

El gen en la tecnociencia

Christian Federico Francese[†]

Nahuel Pallitto[‡]

Resumen

En los últimos años ha habido una creciente atención en las particularidades del conocimiento presente en la denominada “tecnociencia”. En efecto, se han destacado sus dimensiones axiológicas, praxiológicas y sociológicas; aunque la faceta ontológica no ha recibido suficiente atención. Así pues, nuestro trabajo analiza el caso de los organismos genéticamente modificados (OGM) de uso agrícola, buscando caracterizar qué consideran los emprendimientos tecnocientíficos como “gen”. Como resultado, argumentamos que en dichos emprendimientos se emplea una noción diferente a aquellas pertenecientes a la biología disciplinar. La propuesta nos permite dar cuenta cómo se presenta una biología molecular predecible y confiable, concordante con escenarios mercantiles.

1. Introducción

Históricamente, uno de los principales fines de la filosofía de la biología ha sido la clarificación de conceptos empleados en la disciplina biológica (Griffiths, 2008). Entre ellos, la noción de gen ha sido particularmente objeto de discusión, dada su importancia tanto para la biología evolutiva como para la biología funcional (ver Fogle, 1990; Waters, 1994; Beurton, Falk & Rheinberger, 2000, entre otros). Uno de los debates más resonantes de los últimos años se ha vinculado con la primacía epistémica otorgada al ámbito genético en las explicaciones biológicas, motivo por el cual la idea de gen ha sido críticamente revisada (Moss, 2003; Griffiths & Stotz, 2013). En este sentido, por ejemplo, Kenneth Waters señala: “un análisis de los conceptos genéticos debería ayudar a aclarar el poder explicativo y las limitaciones de las explicaciones basadas en genes, y debería ayudar a explicar la utilidad de investigación y los sesgos de las ciencias centradas en genes” (Waters, 2004, p. 31). En efecto, en consonancia con Waters, diversos autores realizan énfasis en la distinción y clarificación de los genes en tanto herramientas epistémicas que sirven a fines explicativos (Rheinberger *et al.*, 2015).

Sin embargo, también se reconoce que las ciencias presentan objetivos no epistémicos, los cuales no se centran ni se limitan a la búsqueda de explicaciones de los fenómenos del mundo. En particular, ciertos autores sostienen que en las ciencias naturales actualmente predominan objetivos productivos, a partir de los cuales la realidad no sólo se ve como objeto de explicación sino, fundamentalmente, como objeto de producción (Echeverría, 2003). Jorge Linares (2008) captura estas diferencias aseverando que en las ciencias coexisten dos tipos de racionalidades diferentes: una logocéntrica (centrada en lo explicativo) y una pragmático-utilitaria (centrada en

[†] Grupo de Filosofía de la Biología, Instituto Alejandro Korn, FFyL, Universidad de Buenos Aires (UBA). Para contactar al autor, por favor, escribir a: francese.christian@gmail.com.

[‡] Grupo de Filosofía de la Biología, Instituto Alejandro Korn, FFyL, Universidad de Buenos Aires (UBA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Para contactar al autor, por favor, escribir a: nahuelpallitto@gmail.com.

lo productivo). Si bien esta idea no es novedosa, quienes defienden este cambio de prioridades, sostienen que las prácticas científicas y tecnológicas han atravesado profundos cambios, principalmente desde los años '70, que cuestionan los modelos clásicos de la relación entre la ciencia y la tecnología. De hecho, algunos autores sugieren emplear la categoría de “tecnociencia” para referir a esa suerte de híbrido entre los intereses, los valores y los productos científicos y tecnológicos que se reconocen desde entonces (Echeverría, 2003, 2010, 2015; Pestre, 2005). Así, bajo la modalidad tecnocientífica, las investigaciones no se restringen a explicar lo que sucede en el mundo, “pues su objetivo principal es la innovación tecnológica y la intervención pragmática, para lo cual subordinan e instrumentalizan el conocimiento científico” (Linares, 2008, p. 370). Es decir, aun cuando los objetivos epistémicos conserven relevancia, el éxito epistémico suele colocarse al servicio del éxito productivo, el cual otorga sus propios criterios de justificación de los saberes científicos.

Ahora bien, cuando se trata de las clarificaciones conceptuales que se han llevado a cabo en la filosofía de la biología, cabe reconocer que las mismas han principalmente apuntado a elucidar los conceptos al seno de ciertas explicaciones o en su relación con diversas virtudes epistémicas (ver, por ejemplo, Griffiths, 2001; Griffiths & Stotz, 2006; Griffiths & Stotz, 2013). De este modo, lo que ha estado en el centro de la escena es cómo se piensan los genes, qué se dice de estas entidades en distintas áreas de la biología y cómo son utilizadas en ciertas prácticas experimentales. Pero, si aceptamos que los genes no sólo son importantes desde un punto de vista epistémico o cognitivo, sino que, por el contrario, son fundamentales en ámbitos en los cuales su manipulación redundaría en beneficios agronómicos, médicos, productivos y económicos, la filosofía de la biología también debería asistir a la clarificación conceptual de los genes cuando el fin primario consiste en su intervención. En el contexto de la tecnociencia, entonces, surgen los siguientes interrogantes: ¿se reconocen diferencias en las conceptualizaciones de los genes cuando el fin primario consiste en brindar una explicación del mundo natural y cuando el fin primario consiste en ofrecer una intervención sobre el mundo? En tal caso, ¿qué características diferenciales adquieren los genes cuando el fin consiste en intervenir sobre el mundo? En este trabajo nos ocuparemos de brindar una respuesta a estos interrogantes.

Para ello, abordamos uno de los ejemplos más significativos de la tecnociencia actual, el caso de los organismos genéticamente modificados (OGM) de uso agrícola. En efecto, el discurso empresarial y estatal interesado en promover el uso de tales organismos se ampara en el conocimiento científico a manera de legitimación, tanto para señalar sus supuestos beneficios como para argumentar que presentan poca o nula posibilidad de daño para el cultivo, comercialización y consumo. Particularmente nos interesa aquí comparar cómo se conceptualizan los genes de los organismos vegetales en la biología y las características que adoptan dichas entidades cuando son intervenidas en el caso de los OGM. Dicho en otras palabras, en el fondo lo que nos motiva es comprender de qué manera se modifican las conceptualizaciones de ciertas entidades cuando cambian los fines perseguidos: brindar una explicación acerca de algún fenómeno del mundo o intervenirlo.

Así pues, el objetivo de nuestra investigación es analizar el concepto de gen implicado en las explicaciones de la biología y compararlo con las conceptualizaciones asumidas en la producción de OGM. Con tal clarificación conceptual esperamos poder realizar un aporte a los debates en

torno a los riesgos asociados a dichos organismos. De tal manera, comenzamos el recorrido del trabajo reconociendo los conceptos de gen propios de la biología a partir de bibliografía específica de la filosofía de la biología. En segundo lugar, analizamos el concepto de gen presente en patentes estadounidenses de OGM (obtenidas de *patents.google.com*). En un tercer momento comparamos ambas conceptualizaciones, y ponemos en discusión los problemas que pueden estar asociados a las discrepancias entre ellos. Por último, realizamos algunos comentarios finales a partir del recorrido realizado, pensando principalmente en los riesgos que pueden estar asociados al empleo de OGM.

2. Conceptos de gen logocéntricos

Sin dudas, el concepto de gen es uno de los más relevantes de la biología contemporánea (Keller, 2000). En efecto, la filosofía de la biología lo ha explorado profundamente. Con el fin de mostrar la diversidad de conceptos de gen existentes en las explicaciones en biología, en este apartado reconocemos algunas características sobresalientes de las nociones de gen que se han dado a través de la historia de la disciplina. Presentaremos tres períodos en los que el concepto de gen ha variado considerablemente: el de la genética clásica, el propio de la genética molecular y la actualidad.

A grandes rasgos, podemos señalar que las modificaciones en las conceptualizaciones de gen giran en torno a dos dimensiones: un vector horizontal, que refiere a la consideración de los genes como unidad de función en un organismo, y un vector vertical, el cual alude a la atribución de los genes como unidad de herencia.¹ Es importante notar que en ambos casos los genes son vistos como unidades estructurales, es decir, que poseen un principio y un fin determinados.

De acuerdo con la visión clásica, los genes son partículas heredables asociadas a determinados rasgos fenotípicos (características morfológicas, físicas y comportamentales de los seres vivos) (Portin, 1993). Vale decir, los elementos que constituyen lo que es un gen en esta etapa son: (i) que es entendido como una unidad que se transmite de generación a generación y (ii) que tal unidad se define en función del fenotipo generado (para otras características, ver Portin, 1993). Por ejemplo, en el conocido caso de las arvejas de Mendel, las características observables de las arvejas (verde/amarilla, rugosa/lisa) dependen de cómo las unidades génicas se heredan de generación a generación. Existe así, desde este punto de vista, una fuerte relación entre los genes de generaciones sucesivas (vector vertical), como entre características fenotípicas y genes (vector horizontal).² De hecho, la manera de concebir la relación entre genes y características da lugar a la expresión “gen para” o “gen de” un determinado fenotipo, como ser, en el caso de las arvejas, “gen del color de las semillas” (Keller, 2000). A su vez, el tratamiento estadístico, propio de la genética clásica, se asocia al hecho de que se considera que aquello que se hereda se encuentra en forma de partícula, vale decir, es una unidad estructural.

¹ La referencia a los vectores horizontales y verticales se basa en las distinciones hechas por Hull (1972), quien en el marco de los debates en torno a la reducción de la genética clásica a la molecular compara ambas genéticas destacando la dimensión de transmisión para la genética clásica, y la propia del desarrollo para la genética molecular, dimensiones a las cuales nosotros denominamos vertical y horizontal, respectivamente.

² Que una relación sea “fuerte” o “débil” se vincula con el grado de determinismo que se asume entre los elementos relacionados.

El rol determinante en las explicaciones de la genética clásica sobre la herencia y la formación de los fenotipos en la genética molecular adquiere otras características, en un primer momento, en las décadas de 1950 y 1960, consideradas como una “edad de oro” de la biología molecular (Hausmann, 2002). Centrando la atención sobre el concepto de gen en esta etapa, es preciso destacar dos aportes fundamentales en la historia de la biología: la formulación del “dogma central de la biología molecular” (Crick, 1958) y el modelo de operón de regulación genética (Jacob y Monod, 1961). En el primer caso, el dogma establece que los genes son portadores de información, puntualizando que por “información” se entiende a la secuencia de nucleótidos de ADN. La información especifica la secuencia de nucleótidos que componen al ARNm y estos determinan qué aminoácidos constituyen las proteínas (Crick, 1958). Así pues, la visión particulada de la genética clásica ahora presenta un correlato físico concreto, una secuencia de nucleótidos de ADN determinada. A su vez, el dogma central especifica la función de los genes al proponer un mecanismo acerca de cómo sucede el vínculo horizontal. Por otra parte, los trabajos de François Jacob y Jacques Monod sobre regulación genética en bacterias responden de qué manera se conecta el genotipo al fenotipo, dando una explicación de cómo sucede el desarrollo de los organismos. En efecto, a partir del modelo de operón, los investigadores acuñan el concepto de “programa genético”, concepto desde el cual se propone que la ontogenia es producto de una secuencia de prendido y apagado de genes, tal como si fuera el algoritmo de un programa cibernético, existiendo genes que regulan la expresión de otros genes (Keller, 2000).

Así pues, en estas décadas el gen se mantiene como una unidad estructural -especificada como secuencia de nucleótidos-, y permanecen los fuertes vínculos verticales y horizontales, en este último caso especificados por el dogma central y la noción de programa genético. Es por ello que Kenneth Waters argumenta que el gen clásico se hace molecular (Waters, 1994). Sin embargo, desde fines de la década de los '70 a la actualidad, la genética presenta profundas modificaciones conceptuales dadas, principalmente, por la complejidad de la genética eucariota en relación con los modelos (bacterias y virus) empleados hasta aquel momento. Las características que en este trabajo se enfatizan -el vector horizontal y el vertical- son alteradas.

Uno de los principales motivos por los cuales se modifican las características del vector horizontal es 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. Esto resulta en gran medida de los límites que presentan en varios aspectos tanto la visión del dogma central como la del programa genético (Morange, 1997, 2008). Así pues, por un lado, las investigaciones en biología del desarrollo se han acercado a la biología evolutiva y a la ecología para poder dar cuenta de la embriogénesis adecuadamente. Resulta evidente, desde estas perspectivas, que el ambiente es insoslayable e incluso con la misma relevancia causal que los genes (Oyama, 2000). Los mismos genotipos pueden dar lugar a formas diferentes, tal como es presentado por el concepto de “plasticidad fenotípica” (Schlichting & Pigliucci, 1998). A su vez, en las últimas décadas la genética molecular ha ido centrándose en estudiar el genoma en su conjunto (análisis de tipo *genome-wide*), dados los límites que presenta el estudio de genes individuales. La relevancia así está puesta en las interacciones entre las diferentes secuencias de ADN. De tal manera, los desarrollos teóricos de las últimas décadas hacen muy endeble el vínculo horizontal entre genes y fenotipo, conduciendo a un cuestionamiento de la noción de gen como unidad morfológica-

funcional. Así, en el trabajo de Thomas Fogle (1990) –y retomado por autores como Charbel El-Hani (2007)- se argumenta que actualmente no hay una única manera de determinar dónde empieza y dónde termina cada gen, suponiendo una única función genética asociada a una proteína determinada.

Por otra parte, las nuevas aproximaciones también pondrían en duda la consideración de los genes como únicas entidades heredables, debilitando el vínculo del vector vertical. En este sentido, uno de los primeros elementos que ponen en duda al ADN como único transmisor de información son los priones (Keyes, 1999a, 1999b). Pero, además, desde posiciones vinculadas a la epigenética, se ha destacado la herencia de características adquiridas, contrariamente al punto de vista sostenido por la genética de gran parte del siglo XX. De tal forma, la idea de que la única herencia biológica se encuentra mediada por información genética pasa a ser cuestionada, en tanto se han propuesto otros sistemas de información biológica heredable (Jablonka & Lamb, 2013).

En resumen, en la genética clásica se presenta una noción de gen particulada y con fuertes vínculos horizontales y verticales, y paulatinamente ambos vínculos han perdido consistencia y se ha dificultado concebir al gen de manera unitaria, particulada. En este escenario, algunos autores consideran que no tiene sentido mantener el concepto de gen en biología (El-Hani, 2007), otros lo relacionan con sus funciones de manera más abstracta. Por ejemplo, Waters (1994) propone que el gen molecular es un gen para una secuencia lineal de un producto en algún nivel de la expresión genética. Otros autores resaltan que existe una pluralidad de definiciones de gen, y que se emplean de manera diferencial según la perspectiva biológica elegida. Así, Scott Gilbert (2000) presenta una definición de gen ontogenético y una de gen evolutivo, mientras que Griffiths y Stotz (2006) destacan la coexistencia de un gen mendeliano, uno molecular y un gen postgenómico. Lenny Moss distingue entre genes del desarrollo (gen-D) y genes asociados a un fenotipo (gen-P). Ciertamente, se reconoce un pluralismo conceptual respecto a los genes en la biología disciplinar.

3. El gen pragmático-utilitario

Para analizar qué concepto de gen se encuentra presente en las intervenciones genéticas vegetales, en este apartado examinamos patentes de organismos genéticamente modificados de uso agrícola (Apéndice, Tabla 1). Para ello, indagamos qué características adoptan los vectores horizontales y verticales, explícitas o implícitas.

Uno de los primeros resultados de la lectura de las patentes es que se le presta mayor interés al vector horizontal. Aquí el vínculo expresado entre genes y fenotipo es directo: la presencia de un gen determinado -el ADN inserto- determina la presencia del fenotipo de interés. A manera de ejemplo, en la patente US 5463175 se expresa dicha conexión mencionando los intermediarios necesarios:

- (a) insertar en el genoma de una célula vegetal una molécula de ADN doble cadena recombinante que comprende (i) un promotor que funciona en las células vegetales para causar la producción de una secuencia de ARN, (ii) una secuencia de ADN estructural que causa **la producción de una secuencia de ARN que codifica una enzima glifosato oxidorreductasa**, (iii) una secuencia de ADN 3'-UTR que funciona en células vegetales para causar la adición de nucleótidos poliadenilados al extremo 3' de la secuencia de ARN; donde el promotor es heterólogo con respecto a la secuencia de codificación y está adaptado para **causar la expresión suficiente de dicha enzima** en el tejido vegetal, incluido el tejido

meristemático, **para mejorar la resistencia al glifosato** de una célula vegetal transformada con dicho gen (Barry & Kishore 1995, p. 8. El resaltado es nuestro).

Como se observa, el planteo resulta bastante lineal: la inserción de un ADN doble cadena genera un ARN mensajero, éste codifica para una enzima y la enzima produce el fenotipo de interés. El vector horizontal presenta así características fuertes. Ahora bien, es preciso analizar qué fragmento de ADN doble cadena es el vinculado al fenotipo, vale decir, examinar cuál es la unidad morfológica-funcional de ADN que corresponde denominar como “gen”. Así, en una de las patentes se define:

Un gen se refiere a toda la secuencia de ADN involucrada en la síntesis de una proteína. El gen incluye no solo la parte estructural o codificante de la secuencia, sino que también contiene una región promotora, el extremo 3' y secuencias poli (A), intrones y potenciadores asociados o secuencias reguladoras asociadas (Mettler & Mies, 2003, p. 8).

De tal manera, los genes no corresponderían sólo al marco de lectura abierto (denominado en las patentes como secuencia de ADN “estructural”), sino también a todo el inserto, que incluye regiones reguladoras. En efecto, en las patentes se puede observar un mismo esquema de inserto: una secuencia promotora con un *enhancer* en la parte inicial, la secuencia estructural o codificante en el medio y una secuencia finalizadora de la transcripción (Figura 1). El esquema de inserto y el vínculo lineal entre el genotipo y el fenotipo por un vector horizontal fuerte se repite en todas las patentes.

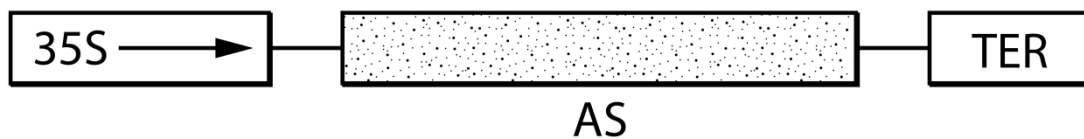


Figura 1: Adaptación de la Figura 12 de la patente US 6107547 (Coruzzi & Brears, 2000), aunque el esquema es general para todas las patentes analizadas. Se observa el “gen estructural” (la secuencia transcrita correspondiente a la proteína de interés) en el centro –AS en este caso– y las dos regiones reguladoras al inicio (promotor y/o *enhancer* o aumentador de la transcripción, 35S en este caso) y al final (terminador de la transcripción).

En cuanto al vector vertical -el vínculo entre generaciones- en las patentes se observa que sólo resulta de interés a fines de protección comercial: “La invención contempla a la planta de soja, semilla, célula vegetal, **progenie**, parte de la planta o producto básico derivado de una planta, célula vegetal o semilla del evento de soja MON 87708” (Brinker *et al.*, 2013, p. 3. Las negritas son nuestras). En este sentido, parece asumirse que el inserto es tanto una unidad morfológica-funcional determinante del fenotipo como una unidad de herencia. Sin embargo, no aparece en las patentes de manera explícita una referencia a qué sucede o podría suceder con las plantas a través de las generaciones. Por ejemplo, en el caso de una de las patentes de soja analizadas, “aparentemente hay una duplicación cromosómica que se produjo en la generación del evento MON87705” (Wagner *et al.*, 2010, p. 12) y, sin embargo, no es puesto en discusión evolutivamente qué implicancias podría tener ello.

4. Comparación entre nociones de gen y problemas asociados a las diferencias

Sin dudas, existe una clara discrepancia entre las múltiples definiciones de gen encontradas en la biología y las correspondientes a las patentes de OGM. En éstas últimas, el concepto de gen se asocia a una unidad estructural definida de ADN que tiene tanto una conexión directa con el fenotipo de los organismos (vector horizontal fuerte) como con la progenie (vector vertical fuerte). Por su parte, en la biología logocéntrica tal noción de gen no se encuentra, sino que presenta vectores horizontal y vertical débiles y con una clara dificultad de definir al gen como una unidad estructural. Queda así en evidencia que el énfasis puesto en los diferentes contextos de la información genética en la biología –interacciones entre secuencias de ADN y ambiente celular y del organismo- no es considerado en el caso de las patentes donde los genes se presentan como suma de partes de diferentes organismos-promotores, *enhancers*, regiones codificantes, terminaciones- y como si diera igual el rol de una misma secuencia en organismos aceptores y dadores y en el ambiente en el que cada uno se desenvuelve. De manera relacionada, las diferencias en la consideración del contexto se observan claramente en que en las patentes se presenta una linealidad gen-proteína-fenotipo que no se encuentra en las representaciones de la biología contemporánea. A su vez, los cambios a través del tiempo de las secuencias de ADN y el lugar de los genes como unidades de herencia no son contemplados por las patentes. Desde luego, hacer un inventario de las múltiples diferencias entre ambos enfoques sería estéril. Señalaremos entonces algunas de ellas para los vectores horizontal y vertical, mencionando algunas investigaciones que se han referido a tales diferencias en OGM comerciales.

La concepción de una unidad morfológica vinculada funcionalmente en la producción de un fenotipo (sintetizada en la noción de “gen de resistencia a”) constituye uno de los fundamentos más importantes de los OGM. Por tal razón, es importante señalar que la distancia con la biología logocéntrica se presenta en forma de problemas de diverso tipo. En el mejor de los casos, las modificaciones genéticas no producen el fenotipo comercialmente deseado. Sin ir más lejos, este año la agencia de Estados Unidos FDA (*Food & Drugs Administration*) detectó que la última versión del arroz dorado no presenta la cantidad de beta-caroteno nutricionalmente requerida (el arroz dorado se caracteriza justamente por un aumento en los niveles de monitus y de dicha sustancia), ya que ésta decae rápidamente cuando se lo almacena (FDA, 2018). Al parecer, los niveles de oxígeno del almacenamiento afectan al beta-caroteno, como ya había sido señalado por Schaub *et al.* (2017) (Wilson & Latham, 2018). Desde luego, estos son los casos menos conocidos, en tanto si una modificación genética no produce el efecto deseado no suele ser de público conocimiento. En otros casos, la idea de gen como partícula y que sólo afecta el fenotipo de interés de manera descontextualizada ha sido objeto de cierto debate en la comunidad académica. En efecto, se ha encontrado que la inserción de secuencias de ADN produce ciertas alteraciones “no intencionales” en los organismos receptores, tales como modificaciones en la expresión de otros genes, a una distancia de hasta 12 kpb (Amadeo *et al.*, 2000; Ichikawa *et al.*, 2003), modificaciones en la secuencia a lo largo del genoma en su conjunto debidas a la inestabilidad del procedimiento de introducción del ADN foráneo (Filipecki & Malepszy, 2006; Latham *et al.*, 2006), entre otras interacciones no planificadas (Ho, 1998).

Asimismo, se ha observado que en algunos casos no se ha incorporado el gen de interés como un bloque –la pretendida unidad estructural- sino que también fragmentos del gen construido se insertan afectando la transcripción. El ejemplo más significativo es el de la soja RR –por su

diseminación en nuestro país y en el mundo- en donde se ha informado que parte del “gen de resistencia a glifosato” se encuentra repetido (Figura 2). Así, en uno de los artículos que estudia esta característica se señala:

Tomados en su conjunto, nuestros datos demuestran que el terminador *nos* de la señal de transcripción introducida en el genoma en RRS se ignora (al menos en parte), lo que da como resultado la producción de un transcripto más extenso. Además, se encontró que este transcripto se procesaba de manera post-transcripcional, dando como resultado la producción de diferentes variantes de ARN. Estas variantes podrían codificar proteínas de fusión CP4 EPSPS aún desconocidas con un terminal-N común de 24 aminoácidos sin homología con proteínas de la base de datos NCBI. Dado que el terminador *nos* se introdujo como región reguladora en varios otros OGM, los productos de lectura y las variantes de ARN también podrían transcribirse en estos cultivos transgénicos (Rang *et al.*, 2004, p. 443).

a.



b.

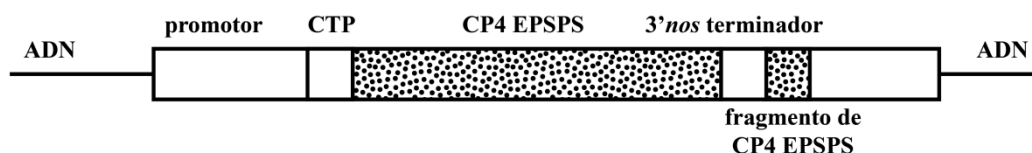


Figura 2: Adaptación de la Figura 3 de Windels *et al.*, 2001. Se compara la secuencia reportada como presente en la soja RR y aquello que los autores señalan que se encuentra presente efectivamente. Se observa que un fragmento del gen estructural se repite.

Como se puede observar, las diferencias entre las conceptualizaciones de gen en biología y en las patentes respecto al vector horizontal resulta problemática a partir de la existencia de efectos “no-intencionales” o no considerados en la relación genotipo-fenotipo de los OGM.

Un patrón similar de diferencias entre ambas conceptualizaciones la podemos encontrar analizando el vector vertical, aquel que plantea el vínculo entre generaciones sucesivas. Nuevamente, en los casos menos problemáticos, simplemente se detecta una pérdida de las características de interés, como han mostrado Demeke *et al.* (1999), debidas a causas no genéticas. En otros casos, la no consideración de otras formas de transmisión de información es campo de polémicas. Así, la incorporación del transgén por otras plantas del ecosistema a través de transferencia horizontal ha dado lugar a que varios organismos vegetales adquieran las nuevas características, lo cual ha generado problemas tanto para los ecosistemas como para los mismos intereses comerciales –por ejemplo, generando malezas resistentes a glifosato con la consecuente pérdida de eficacia para su control.

5. Comentarios finales

El presente trabajo sugiere la existencia de diferencias en el modo de conceptualizar los genes en los ámbitos de representación de la biología contemporánea respecto de aquellos en los cuales la biología interviene. En particular, observamos que el gen propio de las intervenciones tecnocientíficas no parece corresponderse con ninguna de las definiciones logocéntricas. Este aspecto resulta de relevancia dado que comúnmente se señalan las dimensiones políticas y sociales de la tecnociencia y los cambios en la actividad científica de orden axiológico y praxiológico (en términos de Echeverría, 2003, 2010, 2015). Sin embargo, la presente investigación pretende señalar que también la tecnociencia configura ontologías particulares, esto es, admite conceptualizaciones de entidades propias. Así, en la tecnociencia de la ingeniería genética y, particularmente aquella asociada a los OGM, la entidad “gen” empleada y patentada presenta características distintas respecto a aquellas presentes en la biología que busca representar la realidad.

En este marco, una de las primeras cuestiones a problematizar son las posibles consecuencias de las divergencias entre ambas formas de conceptualizar a los genes. En este sentido, hemos marcado casos polémicos y en los cuales el trasfondo consiste en debatir acerca del riesgo del empleo de los OGM. En algunos de ellos, las desigualdades y sus consecuencias riesgosas presentan ejemplos concretos, como la existencia de plantas resistentes a herbicidas por transferencia horizontal de genes. En otros, podemos observar divergencias, pero no si constituyen un riesgo o no; por ejemplo, algunos efectos “no-intencionales” de la inserción como modificar la expresión de otros genes. Esta situación, lejos de diluir las diferencias señaladas, expone que no considerar la ontología propia de la tecnociencia invisibiliza posibles riesgos en sus intervenciones, ya que estas situaciones no son consideradas ni en los análisis de riesgo ni en general, en la propia comunidad científica.

Otra de las dimensiones a debatir consiste en preguntarse por qué se precisa del establecimiento de una entidad con características diferentes. Desde nuestro punto de vista, la conceptualización de gen de la tecnociencia resulta útil a una búsqueda de eficacia y rendimiento en el corto plazo, características propias de una práctica científica asociada al sector empresarial. En efecto, difícilmente los OGM podrían funcionar si se consideraran los distintos contextos con los que cada inserto se encuentra, tal como suele reconocerse en biología. Más bien, resulta necesario desde el punto de vista de la generación de un producto comercial asegurar públicamente que el producto vendido –la planta GM– funcione sin exponer a riesgos a la población y el ambiente. Así, la concepción de gen que soslaya los tiempos evolutivos y que se presenta como determinante de los fenotipos parecería más bien una condición necesaria de la tecnociencia de los OGM que una casualidad.

Para concluir, nos parece importante remarcar que la práctica científica o tecnocientífica de intervención de la realidad no vienen siendo preocupación de la filosofía de la biología como consideramos que debiera, tanto para enriquecer los análisis filosóficos de diverso tipo, como para dar un llamado de atención acerca de los riesgos ambientales y sociales asociados.

Bibliografía

- Amedeo, P., Habu, Y., Afsar, K., Mittelsten Scheid, O. & Paszkowski, J. Disruption of the plant gene MOM releases transcriptional silencing of methylated genes. *Nature* **405** (6783): 203-206, 2000.
- Barry, G. & Kishore, G. M. Glyphosate Tolerant Plants. *Monsanto Co.*, US 005463175, 1995.
- Beurton, P., Falk, R. & Rheinberger, H. J. *The Concept of the Gene in Development and Evolution. Historical and Epistemological Perspectives*. Cambridge, United Kingdom: Cambridge University Press, 2000.
- Brinker, R. *et al.* Soybean Transgenic Event MON 87708 and Method of Use Thereof. *Monsanto Co.*, US 8501407B2, 2013.
- Coruzzi, G. & Brears T. Transgenic plants that exhibit enhanced nitrogen assimilation. *New York University*, US 6107547, 2000.
- Crick, F. On protein synthesis. *Symp Soc Exp Biol* **12**: 138-163, 1958.
- Demeke, T., Hucl, P., Båga, M., Caswell, K., Leung, N., & Chibbar, R. N. Transgene inheritance and silencing in hexaploid spring wheat. *Theoretical and Applied Genetics* **99** (6): 947-953, 1999.
- Echeverría, J. De la filosofía de la ciencia a la filosofía de la tecnociencia. *Revista Internacional de Filosofía* **50**: 31-41, 2010.
- Echeverría, J. De la filosofía de la ciencia a la filosofía de las tecno-ciencias e innovaciones. *Revista CTS* **28** (10): 109-119, 2015.
- Echeverría, J. *La revolución tecnocientífica*. Madrid: Fondo de Cultura Económica, 2003.
- El-Hani, C. Between the cross and the sword: the crisis of the gene concept. *Genetics and molecular biology* **30** (2): 297-307, 2007.
- FDA. *GR2E Response Letter RE: Biotechnology Notification File No. BNF 000158*. Disponible en: <https://www.fda.gov/downloads/Food/IngredientsPackagingLabeling/GEPlants/Submissions/ucm608797.pdf>, 2018. Visitada el 31/08/2019.
- Filipecki, M. & Malepszy, S. Unintended consequences of plant transformation: a molecular insight. *Journal of Applied Genetics* **47** (4): 277-286, 2006.
- Fogle, T. Are genes units of inheritance? *Biology and Philosophy* **5** (3): 349-371, 1990.
- Gilbert, S.C. Genes Classical and Genes Developmental: The Different Uses of Genes in Evolutionary Synthesis. En: Beurton, P.; Falk, R. & Rheinberger, H. (eds.). *The Concept of the Gene in Development and Evolution: Historical and Epistemological Perspectives*. Cambridge, United Kingdom: Cambridge University Press, 2000. Pp. 178-192.
- Gilbert, S. F. Epigenetic landscaping: Waddington's use of cell fate bifurcation diagrams. *Biology and Philosophy* **6** (2): 135-154, 1991.
- Griffiths, P. Genetic information: a metaphor in search of a theory. *Philosophy of Science* **68** (3): 394-412, 2001.
- Griffiths, P. Philosophy of Biology. En: Zalta, E. (ed.). *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*. Disponible en: <https://plato.stanford.edu/archives/spr2018/entries/biology-philosophy/>, 2008. Visitada el 31/08/2019.
- Griffiths, P. & Stotz, K. *Genetics and Philosophy. An introduction*. Cambridge, United Kingdom: Cambridge University Press, 2013.
- Griffiths, P. & Stotz, K. Genes in the postgenomic era. *Theoretical Medicine and Bioethics* **27** (6): 499-521, 2006

- Hausmann, R. *To Grasp the Essence of Life. A History of Molecular Biology*. Dordrecht: Springer Science & Business Media, 2002.
- Ho, M. W. Genetic engineering-dream or nightmare? the brave new world of bad science and big business. Bath, United Kingdom: Gateway Books, 1998.
- Hull, D. Reduction in genetics – Biology or Philosophy? *Philosophy of Science* **39** (4): 491-499, 1972.
- Ichikawa, T., Nakazawa, M., Kawashima, M., *et al.* Sequence database of 1172 T-DNA insertion sites in Arabidopsis activation-tagging lines that showed phenotypes in T1 generation. *The Plant Journal* **36** (3):421-429, 2003.
- Jablonka, E. & Lamb, M. *Evolución en cuatro dimensiones. Genética, epigenética, comportamiento y variación simbólica en la historia de la vida*. Trad. M. Zepeda García, *et al.* Buenos Aires: Capital Intelectual, 2013.
- Jacob, F. & Monod, J. Genetic Regulatory Mechanisms in the Synthesis of Proteins. *J. Mol. Biol.* **3**: 318-356, 1961.
- Keller, E. F. *The Mirage of a Space Between Nature and Nurture*. Durham: Duke University Press, 2010.
- Keller, E. F. *The Century of the Gene*. Cambridge, United States of America: Harvard United Press, 2000.
- Keyes, M. The Prion Challenge to the Central Dogma' of Molecular Biology, 1965–1991: Part I: Prelude to Prions. *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* **30** (1): 1-19, 1999a.
- Keyes, M. The Prion Challenge to the Central Dogma' of Molecular Biology, 1965–1991: Part II: The Problem with Prions. *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* **30** (2): 181-218, 1999b.
- Latham, J. R., Wilson, A. K. & Steinbrecher, R. A. The mutational consequences of plant transformation. *BioMed Research International* **2006**: 1-7, 2006.
- Linares, J. E. *Ética y mundo tecnológico*. México D. F.: Fondo de Cultura Económica, 2008.
- Mettler, I. J. & Mies, D. Imbred Maize Line 2044BT. *Syngenta Participations AG*, US 6573438B1, 2003.
- Morange, M. The Transformation of Molecular Biology on Contact with Higher Organisms, 1960-1980: from a Molecular Description to a Molecular Explanation. *History and Philosophy of Life Sciences* **19** (3): 369-393, 1997.
- Morange, M. What history tell us XIII. Fifty years of the Central Dogma. *J. Biosci.* **33** (2): 171-175, 2008.
- Moss, L. *What genes can't do*. Massachussets, United States of America: MIT press, 2003.
- Oyama, S. *The ontogeny of information: Developmental systems and evolution*. 2^a ed. USA: Duke University Press, 2000.
- Pestre, D. Ciencia, política y dinero. Trad. R. Figueiras. Buenos Aires: Ediciones Nueva Visión, 2005.
- Portin, P. The concept of the gene: short history and present status. *The Quarterly Review of Biology* **68** (2): 173-223, 1993.
- Rang, A., Linke, B. & Jansen, B. Detection of RNA variants transcribed from the transgene in Roundup Ready soybean. *European Food Research and Technology* **220** (3-4): 438-443, 2004.
- Rheinberger, H. J., Müller-Wille, S. & Meunier, R. Gene. En: Zaita, E. (ed.). *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*. Disponible en: <https://plato.stanford.edu/archives/spr2015/entries/gene/>, 2015. Visitada el 31/08/2019.
- Schaub, P., *et al.* Nonenzymatic β -Carotene Degradation in Provitamin A-Biofortified Crop Plants. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* **65** (31): 6588-6598, 2017.
- Schlichting, C. D. & Pigliucci, M. *Phenotypic evolution: a reaction norm perspective*. Massachussets, United States of America: Sinauer Associates Incorporated, 1998.

Wagner, N., Soybean Transgenic Event MON 87705 and Method of Use Thereof. *Monsanto Co.* US 2010/0080887, 2010.

Waters, C. K. Genes made molecular. *Philosophy of Science* **61** (2): 163-185, 1994.

Waters, C. K. What Concept Analysis in Philosophy of Science Should Be (and Why Competing Philosophical Analyses of Gene Concepts Cannot Be Tested by Polling Scientists). *History and Philosophy of the Life Sciences* **26** (1): 29-58, 2004.

Wilson A. & Latham, J. GMO Golden Rice Offers No Nutritional Benefits Says FDA. *Jonathan Latham Science Writings*. Disponible en: <http://jonathanlatham.net/gmo-golden-rice-offers-no-nutritional-benefits-says-fda/>, 2018. Visitada el 31/08/2019.

Windels, P., Taverniers, I., Depicker, A., Van Bockstaele, E. & De Loose, M. Characterisation of the Roundup Ready soybean insert. *European Food Research and Technology* **213** (2): 107-112, 2001.

Apéndice

Tabla 1: Patentes analizadas en el presente trabajo.

Número de patente	Institución/Empresa	Planta y fenotipo buscado
US2010/0080887	Monsanto	Soja con 55-80% ác. Oléico y 8% ác. grasos saturados
US 8501407 B2	Monsanto	Soja con tolerancia a herbicida dicamba
US 2011/0067141 A1	Monsanto	soja con mayor cantidad de ácidos poliinsaturados
US 2006/0282915 A1	Monsanto	Soja con resistencia a glifosato
US 5367110	Yeda Research and Development	Aumento en la producción de TRE y LYS
US 5463175	Monsanto	Soja resistente a glifosato
US 5689049	Pioneer	Plantas con macho estéril
US 6107547	University of New York	Plantas con aumentos en la asimilación de nitrógeno
US 6531649 B1	Syngenta	Remolacha azucarera con resistencia a glifosato
US 6573438 B1	Syngenta	Maíz con resistencia a lepidópteros