



ENFRENTANDO EL RETO DE EVALUAR LOS
DAÑOS AMBIENTALES OCASIONADOS POR
ORGANISMOS GENÉTICAMENTE MODIFICADOS

Valeria Alavez¹
Melania Vega^{1,2}
Alejandra Hernández-Terán^{3,4}
Ana E. Escalante³
Denise Arroyo-Lambaer¹
Ana Wegier^{1*}

¹ Laboratorio de Genética de la Conservación, Jardín Botánico, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, C. P. 04510, México.

² Posgrado en Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Autónoma de México.

³ Laboratorio Nacional de Ciencias de la Sostenibilidad, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, C. P. 04510, México.

⁴ Posgrado en Ciencias Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México.

* Autor para correspondencia: awegier@ib.unam.mx

Resumen

Esta propuesta surge a partir de la necesidad de evaluar y comparar los daños ambientales que los organismos genéticamente modificados pudieran ocasionar. Estos cambios ambientales son, a su vez, procesos de atropización complejos, que se originan en distintos niveles ecosistémicos, consecuencia de cuatro diferentes tipos de adversidad (el flujo de genes, los cambios ocasionados por los organismos genéticamente modificados (OGM) en sí mismos, efectos en organismos que no son el objetivo de desarrollo de los OGM y la evolución de la resistencia de los organismos que se pretende controlar con el OGM). Esto a su vez se relaciona con el tiempo que duran los impactos en el ambiente y las acciones que se pueden realizar para mitigarlos. Poner en práctica esta metodología debe integrar la mayor cantidad de información disponible sobre los organismos que se estén evaluando y a su vez apoyará a identificar la información faltante. Con este modelo esperamos contribuir a una mejor aplicación de las leyes y proporcionar una herramienta útil para los tomadores de decisiones, investigadores y sociedad civil interesada, así como propiciar las discusiones científicas sobre el tema.

Introducción

Las poblaciones humanas manejan, con diferente intensidad, los ecosistemas, sus componentes, procesos y funciones, con el propósito de adaptar los ambientes para hacerlos más habitables y asegurar la disponibilidad y continuidad de los recursos (Morales *et al.*, 2017). La domesticación es un proceso evolutivo continuo derivado de dicha interacción con el ambiente y es quizás la manifestación humana más importante de la transformación del planeta (Kareiva *et al.*, 2007). Generalmente, el proceso de domesticación se estudia a nivel de poblaciones, pero también puede ser entendido desde una perspectiva del paisaje (Clements *et al.*, 2014) por lo que, como consecuencia de la complejidad socioambiental del espacio y el tiempo, se analiza a partir de diversas disciplinas; sin embargo, independientemente del enfoque de estudio, sus causas y

efectos son componentes de los procesos de antropización (Szujecki, 1987; August *et al.*, 2002; Bogaert *et al.*, 2011).

Los procesos de domesticación pueden implicar distintos manejos, prácticas o técnicas, que dependen de la especie de interés y su entorno. En Mesoamérica, por ejemplo, los paisajes son transformados a causa de prácticas conocidas dentro de los procesos *in situ* de domesticación de plantas, pero que son aplicables a cualquier especie: recolección sistemática (los productos o individuos completos son seleccionados, extraídos y transportados) (Casas *et al.*, 2007); individuos tolerados para su aprovechamiento en paisajes transformados; estimulación del crecimiento con base en estrategias dirigidas a incrementar la densidad de algunas especies útiles; o especies protegidas mediante la eliminación de competidores y depredadores de la especie de interés, protección contra adversidades climáticas e incluso adición de insumos al sistema (Diamond, 2002; Larson y Fuller, 2014). Estos procesos impactan en cada población que conforma la comunidad y en las comunidades que forman el ecosistema o agroecosistema.

En la actualidad existe una nueva tecnología directamente relacionada con el manejo y domesticación de plantas, conocida como ingeniería genética moderna. Esta técnica, a partir de un conjunto de métodos biotecnológicos, permite la transferencia de ADN entre organismos muy distantes taxonómicamente o su modificación y edición de la misma especie. Dichas modificaciones, generalmente motivadas por intereses económicos externos a los paisajes transformados, pueden conducir a impactos ambientales muchas veces inesperados, dentro o fuera del área de liberación, que adquieren gran relevancia a causa de la creciente demanda mundial de la producción de OGM; (Hails, 2000; Hilbeck *et al.*, 2011; Brookes y Barfoot, 2012; Arpaia *et al.*, 2017).

La utilización a gran escala de la ingeniería genética moderna ha generado la necesidad del desarrollo de leyes locales y tratados internacionales para regular su uso seguro. Debido a lo anterior y a la naturaleza de las transformaciones genéticas, los efectos no esperados más documentados o previstos teóricamente son aquellos que afectan directa o indirectamente a la fauna (Tabashnik *et al.*, 2008; Tabashnik *et al.*, 2013; Zeilinger *et al.*, 2015), sin embargo, a partir de una visión integral del entorno, pueden esperarse consecuencias en otros componentes del ecosistema, tales como alteraciones en las cadenas tróficas a las que pertenece la fauna afectada, pero también otras propiedades emergentes de los niveles ecológicos superiores. Por lo tanto, pro-

ponemos un método práctico que podría utilizarse cuando exista sospecha de un impacto ambiental -en cualquiera de sus niveles- causado por OGM, empleando cualquier información disponible o sirviendo de guía para generar una línea de base apropiada para estudios adicionales y esfuerzos de monitoreo. Así, pretendemos entender a los componentes del ecosistema dentro de una metodología que permita cuantificar y comparar los daños ocasionados por los OGM (figura 1).



Figura 1. Representación esquemática de la metodología para la evaluación de daño ambiental causado por OGM.

Definición de daño ambiental producido por OGM

Desde 1992, el Convenio sobre la Diversidad Biológica (CDB) y, posteriormente, el Protocolo de Cartagena sobre Seguridad de la Biotecnología (2000), mencionaron la posibilidad de que se produzcan “efectos secundarios”, “riesgos potenciales” e, incluso, “impactos o daños ambientales” causados por OGM, sin proponer una definición formal de dichos conceptos. En México, a raíz de estas y otras preocupaciones regulatorias, surge la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados (LBOGM; 2005) que a su vez menciona de manera recurrente términos como: “posibles riesgos”, “efectos adversos”, “daños graves, irreversibles, irreparables, al medio ambiente y a la diversidad biológica”, sin definirlos, ni mencionar las implicaciones de los mismos (DOF 08/03/2005). Con el fin de llenar ese vacío conceptual y con la creciente necesidad de regular las actividades vinculadas a los OGM en el mundo, el Protocolo Suplementario de Nagoya-Kuala Lumpur sobre Responsabilidad y Compensación del Protocolo de Cartagena (2010), definió como daño: *un efecto adverso en la conservación y el uso sostenible de la diversidad biológica teniendo en cuenta los*

riesgos para la salud humana. Además, el protocolo establece claramente que el daño a la biodiversidad debe ser medible, o por lo menos observable, con base en evidencia científica sólida. En consecuencia, provee elementos a evaluar para determinar si el daño es significativo: a) que el cambio sea a largo plazo o permanente (no será reparado por recuperación natural en un periodo de tiempo razonable); b) el alcance de los cambios cualitativos o cuantitativos que afectan negativamente a los componentes de la diversidad biológica; c) la reducción de la capacidad de los componentes de la diversidad biológica para proporcionar bienes y servicios; y d) la amplitud de los efectos adversos sobre la salud humana en el contexto del Protocolo.

La definición que plantea el Protocolo de Nagoya-Kuala Lumpur, establece el punto de partida hacia la evaluación del daño ambiental, sin embargo, la falta de una metodología para cuantificarlo impide la aplicación legal y práctica del documento (Bartz *et al.*, 2010; Sanvido *et al.*, 2011; 2012). El CDB, discute que la introducción de OGM puede incluir impactos adversos y significativos sobre la diversidad biológica, la cual se entiende como: la variabilidad de organismos vivos de cualquier fuente, incluyendo ecosistemas terrestres, marinos y otros ecosistemas acuáticos y los complejos ecológicos de los que forman parte. Esto incluye diversidad dentro de especies, entre especies y de ecosistemas (CDB, 1993). Por lo tanto, la determinación del daño requiere que los recursos naturales sean considerados en su totalidad y en términos de sus componentes. Estos componentes van desde los genes hasta los niveles ecológicos superiores, tomando en cuenta las propiedades emergentes de cada uno (*e.g.* composición, estructura, funciones; Bartz *et al.*, 2010) e incluyendo los factores abióticos. Lo anterior sienta un marco teórico sobre el cual se establecen los elementos y parámetros que deben ser considerados en las metodologías que persiguen evaluar el daño ambiental.

Tipos de daño ambiental ocasionado por OGM

Para poner en práctica la metodología que plantearemos, primero es necesario definir cuatro categorías de daños ambientales que se han relacionado con los OGM (NRC, 2002; Ervin *et al.*, 2003; Ellstrand, 2006; Lu y Yang, 2009). Las evaluaciones se deben realizar, cuando exista sospecha de un impacto ambiental causado por OGM o simplemente para monitorear su ausencia. Se recomienda conformar un Comité Técnico-Científico (CTC) conformado por expertos en áreas teóricas y apli-

cadadas, que pueda delegar a especialistas los estudios necesarios para emitir las resoluciones finales.

Tipo 1: Los daños asociados con el movimiento de los genes y su subsiguiente expresión en diferentes organismos y especies

Los daños asociados con el movimiento de genes pueden suceder por varias vías de dispersión. Los más estudiados son la transferencia horizontal y el flujo génico, el cual puede ocurrir después de la migración de semillas, propágulos GM, cigotos, huevos y larvas, entre otros (Ellstrand, 2003).

La dispersión de polen o gametas da una oportunidad para la transferencia sexual de transgenes a organismos relacionados, incluyendo otras especies, variedades del cultivo de la misma o parientes silvestres de la especie y parientes cercanos (Ellstrand, 1999; 2003). El vector específico depende de las características de cada organismo, siendo el viento, agua, insectos y mamíferos, los principales transportes (Lu y Yang, 2009). El flujo génico además podría ocurrir sistemáticamente con diferente intensidad, por lo que sus características y causas se deben incorporar. Una vez que el flujo génico o la introgresión ha ocurrido se desconoce el nuevo contexto genético, por lo tanto, es generalmente indeterminado su riesgo por las evaluaciones previas a la liberación del OGM.

El flujo de genes entre los cultivos GM y las poblaciones asilvestradas de los cultivos o parientes silvestres, puede generar maleza que contenga adaptaciones derivadas de sus progenitores, tales como mayor tiempo de latencia de las semillas o reducción de asistencia humana para la reproducción, que son suficientes para incrementar la persistencia e invasividad de estas plantas como malezas (Goodman y Newell, 1985; Ellstrand, 1988; NCR, 1989; Fitter *et al.*, 1990; Boudry *et al.*, 1993; Keeler *et al.*, 1996; Snow y Moran Palma, 1997; Ammann *et al.*, 2000; NCR, 2000; Lu y Yang, 2009). Esto tiene un efecto en la composición del paisaje, las comunidades y ecosistemas, además de un impacto directo en los agroecosistemas (NRC, 2002).

Otro de los daños asociados a la dispersión de polen y gametas, es la sustitución de las especies comunes y locales por las que tienen transgenes, incrementando los riesgos de extinción por hibridación (Ellstrand y Elam, 1993; Johnson *et al.*, 2006). Los modelos teóricos han demostrado que la extinción por hibridación puede proceder rápidamente, resultando en una extinción local de poblaciones. Un ejemplo de

esto es la hibridación entre cultivos y parientes silvestres implicados en un incremento de riesgo de extinción, como la desaparición de los cocos silvestres (Harries, 1995), el flujo genético de especies cultivadas de nogal hacia las poblaciones silvestres en California (Skinner y Pavlik, 1994; Potter *et al.*, 2002), o bien, el impacto en el salmón del Atlántico (*Salmon salar*) por el escape e invasión de salmón cultivado en granjas (Fleming *et al.*, 2000).

Tipo 2: Daños asociados causados directa o indirectamente por los OGM

Este daño se identifica cuando es provocado por el OGM y las subsiguientes generaciones, ya sea directamente en los ecosistemas o en los servicios ecosistémicos asociados. Los *efectos directos* pueden llevarse a cabo por derrames accidentales de semillas durante el proceso de transporte (Crawley y Brown, 1995; Johnson *et al.*, 2006; Von Der Lippe y Kowarik, 2007) o bien, puede ocurrir directamente desde los cultivos GM hacia los ambientes que se encuentran en los alrededores (Arnaud *et al.*, 2003; Dyer *et al.*, 2009) o incluso dentro del mismo agroecosistema donde fueron legal o ilegalmente sembrados. Las consecuencias usualmente asociadas con la dispersión de semillas es un incremento de malezas y plantas invasoras, por lo tanto, ocurre un cambio de las interacciones dentro de las comunidades, entre otras (Dale *et al.*, 2002; Ervin *et al.*, 2003; Gepts y Papa, 2003; Johnson *et al.*, 2006; Lu y Yang, 2009).

Los OGM pueden convertirse en un riesgo ambiental debido a los rasgos que reciben para mejorar su aptitud y el rendimiento ecológico. Dependiendo de su ubicación, algunos cultivos (por ejemplo, los tomates) evolucionan hacia un fenotipo de tipo salvaje muy rápidamente y se podrían convertir en poblaciones asilvestradas viables en la generación F₂. La existencia de estas poblaciones demuestra que los transgenes que confieren adaptación a importantes factores limitantes pueden crear riesgos significativos relacionados con la planta completa, especialmente si los efectos ecológicos de los cultivos GM son evaluados en forma global (NRC, 2002; Hancock, 2003). La frecuencia de las poblaciones asilvestradas de los cultivos también revela la dificultad de distinguir entre los daños provocados por el flujo de genes y aquellos provocados por toda la planta. Se ha propuesto que este tipo de daño podría, de igual manera, ocurrir posterior a la liberación de otros organismos, tal es el caso de los mosquitos GM (*Anopheles gambiae*), siendo los principales riesgos la disminución en la aptitud de los organismos GM y la aparición de cepas resistentes (Riehle *et al.*, 2003).

Los efectos asociados indirectamente a OGM dependen de la expresión de los transgenes. Los OGM podrían causar un daño ambiental en los factores abióticos asociados a los mismos, como por ejemplo, agua, suelo o aire, reduciendo la calidad del medio ambiente y su sustentabilidad (Stotzky, 2000; US Environmental Protection Agency, 2000; Dale *et al.*, 2002; Dunfield y Germida, 2004), o con repercusiones sobre los servicios ecosistémicos. Un ejemplo de efectos sobre el servicio ecosistémico de abastecimiento, es el caso de la miel de abeja en la Península de Yucatán, que comenzó a ser rechazada por los mercados internacionales en 2014 debido a la presencia de polen GM en la misma (Vera, 2012; Villanueva-Gutiérrez *et al.*, 2014).

Tipo 3: Los daños a los organismos no blanco

Los organismos *no blanco* son todos aquellos individuos que el diseño y uso del OGM no pretende afectar. A la fecha, la gran mayoría de los estudios publicados que examinan esta problemática se han centrado en los transgenes con propiedades insecticidas, fuera y dentro de los agroecosistemas. La lista de las posibles especies no blanco es muy extensa, algunos OGM ni siquiera fueron creados con un blanco específico, si no que se desarrollan, por ejemplo, para sobre expresar o inhibir alguna característica intrínseca, tales como disminución de la oxidación en manzanas (Bulley *et al.*, 2007) y maduración tardía en tomates (Wang *et al.*, 2005). Estos organismos pueden ser convenientemente agrupados en cinco categorías que no son mutuamente excluyentes: 1) especies benéficas, incluyendo los enemigos naturales de las plagas (crisopas, catarinas, avispas parásitas, microbios y parásitos) y los polinizadores (abejas, moscas, escarabajos, mariposas, aves y murciélagos); 2) plagas no blanco; 3) los organismos del suelo; 4) las especies que no entraron en las categorías anteriores y fueron afectadas por los OGM; y 5) daños en especies presentes en otros sistemas productivos (Hilbeck *et al.*, 1998a; Hilbeck *et al.*, 1998b; NRC, 2002).

Un claro ejemplo es la alteración en la tasa de sobrevivencia y fecundidad de los pulgones *Aphis gossypii* y *Myzus persicae* cuando son afectados por Cry1A+CpTI y nptII (Alla *et al.*, 2003) respectivamente, que fueron diseñados para controlar plagas específicas de lepidópteros (Liu *et al.*, 2005) y aunque aún no está reportado un efecto adverso, está demostrado que el transgén puede estar presente en los depredadores de los organismos blanco (Harwood *et al.*, 2005; Obrist *et al.*, 2006). Por otro lado, a nivel comunidad, se ha observado la modificación de las interacciones y diversidad

de la artropofauna debido a la alteración que tienen las poblaciones de organismos blanco (Sosa y Almada, 2014 ; Pálinskás *et al.*, 2017). Otro reporte de alteración a nivel comunidad en nematodos es el de Liu y colaboradores (2015).

Tipo 4: Evolución en organismos blanco

Los organismos blanco son las especies que se pretende controlar al diseñar y usar un OGM. En muchos de los casos el *Tipo 4* no se aplicará porque todas las especies relacionadas con el OGM serán analizadas en el *Tipo 3*, por ejemplo, cuando la evaluación se realice en un ecosistema donde no se pretendía la liberación del OGM. Aunque exista el pariente silvestre de la especie plaga, será tomado como organismo no blanco, ya que no era el uso previsto de la tecnología.

La evolución de la resistencia puede ocurrir en los organismos que son objeto de control del OGM debido a la presión de selección constante (Gould, 2000; Moyes *et al.*, 2002; Senior *et al.*, 2002). Su daño potencial es esperado cuando los controles alternativos tienen más riesgos ambientales que el uso del OGM. En insectos, malezas y patógenos microbianos, se ha demostrado el potencial para contrarrestar las tácticas de control utilizadas en su contra (Barrett, 1983; Georghiou, 1986; Georghiou y Lagunes, 1988; NRC, 2000; Green, 2014). La resistencia de los insectos a los cultivos Bt se considera inevitable y se están haciendo esfuerzos por la *us Environmental Protection Agency* (EPA) para controlar la evolución de resistencia de estos OGM, además de generalizar el uso de refugios. OGM resistentes a virus, hongos y bacterias no han sido utilizados ampliamente, sin embargo, se han documentado casos de su rápida evolución en controles convencionales (menos de 5 años, Delp 1988). La evolución de las malezas tolerantes a herbicidas es un riesgo ambiental indirecto (Ramachandran *et al.*, 2000; VanGessel, 2001). Los OGMs tolerantes a los herbicidas están diseñados de tal forma que herbicidas específicos puedan ser utilizados para controlar las malezas, sin embargo, generalmente después de que el cultivo ha emergido, el riesgo es tener que utilizar herbicidas cada vez más dañinos para el ambiente: activos por más tiempo, con mayor cantidad de ingredientes activos, mezclados con otros agentes que dañen otros recursos naturales y a la salud o que provoquen el cambio en el uso de la tierra exclusivamente por cultivos GM, o el abandono total o parcial de tierras (NRC, 2002; Bejarano *et al.*, 2017).

Componentes de la evaluación de daño ambiental causado por OGM

Para establecer ciertos parámetros que formarán parte de nuestra medida compuesta de “daño ambiental”, consideramos pertinente definir tres elementos inherentes al daño: *adversidad*, *significancia* y *permanencia*. Estos aspectos serán relevantes para: 1) determinar la magnitud del daño; 2) permitir que los daños sean comparables en el tiempo y el espacio; y 3) proporcionar información para realizar una evaluación de los costos de remediación.

Adversidad: Se refiere al tipo de daño relacionado al efecto que el OGM tiene en el medio ambiente (ver sección, Tipos de daño ambiental ocasionado por OGM).

Significancia: El nivel ecosistémico donde el daño impacta. La significancia se determinará con base en efectos detectados en las propiedades emergentes de cada nivel (*e.g.* Población: tamaño, densidad, tasas de natalidad, mortalidad o crecimiento, diversidad y estructura genética, adecuación, etcétera; Comunidad: riqueza, abundancia, composición u otros; Ecosistema: productividad primaria, estructura trófica, servicios ecosistémicos de abastecimiento, regulación, apoyo, culturales y evolutivos, entre otros).

Permanencia: El tiempo en que un efecto puede ser revertido.

Finalmente, la medida de daño ambiental puede agravarse si especies y/o áreas legalmente protegidas se ven afectadas.

Propuesta metodológica para la evaluación de daño ambiental causado por OGM

El método puede iniciarse analizando si se observan cambios cualitativos en las diferentes áreas o directamente con el método cuantitativo mostrado abajo (por razones de espacio, omitiremos la primera aproximación).

A. Evaluación de adversidad, significancia y permanencia

Es necesario responder a las preguntas A1, A2 y A3, que se presentan a continuación, para evaluar la existencia y magnitud de los efectos ambientales adversos causados por OGM. La información colectada se empleará para completar la tabla 1, que se introduce abajo. En ella, los diferentes impactos serán ponderados de acuerdo a su adversidad y significancia en el ambiente. Para llenar esta tabla, el valor numérico asociado a las categorías de permanencia de la pregunta A3 debe ser reemplazado en las funciones T_p , T_c y T_e , como se explicará con detalle más adelante. Después de realizar las operaciones pertinentes, se obtendrá un valor preliminar de daño ambiental (Z).

A1. *Adversidad.* ¿Cuál de los 4 tipos de impacto se ha identificado?

A2. *Significancia.* ¿En qué niveles ecosistémicos el impacto ha tenido consecuencias y cuántas poblaciones, comunidades y/o ecosistemas han sido afectados?

A3. *Permanencia.* ¿En cuánto tiempo el efecto podría ser revertido? Este tiempo se denota por las funciones T_p , T_c y T_e , que dependen de cada población, comunidad, ecosistema y su tipo de daño, respectivamente. Denotamos por P al conjunto de poblaciones, C al conjunto de comunidades, E al conjunto de ecosistemas y por $X = \{1,2,3,4\}$ al conjunto de tipos de daño. Los elementos de P (las diferentes poblaciones) se describen por la variable p , elementos de C (las distintas comunidades) se describen por la variable c , elementos de E (los diferentes ecosistemas) se describen por la variable e y los elementos de X se denotan por la variable x , de manera que: $T_p(p,x)$ es el tiempo de permanencia del daño x en X correspondiente a la población p en P ; $T_c(c,x)$ es el tiempo de permanencia del daño x en X correspondiente a la comunidad c en C ; y $T_e(e,x)$ es el tiempo de permanencia del daño x en X correspondiente al ecosistema e en E . Dada una población p en P y un daño x en X , se asignan los siguientes valores a $T_p(p,x)$ de acuerdo al tiempo en que puede revertirse el daño observado: *sin efecto* ($T(p,x)=0$); *antes dos años* ($T(p,x)=1$); *entre dos a cinco años* ($T(p,x)=2$); *entre cinco a ocho años* ($T(p,x)=3$); *entre ocho y 10 años* ($T(p,x)=4$); *perma-*

necerá más de 10 años o es irreversible ($T(p,x)=5$). Las mismas categorías aplican para $T_c(c,x)$ y $T_e(e,x)$.

Tabla 1. Evaluación de adversidad, significancia y permanencia.

	Tipo 1	Tipo 2	Tipo 3	Tipo 4
Población	$\sum_{p \in P} T_p(p, 1)$	$\sum_{p \in P} T_p(p, 2)$	$\sum_{p \in P} T_p(p, 3)$	$\sum_{p \in P} T_p(p, 4)$
Comunidad	$ S * \sum_{c \in C} T_c(c, 1)$	$ S * \sum_{c \in C} T_c(c, 2)$	$ S * \sum_{c \in C} T_c(c, 3)$	$ S * \sum_{c \in C} T_c(c, 4)$
Ecosistema	$ S * \sum_{e \in E} T_e(e, 1)$	$ S * \sum_{e \in E} T_e(e, 2)$	$ S * \sum_{e \in E} T_e(e, 3)$	$ S * \sum_{e \in E} T_e(e, 4)$
	$Z_1 = 3$	$Z_2 = 2$	$Z_3 = 3$	$Z_4 =$
	$\left(\sum_{p \in P} T_p(p, 1) \right) * \left(\sum_{p \in P} T_p(p, 2) \right) + \left(S * \sum_{c \in C} T_c(c, 1) \right) + \left(S * \sum_{e \in E} T_e(e, 1) \right)$	$\left(\sum_{p \in P} T_p(p, 2) \right) * \left(\sum_{p \in P} T_p(p, 3) \right) + \left(S * \sum_{c \in C} T_c(c, 2) \right) + \left(S * \sum_{e \in E} T_e(e, 2) \right)$	$\left(\sum_{p \in P} T_p(p, 3) \right) * \left(\sum_{p \in P} T_p(p, 4) \right) + \left(S * \sum_{c \in C} T_c(c, 3) \right) + \left(S * \sum_{e \in E} T_e(e, 3) \right)$	$\left(\sum_{p \in P} T_p(p, 4) \right) + \left(S * \sum_{c \in C} T_c(c, 4) \right) + \left(S * \sum_{e \in E} T_e(e, 4) \right)$
Total por tipo de daño Z_X				
Daño parcial Z	$Z = \sum_{x \in X} Z_X$			

En la tabla 1, la significancia en los niveles de comunidad y ecosistema se ponderarán por el número de especies afectadas, cuyo conjunto se denota por S ; los elementos de S (las diferentes especies) se describen por la variable s , de manera que $|S|$ denota el número de elementos de S . La adversidad, por otra parte, se ponderará por un factor numérico relacionado a los efectos del daño a largo plazo sobre el uso de la diversidad (ver total por tipo de daño en esta tabla).

B. Agravantes

A continuación, se evaluarán dos factores agravantes a la medida de daño de acuerdo a especies y áreas identificadas con protección especial. A partir de las preguntas B1 y B2, mostradas abajo, se obtendrán dos valores que se sumarán al valor de daño ambiental (Z) obtenido anteriormente. Este análisis se realizará con base en los acuerdos internacionales pertinentes y al marco legal local del lugar donde se esté evaluando el daño.

B1. ¿Las especies analizadas están dentro de una categoría de protección especial? Por ejemplo: especies prioritarias, NOM-059-SEMARNAT, lista roja de especies amenazadas de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN) o cualquier otra.

El primer factor agravante se denota por la función S_p , que depende de cada especie y su categoría de protección especial. Como mencionamos arriba, S es el conjunto de especies afectadas, y denotamos por $Y = \{1, 2, 3, \dots, n\}$ al conjunto de categorías de protección especial. Los elementos de S se describen por la variable s y los elementos de Y se denotan por la variable y , de manera que: $S_p(s, y)$ es el agravante de y en Y correspondiente a la especie s en S . Dada una especie s en S y una categoría de protección especial y en Y , se asignan los siguientes valores a $S_p(s, y)$: *sin protección especial* ($S_p(s, y) = 1$); *dentro de cualquier categoría de protección especial* ($S_p(s, y) = 2$); *otros criterios relevantes para expertos* ($S_p(s, y) = 2$). Así, el primer factor agravante, dependiente de la protección legal con la que cuentan las especies evaluadas, se obtiene de la siguiente manera:

$$Sp = \sum_{s \in S} Sp(s, y)$$

B2. ¿Las áreas identificadas en el análisis pertenecen a una categoría de protección legal? Tales como: categorías de áreas protegidas de la IUCN, áreas relevantes para el Protocolo de Cartagena sobre bioseguridad (centros de origen, y centros de diversidad genética), entre otras.

El segundo factor agravante de denota por la función As , que depende de cada área y su categoría de protección especial. Denotamos por A al conjunto de áreas afectadas y por $Y = \{1, 2, 3, \dots, n\}$ al conjunto de categorías de protección especial. Los elementos de A (las diferentes áreas) se describen por la variable a y los elementos de Y se denotan por la variable y , de manera que: $As(a, y)$ es el agravante de y en Y correspondiente al área a en A . Dada un área a en A y una categoría de protección especial y en Y , se asignan los siguientes valores a $As(a, y)$: *sin protección especial* ($As(a, y) = 1$); *áreas protegidas IUCN* ($As(a, y) = 2$); *centros de origen o diversidad* ($As(a, y) = 2$); *otras áreas relevantes para expertos* ($As(a, y) = 2$). Así, el segundo factor agravante, dependiente de la protección legal con la que cuentan las áreas evaluadas, se obtiene de la siguiente manera:

$$As = \sum_{a \in A} As(a, y)$$

C. Medida de daño ambiental. Los valores resultantes (Sp) y (As) se sumarán al valor de daño ambiental (Z) calculado arriba para obtener una medida compuesta de daño ambiental (D):

$$D = Z + Sp + As$$

D. Interpretación de resultados. Cuando el valor (D) sea igual a cero, la evaluación reflejará que no hay información disponible para realizar el análisis o que el daño ambiental ocasionado por OGM no fue detectado por esta metodología. Sin embargo, cuando (D) sea mayor de cero, se ha detectado daño ambiental y será necesario acompañar el resultado con alguna de las siguientes recomendaciones de mitigación, dependiendo de la reversibilidad del impacto:

- a. Acciones severas para restaurar
- b. Acciones intermedias para restaurar
- c. Sin procedimientos especiales para restaurar

Consideraciones

Integrar los componentes que deben ser analizados para la evaluación cuantitativa de daños ambientales ocasionados por OGM es el primer paso para lograr tener resultados objetivos en el mediano plazo, a partir de una herramienta metodológica adecuada. La propuesta, después de ser probada y discutida por expertos, seguramente será mejorada, sin embargo, en materia de evaluación de daños para proyectos, peritajes y consultorías ya puede ser considerada. Como mencionamos al inicio, la supervisión de un CTC puede conducir a mejores resultados y recomendamos que exista entre ellos un mecanismo establecido previamente para permitir solucionar discrepancias por mayoría de votos.

Los daños ambientales ocasionados por procesos de antropización en general, pueden cuantificarse con modificaciones a la metodología aquí propuesta. En este capítulo nos hemos enfocado a explicarla considerando los efectos adversos ocasionados por OGM, pero su utilización en otros ámbitos dependerá de las aplicaciones que se le quiera dar, además de la delimitación y cantidad de los tipos de daño que se analicen. Los resultados, en todos los casos, sirven para comprender y comparar la magnitud de los daños; para determinar los costos económicos, sociales y culturales se requieren evaluaciones paralelas, posteriores y a largo plazo.

Conclusiones

Con este modelo esperamos contribuir a una mejor aplicación de las leyes y proporcionar una herramienta útil para los tomadores de decisiones, investigadores y sociedad civil interesada, que pretenda desarrollar una investigación en caso de sospechar daños por la presencia de OGM o simplemente querer monitorear su ausencia. También esperamos fomentar una discusión científica muy necesaria en torno a este tema.

Agradecimientos

Agradecemos el apoyo financiero a los proyectos PAPIIT IN214719, PAPIIT IV200117, CONACYT-PN 247672 y CONABIO DGAP003/WN003/18. Así como a los Posgrados en Ciencias Biomédicas y Ciencias Biológicas a los que pertenecen Melania Vega y Alejandra Hernández-Terán, así como al CONACYT por las becas de posgrado 435586 y 660255. También queremos agradecer a todos los colegas que contribuyeron en las discusiones sobre este tema, especialmente a Daniel Piñero, Francisca Acevedo, Alejandra Barrios y Oswaldo Oliveros, así como a Miguel Ballesteros y Haven López por apoyarnos en la expresión matemática.

Literatura citada

- Alla, S., Cherqui, A., Kaiser, L., Azzouz, H., Sangwann-Norreel, B.-S. y Giordanengo, P. (2003). Effects of potato plants expressing the nptII-gus fusion marker genes on reproduction, longevity, and host-finding of the peach-potato aphid, *Myzus persicae*. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 106, 95-102.
- Ammann, K., Jacot, Y. y Mazyad, P. R. A. (2000). Weediness in the light of new transgenic crops and their potential hybrids. *Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz (Sonderh. 17)*, 19-29.
- Arnaud, J. F., Viard, F., Delescluse, M. y Cuguen, J. (2003). Evidence for gene flow via seed dispersal from crop to wild relatives in *Beta vulgaris* (Chenopodiaceae): consequences for the release of genetically modified crop species with weedy lineages. *Proceedings: Biological Sciences*, 270, 1565-1571.
- Arpaia, S., Birch, A. N. E., Kiss, J., Loon, J. J. A van, Messéan, A., Nuti, M. y Tebbe, C. C. (2017). Assessing environmental impacts of genetically modified plants on non-target organisms: The relevance of in planta studies. *Science of The Total Environment*, 583, 123-132.
- August, P., Iverson, L. y Nugranad, J. (2002). Human conversion of terrestrial habitats. En Gutzwiller, K. J. (Ed.), *Applying landscape ecology in biological conservation* (pp. 198-224). Springer, New York. New York.
- Barrett, S. H. (1983). Crop mimicry in weeds. *Economic Botany*, 37, 255-282. doi: 10.1007/bf02858881
- Bartz, R., Heink, U. y Kowarik, I. (2010). Proposed definition of environmental damage illustrated by the cases of genetically modified crops and invasive species. *Conservation Biology*, 24, 675-681.
- Bejarano, F., Aguilera, D., José, M., Álvarez, D., Eliakym, S., Meraz, A. y Kubiak, W. (2017). *Los Plaguicidas altamente peligrosos en México*. México: RAPAM. 364 pp.
- Bogaert, J., Barima, Y. S. S., Ji, J., Jiang, H., Bamba, I., Mongo, L. I. W. y Koedam, N. (2011). A methodological framework to quantify anthropogenic effects on landscape patterns. En Hong, S.-K., Kim, J.-E., Wu, J. y Nakagoshi, N. (Eds.), *Landscape ecology in Asian cultures* (pp. 141-167). Tokyo: Springer Japan.
- Boudry, P., Mörchen, M., Saumitou-Laprade, P., Vernet, P. y Dijk, H. van (1993). The origin and evolution of weed beets: consequences for the breeding and release of

- herbicide-resistant transgenic sugar beets. *Theoretical and Applied Genetics*, 87, 471-478.
- Brookes, G., y Barfoot, P. (2012). Global impact of biotech crops. *GM Crops & Food*, 3, 129-137.
- Bulley, S. M., Malnoy, M., Atkinson, R. G. y , Aldwinckle, H. S. (2007). Transformed apples: Traits of significance to growers and consumers. *Transgenic Plant Journal* 1, 267-279
- Casas, A., Otero-Arnaiz, A., Pérez-Negrón, E. y Valiente-Banuet, A. (2007). In situ management and domestication of plants in Mesoamerica. *Annals of Botany*, 100, 1101-1115.
- CDB (1993). *Convenio sobre la Diversidad Biológica*. Naciones Unidas.
- Clements, D. R., DiTommaso, A. y Hyvönen, T. (2014). Ecology and management of weeds in a changing climate. En Chauhan, B. S. y Mahajan, G. (Eds.) *Recent advances in weed management* (pp. 13-37). Nueva York: Springer.
- Crawley, M. J. y Brown, S. L. (1995). Seed limitation and the dynamics of feral oilseed rape on the M25 motorway. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 259, 49-54.
- Dale, P. J., Clarke, B. y Fontes, E. M. G. (2002). Potential for the environmental impact of transgenic crops. *Nature Biotechnology*, 20, 567-574.
- Delp, C. J. (1988). Fungicide resistance problems in perspective. En Delp, C. J. (Ed.), *Fungicide resistance in North America* (pp. 4-5). Minnesota: APS Press. St. Pau.
- Diamond, J. (2002). Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. *Nature*, 418, 700-707.
- Dunfield, K. E. y Germida, J. J. (2004). Impact of genetically modified crops on soil- and plant-associated microbial communities. *Journal of Environmental Quality*, 33, 806-815.
- Dyer, G. A., Serratos-Hernández, J. A., Perales, H. R., Gepts, P., Piñeyro-Nelson, A. Chávez, A. y E. R. Alvarez-Buylla (2009). Dispersal of transgenes through maize seed systems in Mexico. *PLoS ONE*, 4, e5734.
- Ellstrand, N. C. (1988). Pollen as a vehicle for the escape of engineered genes? En Hodgson, J y A.M. Sugden (Eds.). *Planned release of genetically engineered organisms* (pp. S30-S32). Cambridge: Elsevier.
- Ellstrand, N. C. (2003). Current knowledge of gene flow in plants: implications for transgene flow. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 358, 1163-1170.

- Ellstrand, N. C. (2006). Perspective: lessons from the elephant that is biotechnology. *Biochemistry and Molecular Biology Education*, 34, 155-156.
- Ellstrand, N. C. y Elam, D. R. (1993). Population genetic consequences of small population size: implications for plant conservation. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 24, 217-242.
- Ervin, D. E., Welsh, R., Batie, S. S. y Carpentier, C. L. (2003). Towards an ecological systems approach in public research for environmental regulation of transgenic crops. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 99, 1-14.
- Fitter, A., Perrins, J. y Williamson, M. (1990). Weed Probability Challenged. *Nature Biotechnology*, 8, 473-473.
- Fleming, I. A., Hindar, K., Mjølnerød, I. B., Jonsson, B., Balstad, T. y Lamberg, A. (2000). Lifetime success and interactions of farm salmon invading a native population. Proceedings of the Royal Society of London. *Series B: Biological Sciences*, 267, 1517-1523.
- Georghiou, G. P. (1986). *The magnitude of the resistance problem Pesticide resistance: strategies and tactics for management* (pp. 14-43). National Academy Press, Washington, D. C: National Research Council, Board on Agriculture, Committee on Strategies for the Management of Pesticide Resistant Pest Populations.
- Georghiou, G. P. y Lagunes, A. (1988). *The occurrence of resistance to pesticides: cases of resistance reported worldwide through 1988*. Food and Agricultural Organization, Rome.
- Gepts, P., y Papa, R. (2003). Possible effects of (trans)gene flow from crops on the genetic diversity from landraces and wild relatives. *Environmental Biosafety Research*, 2, 89-103.
- Goodman, R. M. y Newell, N. (1985). Genetic engineering of plants for herbicide resistance: status and prospects. En Halvorson, H. O., D. Pramer y M. Rogul (Eds.), *Engineered organisms in the environment: scientific issues American Society for Microbiology* (pp. 47-53). Washington, D. C.
- Gould, F. (2000). Testing Bt refuge strategies in the field. *Nature Biotechnology*, 18, 266-267.
- Green, J. M. (2014). Current state of herbicides in herbicide-resistant crops. *Pest Management Science*, 70, 1351-1357.
- Hails, R. S. (2000). Genetically modified plants-the debate continues. *Trends in Ecology & Evolution*, 15, 14-18.

- Hancock, J. F. (2003). A Framework for assessing the risk of transgenic crops. *Bioscience*, 53, 512-519.
- Harries, H. C. (1995). Coconut. En Smartt, J. y N.W. Simmonds (Eds.), *Evolution of crop plants* (pp. 389-394). Londres: Longman.
- Harwood, J. D., Wallin, W. G. y Obrycki, J. J. (2005). Uptake of Bt endotoxins by nontarget herbivores and higher order arthropod predators: molecular evidence from a transgenic corn agroecosystem. *Molecular Ecology*, 14, 2815-2823.
- Hilbeck, A., Baumgartner, M., Fried, P. M. y Bigler, F. (1998). Effects of transgenic *Bacillus thuringiensis* corn-fed prey on mortality and development time of immature *Chrysoperla cornea* (Neuroptera: Chrysopidae). *Environmental Entomology*, 27, 480-487.
- Hilbeck, A., Meier, M., Römbke, J., Jänsch, S., Teichmann, H. y Tappeser, B. (2011). Environmental risk assessment of genetically modified plants-concepts and controversies. *Environmental Sciences Europe*, 23, 13.
- Hilbeck, A., Moar, W., Pusztai-Carey, M., Filippini, A. y Bigler, A. (1998b). Toxicity of *Bacillus thuringiensis* Cry1Ab Toxin to the Predator *Chrysoperla carnea* (Neuroptera: Chrysopidae). *Environmental Entomology*, 27, 1255-1263.
- Johnson, P. G., Larson, S. R., Anderton, A. L., Patterson, J. T., Cattani, D. J. y Nelson, E. K. (2006). Pollen-mediated gene flow from Kentucky Bluegrass under cultivated field conditions. *Crop Science*, 46, 1990-1997.
- Kareiva, P., Watts, S., McDonald, R. y Boucher, T. (2007). Domesticated nature: shaping landscapes and ecosystems for human welfare. *Science*, 316, 1866-1869.
- Keeler, K. H., Turner, C. E. y Bolick, M. R. (1996). Movement of crop transgenes into wild plants. En Duke, S. O. (Ed.), *Herbicide-resistant crops. Agricultural, environmental, economic, regulatory, and technical Aspects* (pp. 303-330). Boca Raton, FL: Lewis Publishers.
- Larson, G. y Fuller, D. Q. (2014). The evolution of animal domestication. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 45, 115-136.
- Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados. Publicada en el *Diario Oficial de la Federación* el 18 de marzo de 2005.
- Liu, X. D., Zhai, B. P., Zhang, X. X. y Zong, J. M. (2005). Impact of transgenic cotton plants on a non-target pest, *Aphis gossypii* Glover. *Ecological Entomology*, 30, 307-315.

- Liu, Y., Li, J., Neal Stewart Jr, C., Luo, Z. y Xiao, N. (2015). The effects of the presence of Bt-transgenic oilseed rape in wild mustard populations on the rhizosphere nematode and microbial communities. *Science of The Total Environment*, 530-531, 263-270.
- Lu, B.-R., y Yang, C. (2009). Gene flow from genetically modified rice to its wild relatives: Assessing potential ecological consequences. *Biotechnology Advances*, 27, 1083-1091.
- Morales, D. V., Molaes, S. y Ladio, A. H. (2017). Firewood resource management in different landscapes in NW Patagonia. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 5, 111.
- Moyes, C. L., Lilley, J. M., Casais, C. A., Cole, S. G., Haeger, P. D y Dale, P. J. (2002). Barriers to gene flow from oilseed rape (*Brassica napus*) into populations of *Sinapis arvensis*. *Molecular Ecology*, 11, 103-112.
- NRC. (2000). *National Research Council. Environmental effects of transgenic plants: the scope and adequacy of regulation*. National Academies Press.
- NRC. (2002). *National Research Council. Environmental effects of transgenic plants: the scope and adequacy of regulation*. National Academies Press.
- Obrist, L. B., Dutton, A., Albajes, R. y Bigler, F. 2006. Exposure of arthropod predators to Cry1Ab toxin in Bt maize fields. *Ecological Entomology*, 31, 143-154.
- Pálinkás, Z., Kiss, J., Zalai, M., Szénási, Á., Dorner, Z., North, S. y Balog, A. (2017). Effects of genetically modified maize events expressing Cry34Ab1, Cry35Ab1, Cry1F, and CP4, proteins on arthropod complex food webs. *Ecology and Evolution*, 7, 2286-2293.
- Potter, D., Gao, F., Baggett, S., McKenna, J. y McGranahan, G. (2002). Defining the sources of Paradox: DNA sequence markers for North American walnut (*Juglans L.*) species and hybrids. *Scientia Horticulturae*, 94, 157-170.
- Ramachandran, S., Buntin, G. D., All, J. N., Raymer, P. L. y Stewart, C. N. (2000). Intraspecific competition of an insect-resistant transgenic canola in seed mixtures. *Agronomy Journal*, 92, 368-374.
- Riehle, M. A., Srinivasan, P., Moreira, C. K. y Jacobs-Lorena M. (2003). Towards genetic manipulation of wild mosquito populations to combat malaria: advances and challenges. *Journal of Experimental Biology*, 206, 3809-3816.
- Sanvido, O., Romeis, J. y Bigler, F. (2011). Environmental change challenges decision-making during post-market environmental monitoring of transgenic crops. *Transgenic Research*, 20, 1191-1201.

- Sanvido, O., Romeis, J., Gathmann, A., Gielkens, M., Raybould, A. y Bigler, F. (2012). Evaluating environmental risks of genetically modified crops: ecological harm criteria for regulatory decision-making. *Environmental Science & Policy*, 15, 82-91.
- Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica (2000). *Protocolo de Cartagena sobre Seguridad de la Biotecnología del Convenio sobre la Diversidad Biológica: texto y anexos*. Montreal: Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica.
- Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica (2010). *Protocolo de Nagoya-Kuala Lumpur sobre la Responsabilidad y Compensación Suplementario al Protocolo de Cartagena sobre Seguridad de la Biotecnología*. Montreal: Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica.
- Senior, I. J., Moyes, C. y Dale, P. J. (2002). Herbicide sensitivity of transgenic multiple herbicide-tolerant oilseed rape. *Pest Management Science*, 58, 405-412.
- Skinner, M. W. y Pavlik, B. M. (1994). *Inventory of rare and endangered vascular plants of California*. Sacramento, California: California Native Plant Society.
- Snow, A. y Moran Palma, P. (1997). Commercialization of transgenic plants: potential ecological risks. *Bioscience* 47, 86-96.
- Sosa, M. A., y Almada, M. S. (2014). Diversity of arthropods communities in transgenic cotton varieties in Santa Fe province, Argentina. *Revista de la Facultad de Agronomía, La Plata*, 113, 147-156.
- Stotzky, G. (2000). Persistence and biological activity in soil of inserted proteins from Bt and of bacterial DNA bound on clay and humic acids. *Journal of Environmental Quality*, 29.
- Szujecki, A. (1987). Human influence on forest entomocenoses. En Szujecki, A. (Ed.), *Ecology of forest insects* (pp. 433-506). Springer. Netherlands.
- Tabashnik, B. E., Brevault, T. y Carriere, Y. (2013). Insect resistance to Bt crops: lessons from the first billion acres. *Nature Biotechnology*, 31, 510-521.
- Tabashnik, B. E., Gassmann, A. J., Crowder, D. W. y Carriere, Y. (2008). Insect resistance to Bt crops: evidence versus theory. *Nature Biotechnology*, 26, 199-202.
- US-EPA (2000). *United States Environmental Protection Agency*.
- VanGessel, M. J. (2001). Glyphosate-resistant Horseweed from Delaware. *Weed Science*, 49, 703-705.
- Vera, T. (2012). *Impacto de los organismos genéticamente modificados (transgénicos) sobre la producción apícola de Yucatán. Avance del Proyecto Análisis del sector apícola*

la de Yucatán y condiciones para su competitividad en el mercado global del Fondo Mixto Conacyt-Gobierno de Yucatán, Por Esto.

- Villanueva-Gutiérrez, R., Echazarreta-González, C., Roubik, D. W. y Moguel-Ordóñez, Y. B. (2014). Transgenic soybean pollen (*Glycine max* L.) in honey from the Yucatán peninsula, Mexico. 4, 4022.
- Von Der Lippe, M. y Kowarik, I. (2007). Long-distance dispersal of plants by vehicles as a driver of plant invasions. *Conservation Biology*, 21, 986-996.
- Wang, T.-W., Zhang, C.-G., Wu, W., Nowack, L. M., Madey, E. y Thompson, J. E. (2005). Antisense suppression of deoxyhypusine synthase in tomato delays fruit softening and alters growth and development *Plant Physiology* 138, 1372-1382.
- Zeilinger, A., Olson, D. y Andow, D. (2015). Competitive release and outbreaks of non-target pests associated with transgenic Bt cotton. *Ecological Application*, 26, 1047-1054.

