ... y Takahashi, F. (2017). Overexpression of an *Arabidopsis thaliana* galactinol synthase gene improves drought tolerance in transgenic rice and increased grain yield in the field. *Plant biotechnology Journal*, 15(11), 1465-1477.
27. Tan, S., Han, R., Li, P., Yang, G., Li, S., Zhang, P., ... y Yin, L. P. (2015). Over-expression of the *MxIRT1* gene increases iron and zinc content in rice seeds. *Transgenic research*, 24(1), 109-122.

28. Vuong, T. D., Sonah, H., Meinhardt, C. G., Deshmukh, R., Kadam, S., Nelson, R. L., Shannon, J.G. y Nguyen, H. T. (2015). Genetic architecture of cyst nematode resistance revealed by genome-wide association study in soybean. *BMC genomics*, 16(1), 593. doi:10.1186/s12864-015-1811-y.
29. Wu, E. y Zhao, Z. Y. (2017). Agrobacterium-Mediated Sorghum Transformation. *Plant Germline Development*, 1669, 355-364. doi:10.1007/978-1-4939-7286-9_2
30. Zhou, M. y Luo, H. (2013). MicroRNA-mediated gene regulation: potential applications for plant genetic engineering. *Plant Molecular Biology*, 83(1-2), 59-75.

