

UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA
FACULTAD DE AGRONOMÍA

**CONSERVACIÓN DE VARIEDADES CRIOLLAS DE MAÍZ Y COEXISTENCIA
CON TRANSGÉNICOS**

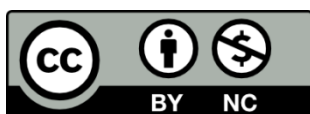
por

Gastón OLANO DE LEÓN

**Trabajo final de grado
presentado como uno de los
requisitos para obtener el
título de Ingeniero Agrónomo**

MONTEVIDEO
URUGUAY
2025

Este Trabajo Final de Grados e distribuye bajo licencia
“Creative Commons **Reconocimiento – No Comercial**”.



PÁGINA DE APROBACIÓN

Trabajo final de grado aprobado por:

Director/a:

Ing. Agr. (Dr.) Rafael Vidal

Tribunal:

Ing. Agr. (Dr.) Rafael Vidal

Ing. Agr. (Mag.) Mariana Vilaró

Ing. Agr. (Dr.) Gabriel Fernandes

Fecha:

9 de febrero de 2026

Estudiante:

Gastón Olano de León

AGRADECIMIENTOS

A mis colegas de facultad que me acompañaron durante todo el proceso de formación, cuyo apoyo fue fundamental para mi crecimiento académico y personal.

A mi tutor Rafael Vidal y a Pablo Galeano por la guía y apoyo en la realización de este trabajo.

A mi familia y amigos por brindarme su apoyo incondicional.

TABLA DE CONTENIDO

	Página
PÁGINA DE APROBACIÓN	3
AGRADECIMIENTOS	4
LISTA DE TABLAS Y FIGURAS	7
RESUMEN.....	8
SUMMARY	9
<u>1 INTRODUCCIÓN.....</u>	<u>10</u>
<u>2 REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA</u>	<u>12</u>
2.1 AGROBIODIVERSIDAD.....	12
2.2 VARIEDADES CRIOLLAS.....	13
<u>2.2.1 Cultivares genéticamente modificados.....</u>	<u>15</u>
<u>2.2.2 Cultivares de maíz genéticamente modificado en Uruguay y su normativa ...</u>	<u>16</u>
2.3 FLUJO DE TRANSGÉNES Y RIESGOS ASOCIADOS.....	18
2.3.1 Flujo Génico en Maíz.	18
2.3.2 Casos de flujo génico en Uruguay	20
2.3.3 Riesgos asociados a la contaminación con transgénicos	21
2.3.4 Problemas de presencia de transgénicos en alimentos	22
2.3.5 Contaminación con herbicidas.....	23
<u>3 MATERIALES Y MÉTODOS</u>	<u>25</u>
3.1 BASE DE DATOS UTILIZADA	25
3.2 ANÁLISIS ESTADÍSTICO.....	27
<u>4 RESULTADOS.....</u>	<u>28</u>
4.1 ANÁLISIS DE ENTREVISTADOS.....	28
4.2 ANÁLISIS DE VARIEDADES.....	29
4.3 ANÁLISIS DE CONCORDANCIAS MÚLTIPLES	32
<u>5 DISCUSIÓN</u>	<u>34</u>
5.1 DETECCIÓN DE ADN TRANSGENICO SEGUN REGIÓN	34
5.2 DETECCIÓN DE ADN TRANSGENICO SEGÚN ORIGEN	35
5.3 DETECCIÓN DE ADN TRANSGENICO SEGÚN NÚMERO DE VARIEDADES CONSERVADAS	35
5.4 DETECCIÓN DE ADN TRANSGENICO SEGÚN PARTICIPACIÓN.....	35

5.5	DETECCIÓN DE ADN TRANSGENICO SEGÚN ENCARGADO DE LA CONSERVACIÓN Y USOS.....	36
5.6	DETECCIÓN DE ADN TRANSGENICO SEGÚN TIPO Y COLOR DE GRANO.....	36
5.7	RECOMENDACIONES PARA FORTALECER LA COEXISTENCIA REGULADA	37
<u>6</u>	<u>CONCLUSIONES.....</u>	<u>39</u>
<u>7</u>	<u>BIBLIOGRAFÍA.....</u>	<u>40</u>
<u>8</u>	<u>ANEXO</u>	<u>46</u>

LISTA DE TABLAS Y FIGURAS

Tabla No.	Página
Tabla 1 <i>Eventos transgénicos de maíz autorizados para producción, uso, consumo directo y transformación.....</i>	18
Tabla 2 <i>Accesiones colectadas, departamento, región y año de colecta.....</i>	27
Tabla 3 <i>Número de entrevistados por región según detección transgénica en sus variedades</i>	28
Tabla 4 <i>Número de entrevistados que participan o no en organizaciones según detección transgénica en sus variedades</i>	28
Tabla 5 <i>Número de entrevistados que conservan una o más variedades según detección transgénica en sus variedades</i>	29
Tabla 6 <i>Número de entrevistados por actor que conserva la variedad según detección transgénica en sus variedades</i>	29
Tabla 7 <i>Número de variedades con presencia de transgénos según actor que conserva la variedad</i>	30
Tabla 8 <i>Número de variedades con presencia de transgénos según origen</i>	30
Tabla 9 <i>Número de variedades con presencia de transgénos según destino principal</i>	31
Tabla 10 <i>Número de variedades con presencia de transgénos según color de grano</i>	31
Tabla 11 <i>Número de variedades con presencia de transgénos según tipo de grano</i>	32
Figura No.	Página
Figura 1 <i>Mapa de regiones del Uruguay</i>	26
Figura 2 <i>Análisis de correspondencias múltiples, distribución de variedades criollas según detección de transgénos</i>	33

RESUMEN

El maíz (*Zea mays* L.) es un cultivo ampliamente utilizado en el Uruguay y cuenta con una gran diversidad genética representada por variedades criollas conservadas *ex situ* e *in situ* – *on farm* por productores familiares. A partir del año 2003, con el ingreso del maíz transgénico MON810, el uso de cultivares genéticamente modificados se ha generalizado en el territorio nacional. Debido a las características reproductivas de la especie, los cultivares comerciales pueden transferir sus características transgénicas a variedades criollas por medio de la polinización cruzada lo que representa un problema para la conservación *in situ* - *on farm*. En este contexto, el objetivo del trabajo es caracterizar los niveles de contaminación con ADN transgénico de una colección de variedades criollas conservadas en Uruguay y generar insumos para establecer estrategias que promuevan la coexistencia entre cultivos transgénicos y variedades criollas. Se analizó e integró información correspondiente a 54 variedades criollas y 33 productores, proveniente de relevamientos etnobotánicos por medio de entrevistas semi estructuradas, caracterizaciones fenotípicas de espiga y grano, presencia/ausencia de ADN transgénico por medio de DAS-ELISA. Se utilizó la prueba exacta de Fisher para determinar la existencia de asociación entre la detección de ADN transgénico y características etnobotánicas y fenotípicas presentes en la base de datos utilizada. Se realizó un análisis de correspondencias múltiples (ACM) para visualizar de forma gráfica la existencia o no de relaciones entre las variables analizadas en su conjunto y la presencia de ADN transgénico, utilizando el programa R 3.6.0+ en conjunto a los paquetes “readr” “FactoMineR” y “factoextra”. Del total de variedades analizadas (54), 21 obtuvieron un resultado de detección de ADN transgénico positivo (38%), correspondientes a 15 de los productores entrevistados, provenientes de todas las regiones del país representadas. Se detectaron diferencias según el uso principal, variedades destinadas al autoconsumo obtuvieron detecciones positivas en menor frecuencia que aquellas que se destinan al consumo animal. Productores que participan de organizaciones obtuvieron detecciones positivas en sus variedades en una frecuencia menor que aquellos que mencionan no tener lazos con ninguna organización de productores. Se necesita fomentar el flujo de información relevante para conservación *in situ-on farm* de la diversidad genética del cultivo de maíz, mejorar el acceso a herramientas de detección de ADN transgénico y generar un marco regulatorio que ayude a fomentar la coexistencia regulada entre sistemas de producción que utilicen cultivares transgénicos y variedades criollas.

Palabras clave: conservación, coexistencia, variedades criollas, transgénicos, *Zea mays* L.

SUMMARY

Maize (*Zea mays* L.) is a widely cultivated crop in Uruguay and boasts a high degree of genetic diversity, represented by landraces conserved *ex situ* and *in situ* – *on farm* by family farmers. Since 2003, with the introduction of the transgenic maize variety MON810, the use of genetically modified cultivars has become widespread throughout the country. Due to the reproductive characteristics of the species, commercial cultivars can transfer their transgenic characteristics to native varieties through cross-pollination, which poses a problem for *in situ* - *on farm* conservation. In this context, the objective of this work is to characterize the levels of transgenic DNA contamination in a collection of landraces conserved in Uruguay and to generate inputs for establishing strategies that promote coexistence between transgenic crops and native varieties. Information corresponding to 54 landraces and 33 farmers was analyzed and integrated. This information came from ethnobotanical surveys conducted through semi-structured interviews, phenotypic characterizations of ear and grain, and the presence/absence of transgenic DNA using DAS-ELISA. Fisher's exact test was used to determine the association between the detection of transgenic DNA and ethnobotanical and phenotypic characteristics present in the database. A multiple correspondence analysis (MCA) was performed to graphically visualize the existence or absence of relationships between the variables analyzed as a whole and the presence of transgenic DNA, using the R 3.6.0+ program in conjunction with the “readr” “FactoMineR” and “factoextra” packages. Of the total varieties analyzed (54), 21 obtained a positive transgenic DNA detection result (38%), corresponding to 15 of the producers interviewed, from all the represented regions of the country. Differences were detected according to the primary use; varieties intended for self-consumption had positive detections less frequently than those intended for animal feed. Producers who participate in organizations had positive detections in their varieties less frequently than those who reported no ties to any producer organization. It is necessary to promote the flow of relevant information for *in situ-on farm* conservation of the genetic diversity of maize crops, improve access to transgenic DNA detection tools, and generate a regulatory framework that helps promote regulated coexistence between production systems that use transgenic cultivars and native varieties.

Keywords: conservation, coexistence, landraces, transgenes, *Zea mays* L.

1 INTRODUCCIÓN

La aceleración de los procesos de expansión de la frontera agrícola y el cambio de los paradigmas productivos ocurridos a partir del siglo XX de la mano de la revolución verde, alteró el paisaje sustituyendo ecosistemas naturales por sistemas de cultivo caracterizados por ocupar grandes extensiones de tierra, el uso de pocas especies y grandes cantidades de insumos externos, lo que impulsó un proceso de pérdida de biodiversidad (Rodríguez & Meza, 2016).

La preocupación por la pérdida de diversidad biológica a nivel mundial resultó en la firma del Convenio sobre Diversidad Biológica (CDB), generado en la conferencia de medio ambiente convocada por las Naciones Unidas en Río de Janeiro el 9 de junio de 1992 (Organización Naciones Unidas [ONU], 1993). El CDB tiene como objetivos la conservación de la diversidad biológica, el uso responsable de sus componentes y la repartición justa y equitativa de los beneficios resultantes de su uso (ONU, 1993). Los 196 países que forman parte del CDB deben implementar estrategias para la identificación y seguimiento del estado de sus componentes y medidas de conservación *ex situ* e *in situ* con la finalidad de cumplir los objetivos del convenio (ONU, 1993).

La revolución Biotecnológica y su subsecuente expansión al rubro agrícola resultó en la aparición de los primeros cultivos genéticamente modificados a finales del siglo XX. En respuesta a los posibles impactos que podría tener la liberación ambiental de dichos organismos sobre la conservación de la diversidad biológica y la salud humana, el 29 de enero de 2000 se aprueba el Protocolo de Cartagena (Protocolo de Cartagena Sobre Seguridad de la Biotecnología del Convenio sobre Diversidad Biológica), generando un compromiso internacional para asegurar la seguridad y mitigar los efectos negativos que podría generar su uso (Secretaría del Convenio sobre Diversidad Biológica [SCDB], 2000).

Con la aparición y adopción de los primeros cultivos transgénicos de soja y maíz en Uruguay, se comenzó a elaborar un marco normativo que derivó en la firma del Decreto 353/008 (2008), que tuvo entre sus objetivos, la creación de una estructura institucional que permitiera mejorar las capacidades del país para la utilización de biotecnología como herramienta para el desarrollo productivo, cumpliendo con objetivos relacionados tanto a la promoción y protección de la salud como a la conservación de recursos naturales, mencionando el interés para el país de fomentar políticas de coexistencia regulada entre sistemas productivos que utilizan o no organismos genéticamente modificados (OGM).

En particular, el maíz (*Zea mays* L.) ha sido foco de debate debido a sus características reproductivas, ya que los cultivos comerciales de maíz transgénico pueden transferir estos genes por medio de polinización cruzada a otros cultivos y especies emparentadas (Ceniceros-Ojeda et al., 2023). Uruguay es hogar de una importante diversidad genética de maíz, concretamente en el territorio nacional fueron identificadas 10 razas/complejos raciales de maíz (de María et al., 1979; Silva et al.,

2020), representados por variedades criollas conservadas *in situ* – *onfarm* por productores familiares y accesiones conservadas *ex situ* en bancos de germoplasma. La ocurrencia de flujo génico ha sido verificada en nuestro país al detectarse ADN de origen transgénico en variedades criollas (VC) de maíz (Galeano et al., 2011; Franco et al., 2013). La ocurrencia de este fenómeno pone a prueba el concepto de coexistencia regulada mencionada en el decreto 353/008 (2008) y la conservación de este recurso genético.

El objetivo general de este trabajo es caracterizar los niveles de contaminación con ADN de origen transgénico presentes en una colección de variedades criollas de Uruguay. Identificar zonas dentro del territorio nacional con diferencias de ocurrencia de contaminación, así como la existencia de diferencias en el manejo, uso y selección de variedades criollas que puedan favorecer o dificultar su ocurrencia, generar insumos para establecer estrategias que promuevan la coexistencia entre variedades criollas de maíz y su contraparte genéticamente modificada.

Preguntas y Objetivos

¿Es posible la coexistencia de variedades criollas e híbridos transgénicos en las condiciones actuales de Uruguay?

- a) ¿Existen diferencias regionales en la presencia de variedades contaminadas?
- b) ¿Existen diferencias en quien y como se manejan las variedades que contienen transgénos y aquellas que no los contienen?
- c) ¿Existen distinciones en los criterios de utilización y selección entre variedades contaminadas y aquellas que no presentan contaminación?
- d) ¿Existen diferencias fenotípicas de grano entre las variedades contaminadas y no contaminadas?

2 REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

2.1 AGROBIODIVERSIDAD

La diversidad biológica o biodiversidad consta de la variabilidad de organismos vivos incluidos en ecosistemas terrestres y acuáticos, comprende la diversidad dentro y entre especies y de los ecosistemas (ONU, 1993). La agrobiodiversidad es una parte de la biodiversidad general, es el resultado de años de selección, mejoramiento y desarrollo de sistemas de producción agrícola (Rodríguez & Meza, 2016). Integra todos los componentes de la biodiversidad importantes para los ecosistemas agrarios, las especies de cultivo y ganado, las variedades y razas, también incluye los componentes que apoyan la producción agrícola por medio de servicios ecosistémicos (SCDB, 2008).

La pérdida de biodiversidad a nivel mundial es promovida por factores que actúan a distintos niveles, asociados a la demografía, los mercados internacionales y el cambio climático, aunque los factores más inmediatos son la expansión de la frontera agrícola ocasionando la pérdida y degradación de ecosistemas forestales y acuáticos, el cambio en el uso del suelo hacia la producción intensiva de un número reducido de especies, razas y variedades, la contaminación y el uso excesivo de insumos externos, la explotación excesiva de recursos y la proliferación de especies invasoras resultantes de los cambios en los paradigmas productivos (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura [FAO], 2019).

De la amplia gama de especies que han sido domesticadas por el ser humano a lo largo de la historia, en la actualidad sólo 30 especies proveen casi todo el aporte calórico de la dieta humana a nivel mundial, y de esas hay 4 que aportan más del 60% (maíz, trigo, arroz y papa) mientras que 12 cultivos y 5 especies animales proporcionan el 75% de los alimentos (Rodríguez & Meza, 2016).

El deterioro de los recursos genéticos a nivel mundial ha resultado en el desarrollo de diferentes estrategias de conservación. La conservación *ex situ*, donde el material genético es conservado en bancos de germoplasma o jardines botánicos, y la conservación *in situ* en la cual la conservación es realizada en las granjas o hábitats naturales a través de áreas protegidas (Brush, 1999).

La adopción de cultivares mejorados adaptados a sistemas productivos de alto uso de insumos, con alto potencial de rendimiento resultó en la sustitución de las variedades previamente conservadas por los agricultores, esta sustitución impulsó la conservación *ex situ* como una caja fuerte contra la erosión genética de la diversidad representada por estas (Frankel et al., 1995). La conservación *ex situ* se define como “la conservación de componentes de la diversidad biológica fuera de su hábitat” (ONU, 1993). Implica tomar muestras representativas de los organismos en sus hábitats naturales para su conservación fuera de este (Brush, 1999). Los bancos de germoplasma en particular tienen un papel importante en la conservación de especies cultivadas: semillas, muestras genéticas, de diferentes variedades y ecotipos de especies de cultivo se recogen y almacenan en condiciones controladas en temperaturas bajo cero (SCDB, 2008).

La conservación *in situ* consta de la conservación de ecosistemas, hábitats naturales y el mantenimiento de poblaciones viables de especies en sus entornos naturales (ONU, 1993). Es una forma de conservación dinámica en la que el sujeto se encuentra en condiciones de continua presión de selección por parte del ambiente en el que se desarrolla. La conservación *in situ – on farm*, de la diversidad genética de cultivos y animales de cría, supone el mantenimiento de poblaciones viables en los paisajes agrícolas donde ellos han desarrollado sus características distintivas, permitiendo la continua adaptación a condiciones cambiantes por medio de la selección de los agricultores (SCDB, 2008), siendo las variedades criollas un ejemplo de esta conservación dinámica.

La mayor diferencia entre estos dos métodos de conservación, *ex situ* e *in situ*, es que el primero se encarga de mantener el material genético en el preciso estado en el que fue colectado evitando pérdidas y degradación, mientras que el segundo trata de mantenerlo en sistemas sometidos a cambios constantes. Es importante utilizar estas dos estrategias de forma complementaria ya que la conservación de los recursos genéticos no involucra solamente a los alelos y genotipos presentes en poblaciones de plantas cultivadas en el momento de su colecta, sino que implica también considerar su evolución, sus especies emparentadas, relaciones agroecológicas, conocimiento asociado a su selección y manejo (Brush, 1999).

Una estrategia utilizada a nivel mundial para combinar estos dos métodos de conservación son los bancos de semillas locales o comunitarios, son instituciones gobernadas y manejadas localmente por comunidades rurales para asegurar de forma conjunta una reserva de semillas, cuentan con un lugar físico para el almacenamiento del acervo genético de la comunidad (Rivas Platero et al., 2013; Vernoooy et al., 2018). Su principal función es la de conservar variedades criollas utilizadas por las comunidades en las que se encuentran presentes, dar acceso y garantizar la disponibilidad de semilla y funcionar como plataforma para el desarrollo comunitario (Vernoooy et al., 2016). Esta plataforma habilita un espacio para el intercambio y documentación de conocimiento tradicional, la conducción de experimentos participativos, la cooperación con instituciones y el empoderamiento de los agricultores como individuos y como grupo (Vernoooy et al., 2016).

El uso de diferentes estrategias para conservar la agrobiodiversidad es importante ya que estas son complementarias y necesarias para mantener ecosistemas agrícolas diversos y aumentar la seguridad alimentaria, mejorar la nutrición al diversificar la dieta, reducir la dependencia de insumos externos y los impactos negativos al ambiente (FAO, 2019; SCDB, 2008), otorgando a los sistemas de producción una mayor resiliencia frente a factores adversos, incluidos los efectos del cambio climático (FAO, 2019).

2.2 VARIEDADES CRIOLLAS

Frankel et al. (1995) definen las VC como producto de la exposición a diversos climas, ataques de insectos y enfermedades, introgresión de otros genotipos más o menos emparentados y la perspectiva de quienes las cultivaban. Manteniendo así

poblaciones diversas, que durante miles de años sostuvieron el desarrollo de la humanidad y aún lo hacen en lugares más desfavorecidos socio-ambientalmente.

Las variedades criollas tienen seis características distintivas según Camacho Villa et al. (2005): (1) genéticamente diversas, (2) reconocibles por quienes las conservan por sus características morfológicas, de uso o adaptación, (3) origen histórico, son el resultado de varios ciclos de multiplicación y selección en una determinada región, tanto por una familia o por grupos de agricultores, (4) no son el resultado final de programas formales de mejoramiento, (5) presentan adaptación local y (6) están asociadas a sistemas tradicionales de producción.

Galván et al. (2015) mencionan que las VC presentan un valor intrínseco y un valor de uso. El primero, se refiere al valor como elemento cultural e identitario de los agricultores/as. El segundo, es el valor como producto comercial, como alimento, forraje y otros usos en el predio, y como fuente de variabilidad para el mejoramiento convencional por su adaptación a las condiciones agroecológicas locales y características agronómicas favorables.

El Instituto Nacional de Semillas (INASE), que tiene como objetivo principal fomentar la producción y uso de semilla con identidad y calidad superior comprobada, estableció en 2014 un marco normativo para la comercialización de las VC (Galván et al., 2015). Por medio de esta normativa el INASE reconoce el valor cultural, como recurso genético y reserva de biodiversidad de las VC y las define como:

una población local seleccionada y mantenida por agricultores en una determinada localidad de Uruguay, durante al menos 15 ciclos productivos. La variedad criolla puede haber partido de cultivares registrados o no, cuya historia de mantenimiento varietal y adaptación agronómica a las condiciones locales de producción es conocida. La Variedad Criolla debe diferenciarse claramente del cultivar original y de cualquier otro cultivar notoriamente conocido. (Resolución N° 158/014, 2014, p.1)

El uso de variedades criollas predomina sobre los cultivares mejorados en los ambientes con potenciales productivos bajos donde estas son sometidas a una presión de selección que favorece la rusticidad y adaptabilidad (Frankel et al., 1995). Esta diversidad genética brinda protección contra extremos climáticos o enfermedades, pudiendo ser utilizada en el mejoramiento convencional por sus características adaptativas (Frankel et al., 1995). Altieri y Nicholls (2008) mencionan que es importante promover el uso de variedades/especies adaptadas a las condiciones de clima local, haciendo énfasis en la resistencia incrementada al calor y sequía, destacan también que esta diversidad puede brindar seguridad para los agricultores frente enfermedades producidas por patógenos que se vieran favorecidas por el cambio climático.

En Uruguay existen experiencias en el uso de variedades criollas como base para el mejoramiento genético, para responder a la necesidad de germoplasma adaptado a condiciones específicas de producción en nuestro país. Tanto INIA como Facultad de

Agronomía han desarrollado sus propias variedades de polinización abierta a partir de poblaciones locales, como pueden ser “INIA Casera” y “Pantanoso del Sauce CRS” respectivamente donde el germoplasma local de cebolla (*Allium cepa*) se utilizó para obtener cultivares que se adaptaran al ciclo productivo de largo intermedio, con cosecha en diciembre, el de mayor potencial productivo en nuestro país (Galván et al., 2015). Otros cultivares de uso hortícola como el morrón (*Capsicum annum* L.) “Casero de Salto” y de maní (*Arachishypogaea* L.) “Noblía” también fueron seleccionados por INIA a partir de poblaciones locales (González & Giménez, 2017). En el caso del maíz, el cultivar “Blanco Cangüé” seleccionado por Facultad de Agronomía para obtención de forraje/ensilaje en sistemas lecheros y de ganadería intensiva (Galván et al., 2015). Las variedades de polinización abierta son cultivares de especies de polinización cruzada, como la cebolla y el maíz, provenientes de sistemas formales de mejoramiento que tienen como resultado una población homogénea fenotípicamente pero genéticamente heterogénea, en la cual la estructura genética de la población se mantiene de una generación a la siguiente.

En la actualidad los cultivares híbridos predominan en el mercado por sobre las variedades de polinización abierta. La producción de cultivares híbridos, de cruzamiento simple comenzó con la investigación llevada a cabo en 1909 por Shull (Poehlman, 2005). Un híbrido simple es el resultado del cruzamiento de dos líneas endocriadas (líneas homocigotas obtenidas y mantenidas mediante autopolinización), la descendencia de este cruzamiento es una población denominada F1, genéticamente homogénea que se comporta mejor que sus líneas parentales debido a su vigor híbrido. El desarrollo de cultivares híbridos continuó con la obtención del híbrido doble, para el cual se necesita realizar un cruzamiento entre dos híbridos simples (Poehlman, 2005). Un aspecto importante en el desarrollo de cultivares híbridos es que estos poseen una protección inherente para su creador, en tanto éste mantenga las líneas endocriadas (Poehlman, 2005), dado que la semilla de la segunda generación no mantiene las características de su parental F1 por lo que no se puede guardar semilla de una generación a la siguiente.

2.2.1 Cultivares genéticamente modificados

Estos cultivares se denominan así por su método de obtención, los genes de interés no pueden ser incorporados al genoma por cruzamiento dado que provienen de especies sexualmente incompatibles, por lo que se utiliza la tecnología de ADN recombinante (Chaparro-Giraldo, 2009). Se toma el gen de un organismo de interés de cualquier origen biológico, se lo introduce a un llamado casete de expresión formado por un promotor, el gen de interés y una sección terminadora, dentro de un vector plasmídico para ser introducido al genoma de células vegetales, luego de introducido el transgén, se regenera una planta por medio de técnicas de cultivo in vitro (Chaparro-Giraldo, 2009). La primera planta obtenida es denominada T0 y esta debe contener una sola inserción del transgén y es hemicígote para la característica en cuestión que suele ser dominante. La planta T0 se autopoliniza, segregando como un monohíbrido mendeliano natural, obteniendo una descendencia con una frecuencia genotípica 1:2:1 (25% de los individuos tienen dos copias del transgén, 50% tienen una sola copia y el

25% restante no cuenta con ninguna) y los individuos con dos copias del transgén son seleccionados para ser utilizados en la formación de un nuevo cultivar (Passricha et al., 2016). Hay dos tipos principales de cultivos transgénicos, el tolerante a herbicidas, siendo el herbicida en base de glifosato el más extendido, obtenido mediante el uso del gen CP4 proveniente de *Agrobacterium tumefaciens* y los resistentes a insectos, obtenidos por transferencia de genes que codifican para proteínas cristalinas, provenientes de *Bacillus thuringiensis* (Chaparro-Giraldo, 2009).

2.2.2 Cultivares de maíz genéticamente modificado en Uruguay y su normativa

La gestión del ingreso de cultivares transgénicos al país sufrió un proceso de cambios desde el ingreso del primer cultivar transgénico (soja Roundup Ready, con el evento GTS 40-3-2 que le confiere tolerancia al herbicida glifosato) autorizado por el Ministerio de Ganadería Agricultura y Pesca (MGAP), pasando por la creación de la Comisión de Evaluación del Riesgo de Vegetales genéticamente modificados (CERV) en el año 2000, hasta el establecimiento del Sistema Nacional de Bioseguridad (SNB) durante el año 2008, creado por medio del decreto N° 353/008 (2008) que tuvo la finalidad de mejorar las capacidades del país de regular la utilización de la biotecnología, considerándola una herramienta más a tener en cuenta para el desarrollo productivo del país (*20 años de cultivos transgénicos*, s.f.). El decreto N° 353/008 (2008) considera de interés la promoción de una política de coexistencia regulada, la cual se entiende según Devos et al. (2005) como la capacidad de los productores de tomar decisiones prácticas relacionadas a la producción de cultivos de tipo convencional, orgánico o transgénico y donde la presencia de un sistema no excluye los otros de ser llevados a cabo.

El SNB está formado por el Gabinete Nacional de Bioseguridad (GNBio) que autoriza las nuevas solicitudes de vegetales genéticamente modificados y se encarga de establecer los lineamientos de la política nacional en bioseguridad (Decreto N° 353/008, 2008). La Comisión para la Gestión del Riesgo (CGR), integrada por un representante de cada uno de los Ministerios que componen el GNBio y encargada de asesorar al Poder Ejecutivo en materia de bioseguridad, gestionar las consultas de participación ciudadana y monitorear el uso de vegetales genéticamente modificados (Decreto N° 353/008, 2008). Evaluación de Riesgo en Bioseguridad (ERB), instancia técnica de análisis y evaluación caso a caso del riesgo para el ambiente y la salud humana de los OGM previo a la autorización de su uso en el país (Decreto N° 353/008, 2008).

Los primeros eventos transgénicos de maíz en ingresar al país fueron el MON810 (resistencia a lepidópteros) y Bt11 (resistencia a lepidópteros y tolerancia a herbicidas a base de glufosinato de amonio), aprobados por el MGAP y Ministerio de Economía y Finanzas (MEF) en los años 2003 y 2004 bajo el funcionamiento de la CERV (*20 años de cultivos transgénicos*, s.f.). Posterior a la creación del SNB, el GNBio ha aprobado hasta octubre de 2025, 14 eventos transgénicos para el cultivo de maíz (Tabla 1), estos eventos son en algunos casos de carácter simple, mientras que otros son lo que se conoce como eventos apilados, en los cuales se puede encontrar una

combinación de dos o más transgénicos en el mismo cultivar, adicionalmente, al momento de autorizar un evento apilado con tres o más transgénicos, se habilita también el uso de sus combinaciones parciales (*20 años de cultivos transgénicos*, s.f.).

El Gabinete Nacional de Bioseguridad por medio de las resoluciones 32A/2011 y 32B/2011 deja sin efecto las resoluciones 276/2003 y 292/2004 del en ese entonces Ministerio de Vivienda Ordenamiento Territorial y Medio Ambiente (MVOTMA), que establecen la siembra de un cultivar no transgénico equivalente a un 10% del total de área a sembrar (denominadas áreas de refugio, para evitar a los lepidópteros quebrar la resistencia a las toxinas Bt) y una distancia mínima de 250 m de aislamiento entre cultivos transgénicos y no transgénicos (*20 años de cultivos transgénicos*, s.f.). La resolución N° 42/012 (2012) del GNBio deja sin efecto la resolución conjunta ministerial de MVOTMA y MGAP del 17 de agosto de 2006 que prohibía la producción de maíz dulce genéticamente modificado cualquiera sea su evento, bajo el entendido de que en los sistemas hortícolas es muy difícil establecer medidas de coexistencia que eviten el flujo de transgénicos a cultivos no transgénicos. Este conjunto de medidas fueron eliminadas sin generar un marco regulatorio alternativo a nivel nacional que apunte a promover la coexistencia regulada mencionada en el decreto N° 353/008 (2008), siendo el departamento de Paysandú el único que mantiene una medida similar, por medio de su plan de ordenamiento territorial para la ciudad de Paysandú y su microrregión, el cual impide el uso de cultivos transgénicos a 250m de los caminos de uso público (Decreto N° 7719/18, 2018). Reglamentaciones como las mencionadas anteriormente existen en otros países, como es el caso de Brasil donde se define una distancia mínima de 100 metros entre cultivos de maíz transgénico y sus contrapartes no transgénicas, se permite también el uso de una distancia menor, de 20 metros entre campos, siempre y cuando se utilicen al menos 10 filas de una variedad convencional de similar tamaño y ciclo a la variedad transgénica (Resolução normativa N°4, 2007). México, desde 1998 no trata ninguna solicitud de ingreso y uso de cultivares transgénicos de maíz estableciendo una moratoria de facto (Trejo-Pastor et al., 2021) y Perú por otro lado no admite el ingreso y uso de cultivares transgénicos de ninguna especie hasta diciembre del año 2035 a través de Ley N° 31111 (2021).

En el año 2024 por medio de la resolución N° 1.964 se aprueba el Programa de Control de Cultivos no genéticamente modificados (PCC), el cual establece medidas de vigilancia, prevención y control con la finalidad proteger el estatus no transgénico de los cultivos de alfalfa, arroz, colza y trigo, para los cuales no se han aprobado eventos transgénicos para su uso en el territorio nacional pero si son utilizados en el contexto internacional (Resolución N° 1.964/024, 2024). Se considera prioritario mantener las semillas de estos cultivos libres de transgénicos para conformar con exigencias del mercado local e internacional así como para alinearse con las políticas nacionales de bioseguridad y protección de la biodiversidad. El mismo año se aprobó el decreto N° 84/024 (2024) que regula la aplicación de nuevas técnicas de mejoramiento genético, entre ellas la edición génica. Existe actualmente el desarrollo de vegetales modificados mediante el uso de esta tecnología. Lo que propone el decreto es que un grupo de expertos determine si el producto de la aplicación de esta tecnología es o no un

organismo genéticamente modificado, en cuyo caso debería pasar o no por el sistema de evaluación de riesgos vigente.

Tabla 1

Eventos transgénicos de maíz autorizados para producción, uso, consumo directo y transformación

Evento	Año	Rasgo
MON810	2003	Rlep
BT11	2004	Rlep, Tglu
TC1507	2011	Rlep, Tglu
GA21	2011	Tgli
NK603	2011	Tgli
T25	2020	Tglu
MON95379-3	2025	Rlep
MON89034*	2012	Rlep
MON88017*	2017	Rcol, Tgli
MIR162*	2012	Rlep
DAS40278-9*	2020	T24d, Tfop
MON87427*	2021	Tgli
MON87419*	2021	Tglu, Tdic
MON87411*	2021	Rcol, Tgli

Nota. Rlep, resistencia a lepidópteros; Rcol, resistencia a coleópteros; Tgli, tolerancia a glifosato; Tglu, tolerancia a glufosinato de amonio, T24d, tolerancia a 2,4-D; Tdic, tolerancia a dicamba; Tfop, tolerancia a herbicidas de la familia FOP. (*) Eventos autorizados por primera vez como parte de eventos apilados. Elaborado en base a 20 años de cultivos transgénicos (s.f.), Resolución N° 72/017 (2017), Resolución N° 96/020 (2020), Resolución N° 113/020 (2020), Resolución N° 137/021 (2021) y Resolución N° 169/025 (2025).

2.3 FLUJO DE TRANSGÉNES Y RIESGOS ASOCIADOS

2.3.1 Flujo Génico en Maíz.

El maíz (*Zea mays* L.) es una especie vegetal de polinización cruzada, cada individuo cuenta con flores masculinas y femeninas en estructuras separadas, las primeras se encuentran en una panoja apical mientras que las segundas se encuentran en panojas que se desarrollan en la mitad del tallo (Poehlman, 2005). El viento es el principal agente dispersor de polen y normalmente el polen que fecunda una planta de maíz suele provenir de plantas adyacentes, aunque es posible que ocurran cruzamientos entre plantas alejadas e incluso de cultivos vecinos (Weeks et al., 2007). Cada panoja masculina puede producir hasta 25 millones de granos de polen y este pierde su viabilidad en condiciones de baja humedad relativa y alta temperatura (Poehlman, 2005). Cabe destacar que si bien el flujo génico en especies como el maíz se produce mediante la polinización cruzada, este fenómeno se puede producir también por la mezcla de semillas y granos que se puede dar durante el transporte, almacenamiento o

uso compartido de maquinaria agrícola (G. Fernandes, comunicación personal, 10 de febrero, 2026).

De acuerdo con Devos et al. (2005) varios factores han sido identificados a la hora de estudiar la ocurrencia de flujo génico en el cultivo de maíz. Entre ellos se encuentran la distancia de aislamiento entre el donante y el receptor de polen, el tamaño, forma y orientación del cultivo donante y receptor, características del viento y topografía dominantes en el paisaje local, viabilidad del polen, sincronización de la floración, destino comercial del cultivo (producción de semillas, granos o forraje), así como características metodológicas específicas de cada estudio (Devos et al., 2005). De estos factores, la distancia entre donante y receptor de polen prevalece a la hora de discutir medidas de aislamiento entre distintos cultivos de maíz. Si bien la mayoría del polen se deposita en un radio de 30 m alrededor de la planta donante (Devos et al., 2005) la distancia máxima a la que este puede trasladarse reteniendo su viabilidad es variable.

La frecuencia en que ocurre la polinización cruzada en el cultivo de maíz disminuye significativamente a medida que nos alejamos de la fuente (Devos et al., 2005), pero es posible encontrar evidencia de la ocurrencia de este fenómeno a distancias mayores a las mencionadas anteriormente en las reglamentaciones referidas a la coexistencia entre cultivos transgénicos y no transgénicos (Nerling et al., 2014; Sauthier & Castaño, 2004; Weeks et al., 2007). Weeks et al. (2007) investigaron la ocurrencia de flujo génico en maíz para forraje (medido como % de ADN transgénico) evaluado hasta 200m de distancia de la fuente de polen, en condiciones de producción en el Reino Unido. Se encontró ADN de origen transgénico en muestras tomadas hasta 200 m, la frecuencia en que esto ocurría decreció rápidamente al aumentar la distancia. Sauthier y Castaño (2004) en su experimento sobre dispersión de polen en maíz en la localidad de Fernández, provincia de Santiago del Estero, Argentina, observaron formación de granos en plantas madre que se encontraban hasta 597 m de distancia de la fuente de polen, asociando el flujo génico con la orientación y distancia respecto a la fuente de polen.

Vidal et al. (2015) comprobaron la ocurrencia de flujo génico entre cultivares transgénicos y variedades criollas por medio de detección de presencia de ADN transgénico, en los municipios de Anchieta y Guaraciaba (Santa Catarina, Brasil). Esta región se caracteriza por un alto número de agricultores familiares, importante uso de variedades criollas y por la presencia de maíces transgénicos (Costa, 2013; Silva, 2015). Se clasificaron los campos según estos fueran cultivados con variedades criollas de maíz común, pisingallo, dulce y cultivares híbridos no transgénicos, según la distancia existente entre estos y campos sembrados con cultivares genéticamente modificados, más del 46% de los campos de cada variedad se encontraban a una distancia menor o igual a 100 m, demostrando un gran solapamiento entre los cultivos. Se detectaron casos en los que un solo productor tradicional tenía hasta 9 vecinos que utilizaban semilla de origen transgénico a distancias iguales o menores a 100m. La detección ocurrió en muestras tomadas a 100, 200 y 300 m de distancia de la fuente de polen.

También en el estado de Santa Catarina, pero en el municipio de São Miguel do Oeste, Nerling et al. (2014) identificaron la presencia de ADN transgénico en campos de maíz cultivados por la Cooperativa Oestebio. Todos los cultivos siguieron uno de los siguientes criterios, 400 m de aislamiento a otros cultivos de maíz o 30 días de diferencia entre siembra de cultivos cercanos físicamente.

Fernandes et al. (2022), identificaron la presencia de ADN transgénico en variedades criollas en la región noreste de Brasil, en los estados de Bahía, Sergipe, Pernambuco, Piauí y Paraíba, mediante el uso de test de banda cromatográfica el cual es de carácter cualitativo y sirve para identificar la presencia/ausencia de una o más proteínas transgénicas. En 50 municipios del estado de Ceará, entre 2015 y 2018, también se detectó presencia de ADN transgénico en muestras de variedades criollas por medio de tests de banda cromatográfica (Lopes & Schmitt, 2025).

A nivel del paisaje, la proporción y arreglo espacial de los cultivos transgénicos respecto de los no transgénicos es un factor importante para predecir la ocurrencia de polinización cruzada mientras que a nivel predial el factor más importante es la cercanía a otro cultivo genéticamente modificado (Viaud et al., 2008). Por otro lado, sugieren que la probabilidad de ocurrencia de polinización cruzada depende en gran medida en la velocidad del viento, por lo que las medidas de aislamiento física entre transgénicos y no transgénicos deberían adaptarse al contexto climático local. A pesar de ser un proceso que involucra muchos factores, a nivel individual existen algunos recaudos que pueden ser tomados, Bellon y Brush (1994) mencionan que los agricultores de la localidad de Chiapas utilizan la separación espacial, la separación temporal y la selección de semillas como herramientas para evitar los efectos del flujo génico. La existencia de distintos ciclos de crecimientos, especialmente en fecha de floración, puede disminuir la probabilidad de cruzamiento. La selección de semillas realizada por los productores en base a descriptores fenotípicos de la espiga es el principal mecanismo por el cual se preserva la pureza de sus variedades (Bellon & Brush, 1994; Louette & Smale, 1998).

2.3.2 Casos de flujo génico en Uruguay

El primer estudio sobre polinización cruzada entre cultivos transgénicos y no transgénicos en Uruguay fue llevado a cabo por Galeano et al. (2011) en la zafra 2007/08. Se evaluó la ocurrencia de flujo génico en cinco casos, uno de los cuales contaba con aislamiento físico (distancia entre cultivos mayores a 330 m) mientras que los restantes no contaban con ninguna medida de aislamiento físico o temporal entre ambos cultivos. Se detectó polinización cruzada en tres de estos casos, el transgénico detectado en la progenie del cultivo no transgénico coincidió con el presente en el cultivo genéticamente modificado más cercano.

Franco et al. (2013), realizaron estudios de caso en las zafas 2010/2011 y 2011/12 en el que se identificaron situaciones de cultivo transgénico y no transgénico con riesgo de interpolinización (una distancia no mayor a 1500 m entre los bordes más cercanos y no más de dos semanas entre fechas de siembra). Se colectaron espigas a distintas distancias dentro del cultivo no transgénico y se testeó la progenie para

constatar la presencia de transgénos. Se confirmó la ocurrencia de flujo génico en todas las zafras, encontrando flujo de polen entre cultivos vecinos a distancias hasta 420 m. Franco et al. (2013) también compararon la cantidad y viabilidad de polen producido por un cultivar híbrido transgénico y la variedad de polinización abierta Blanco Cangüé. Observaron que la viabilidad del polen medida 24 horas post dehiscencia de las anteras descendió rápidamente para los dos materiales alcanzando valores de 8 y 9%, concluyendo que una proporción baja del polen puede permanecer viable hasta al menos un día y ser transportada por el viento siendo depositado en lugares alejados de la fuente.

A partir del año 2013, por medio de un convenio entre Redes Amigos de la Tierra y la Fundación para el progreso de la Química (FUNDAQUIM) se releva la presencia de transgénos en semilla de maíz de productores pertenecientes a la Red Nacional de Semillas Nativas y Criollas (*20 años de cultivos transgénicos*, s.f.). Entre los años 2013 y 2019 se analizaron un total de 98 muestras provenientes de 14 departamentos, se detectó la presencia de las proteínas de origen transgénico Cry1Ab, Cry1F y/o CP4EPSPS en 24 muestras provenientes de los departamentos de Canelones, Colonia, Montevideo, Tacuarembó y Treinta y Tres (*Presencia de transgénos*, s.f.)

Productores de la zona de Tapia, Canelones, enviaron 8 muestras de maíz a la Facultad de Química para realizar detección de transgénicos en el periodo comprendido entre 2014 y 2018, obteniendo resultados positivos para tres muestras en los años 2014 y 2016 con presencia de proteínas Cry1Ab y Cry1F (Favaro & Piazza, 2019). Esto resultó en la pérdida de un canal comercial diferenciado (maíz para producción de polenta orgánica), pérdida de la semilla para la utilización en la siguiente zafra e incertidumbre respecto al futuro de la producción de maíz en el predio (Favaro & Piazza, 2019).

2.3.3 Riesgos asociados a la contaminación con transgénicos

La hibridación entre especies de cultivo y sus parientes silvestres puede generar la transferencia de alelos que pueden generar tanto ventajas adaptativas como desventajas.

Cuando un transgén es introducido como una copia simple en el genoma vegetal, este se comporta de forma similar a cualquier otra característica mejorada de forma convencional, teniendo un patrón de herencia correspondiente a la monohíbrida mendeliana clásica (Chaparro-Giraldo, 2009). En el caso de los cultivos transgénicos, la copia del transgén se encuentra insertada en uno de los cromosomas, mientras que en su cromosoma homólogo esta inserción no existe, haciendo que se comporte como un heterocigoto para la característica otorgada por el transgén (Chaparro-Giraldo, 2009).

Si un transgén es incorporado por una población determinada, este puede persistir y aumentar su frecuencia dentro de la población en el caso que confiera una ventaja adaptativa y/o esta se encuentre bajo flujo constante de genes provenientes de cultivares genéticamente modificados (Ellstrand, 1996). La introgresión de un transgén que otorga tolerancia a herbicidas puede ser beneficioso para plantas silvestres en ambientes agrícolas, transformándola en una maleza difícil de controlar, mientras que

los que confieren resistencia a insectos pueden ser beneficiosos para estas en ecosistemas silvestres (Ellstrand, 1996).

Bitocchi et al. (2009) sugieren que en sí mismo, el flujo génico entre variedades criollas y cultivares modernos no necesariamente resulta en una reducción de la diversidad genética existente en estas poblaciones, aunque no se puede descartar que esto ocurra en escenarios donde las variedades criollas se encuentren expuestas de forma constante al flujo génico con cultivares modernos de base genética estrecha. La ocurrencia del flujo puede tener consecuencias a nivel comercial como los casos reportados por Favaro y Piazza (2019) y Nerling et al. (2014) ya que la presencia de ADN transgénico puede significar el cierre de canales comerciales específicos comprometiendo la rentabilidad del productor.

2.3.4 Problemas de presencia de transgénicos en alimentos

El consumo de organismos genéticamente modificados es un tema de importancia para la población desde el momento en que estos fueron liberados para uso. Además del consumo directo de productos vegetales transgénicos, derivados de estos pueden ser utilizados en la elaboración de otros alimentos. En el caso del maíz, productos de su industrialización como el aceite, jarabe y almidón son utilizados en la elaboración de una amplia gama de productos alimenticios (Alrawi & Al-rawi, 2022).

Debido a su desarrollo relativamente reciente, poco se sabe de los efectos a largo plazo del consumo de alimentos transgénicos sobre la salud (Alrawi & Al-rawi, 2022) y los experimentos realizados para comprobar su inocuidad en general son de corto a mediano plazo (90 días) (Peña, 2014). Es importante destacar también, aunque la toxicidad de algunas proteínas como las Cry1Ab y Cry1Ac ha sido estudiada de forma individual, en la actualidad los organismos transgénicos suelen tener más de un transgén en su estructura genética, por lo que se necesita información de la expresión de un conjunto de proteínas recombinantes a nivel celular y molecular en el tejido intestinal y de órganos linfoides del sistema inmunológico (Peña, 2014).

En respuesta a esta incertidumbre, se ha trabajado tanto a nivel internacional como nacional para dar a conocer al público si los productos alimenticios que consumen son o contienen material genéticamente modificado (Alrawi & Al-rawi, 2022; Traversa, 2021). En los Estados Unidos de América, The National Bioengineered Food sugirió el uso de etiquetas para diferenciar alimentos transgénicos de sus alternativas convencionales con términos como “derived from bioengineering” o “bioengineered”. La Food and Drugs Administration (FDA) determinó que los alimentos transgénicos deberían ser etiquetados en tanto sean diferentes a los demás productos en términos por ejemplo de valor nutricional, donde la etiqueta debe especificar en qué se diferencian (Alrawi & Al-rawi, 2022). Sin embargo, el etiquetado de alimentos transgénicos no es una práctica adoptada por los Estados Unidos en la actualidad, la cual si es implementada en países como Japón, Australia y los miembros de la Unión Europea (Alrawi & Al-rawi, 2022).

En Uruguay, la Intendencia Municipal de Montevideo, por medio de la Resolución N° 722/18 (2018) estableció la obligatoriedad del etiquetado de alimentos

manufacturados con ingredientes provenientes de uno o más organismos genéticamente modificados cuando estos equivalen a más del 1% del total de sus componentes. La etiqueta consta de la letra “T” acompañado de la leyenda “Contiene organismos modificados genéticamente” la cual debe encontrarse en la cara principal del empaque. Esta iniciativa es de carácter departamental, es importante que se implemente a nivel nacional teniendo en cuenta que la inocuidad de este tipo de alimentos sigue siendo cuestionada en la actualidad. Traversa (2021) en su estudio realizado en las ciudades de Rivera (Uruguay) y Livramento (Brasil) sobre el etiquetado de alimentos transgénicos, menciona que los ingredientes prevalentes en alimentos etiquetados como transgénicos son la harina de maíz y el aceite de soja. Por otro lado Traversa (2021) comenta que uno de cada cuatro habitantes comprende de forma correcta el proceso por el cual se obtienen estos alimentos y apenas uno de cada cinco sabe identificar la naturaleza transgénica de los alimentos a través de la simbología presente en el etiquetado, por lo que se hace necesaria la realización de campañas de concientización y aprendizaje para que los consumidores cuenten con el conocimiento necesario para escoger aquellos alimentos que consideren saludables.

2.3.5 Contaminación con herbicidas

El uso de cultivos genéticamente modificados también ha sido objeto de críticas asociadas a otro componente del paquete tecnológico que integran, los herbicidas cuyo principal ingrediente activo es el glifosato. El glifosato (categoría toxicológica III) es un derivado del aminoácido glicina, con ácido fosfónico unido al radical amino (N-fosfonometil glicina), siendo este un herbicida post emergente no selectivo ampliamente utilizado en la agricultura y su disponibilidad es una de las principales causas de la adopción del sistema de siembra directa a nivel mundial (Martino, 1995).

Existió la noción de que, debido a su inmovilización en el suelo y su rápida descomposición, se evitaría la presencia de residuos de este herbicida en cursos de agua y productos vegetales (Martino, 1995). Este concepto se ha visto desafiado con el paso del tiempo por estudios como el de Nardo et al. (2015), quienes concluyeron que el agua de la Laguna de Rocha y sus afluentes está recibiendo aportes de glifosato en consecuencia de la actividad agrícola de la zona.

Se han constatado efectos tóxicos del herbicida en diferentes especies de anfibios, animales de laboratorio y huevos de reptiles (Menéndez, 2017), se encontró también que el glifosato puede afectar negativamente a comunidades de microorganismos del suelo tanto patogénicos como benéficos (Conde, 2011). Bortagaray (2015) evidenció la ocurrencia de efectos tóxicos letales, no letales y teratogénicos del herbicida glifosato a concentraciones previamente denominadas como atóxicos, utilizando un test multiparamétrico de embriotoxicidad en peces cebras (*Danio rerio*).

En marzo de 2015 la Organización Mundial de la Salud (OMS) determinó que el glifosato es una sustancia probablemente cancerígena para los seres humanos (Alrawi & Al-rawi, 2022) y en el año 2016 Bayer fue denunciado por “engañar a los usuarios afirmando que el glifosato es inofensivo y de no incluir advertencias en sus etiquetas”.

Bayer fue condenada a pagar 25 millones de dólares por daños y perjuicios, siendo a su vez objeto de más de 31.000 denuncias similares (“Bayer deberá pagar”, 2022).

En nuestro país hubo un aumento de las importaciones de glifosato desde 2000 a 2016 debido principalmente al aumento del área ocupada por el cultivo de soja transgénica (*20 años de cultivos transgénicos*, s.f.). Las importaciones de otros principios activos como el glufosinato de amonio y el 2,4-D (ambos herbicidas de categoría toxicológica II) han incrementado en los últimos años, y se presume que su uso aumente debido a la presencia de cultivares transgénicos de maíz y soja tolerantes (Lorente, 2023).

3 MATERIALES Y MÉTODOS

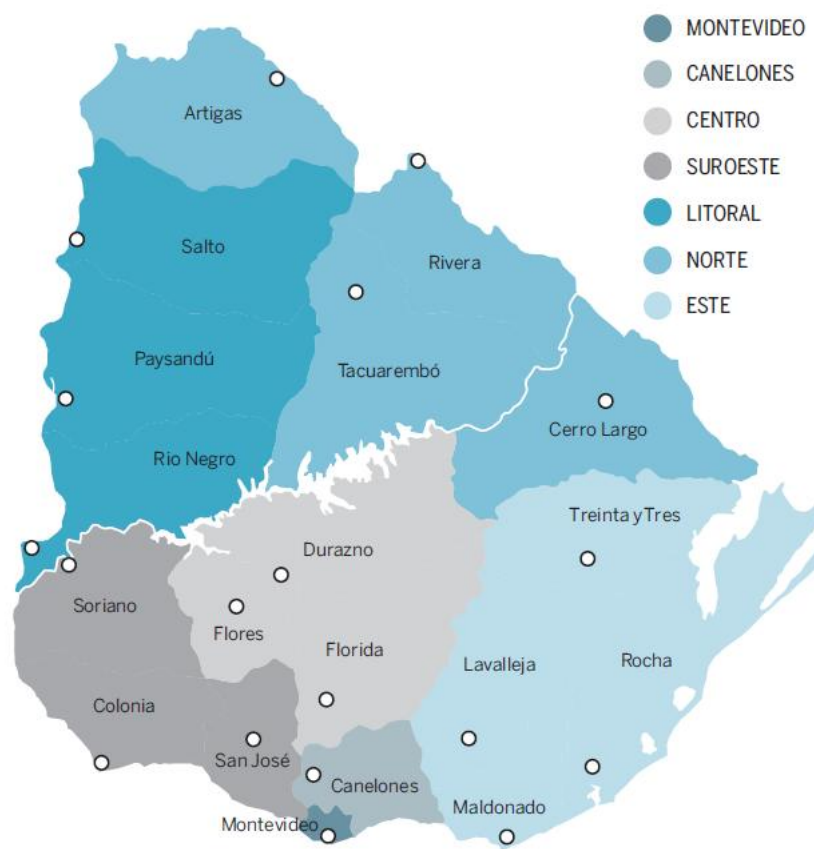
Este trabajo se centra en el análisis e integración de datos generados a partir de colectas de variedades criollas y análisis de laboratorio realizados en el marco de los proyectos CSIC I+D 2016_400 “Diversidad y Distribución de Razas de Maíz de Uruguay: Identificación de genes de interés y Micro centros de Diversidad como contribución para su conservación *in situ – on farm*” y CSIC VUSP_2_2021_34 “Determinación de la susceptibilidad diferencial a infección por *Fusarium* de variedades criollas de maíz plantadas en diferentes zonas productivas de Uruguay” entre los años 2017 y 2022.

3.1 BASE DE DATOS UTILIZADA

Junto a las colectas fue realizado un relevamiento etnobotánico por medio de entrevistas semi estructuradas realizadas a productores de 4 regiones del país (Figura 1), según la regionalización de Arocena (2011). Las entrevistas estuvieron divididas en dos partes, la primera para trazar el perfil del entrevistado/productor y la segunda con el objetivo de relevar caracteres socioculturales de las variedades donadas.

Las variedades donadas fueron caracterizadas fenotípicamente en la Facultad de Agronomía usando descriptores morfológicos de espiga y grano (International Board of Plant Genetic Resources [IBPGR], 1991) evaluando hasta cinco espigas por variedad según disponibilidad y 10 granos por espiga retirados de forma consecutiva de la misma hilera.

Se analizó la presencia de transgénos en el laboratorio del Área Bioquímica de Facultad de Química. Las muestras analizadas correspondieron a *bulks* de entre 50 y 300 granos. La presencia de transgénos se analizó por detección de proteínas mediante DAS-ELISA e identificación de transgénos por PCR. Para la detección por DAS-ELISA se utilizaron PathoScreen kits para las proteínas Bt-Cry1Ab/1Ac (PSP 06200), Bt-Cry1F (PSP 10301) y CP4 EPSPS (PSP 74000), todos de la empresa Agdia Inc (Indiana, USA), procediéndose según las instrucciones del fabricante. Se confirmó transgenicidad y se realizó identificación de eventos mediante PCR en tiempo real utilizando SYBR Green. Las extracciones de ADN se hicieron utilizando DNeasyPlant Mini Kit de Qiagen (Alemania). Las reacciones de PCR se realizaron utilizando primers específicos para el promotor CaMVp35s para confirmar transgenicidad. Para la identificación de eventos se utilizaron primers específicos para los eventos MON810, BT11, NK603, TC1507 y GA21. Se utilizaron como controles positivos y negativos Materiales de Referencia Certificados (MRC) del Institute for Reference Materials and Measurements (IRMM, Bélgica).

Figura 1*Mapa de regiones del Uruguay*

Nota. Adaptado de Arocena (2011).

Con la finalidad de entender qué sucede con el proceso de flujo genético entre variedades criollas y cultivares transgénicos se analizó de forma conjunta la información proveniente de los relevamientos etnobotánicos y caracterizaciones fenotípicas de 54 variedades criollas pertenecientes a 33 productores, con los análisis de detección de transgénicos correspondientes

Tabla 2*Accesiones colectadas, departamento, región y año de colecta*

Región	Dep.	Año	N. Ent.	% Ent/Reg	N. Acc.	% Acc/Reg
Canelones	Canelones	2017	5	18	6	13
Canelones	Canelones	2022	1		1	
Este	Rocha	2017	5	15	6	11
Norte	Rivera	2017	6	58	9	69
Norte	Rivera	2022	3		5	
Norte	Tacuarembó	2017	9		21	
Norte	Tacuarembó	2022	1		2	
Suroeste	Colonia	2022	3	9	4	7
Total	-	-	33	100	54	100

Nota. Dep, departamento; N. Ent., número de entrevistados; % Ent/Reg, porcentaje de entrevistados por región; N. Acc., número de accesiones colectadas; Acc/Reg, porcentaje de accesiones por región.

3.2 ANÁLISIS ESTADÍSTICO

Se utilizó la prueba exacta de Fisher para determinar estadísticamente si existe alguna asociación entre la detección de ADN transgénico en variedades criollas de maíz y un conjunto de características pertenecientes tanto a los entrevistados (en qué región se encuentra, quienes participan de llevar adelante el mantenimiento del cultivo, si participa o no de organizaciones, cuantas variedades conserva) como a las variedades (quién es el encargado de la conservación, origen de la variedad, uso principal, color y tipo de grano). Se optó por la utilización de la prueba exacta de Fisher ya que el tamaño muestral es pequeño (33 entrevistados y 54 variedades) y las frecuencias esperadas para algunas observaciones son menores a cinco, lo que impide la utilización de la prueba de chi-cuadrado.

Con el fin de visualizar de forma gráfica la existencia o no de relaciones entre un conjunto de variables y la aparición de ADN transgénico en variedades criollas de maíz, se realizó un análisis de correspondencias múltiples (ACM). Para el análisis se utilizaron variables categóricas pertenecientes a las 54 variedades criollas (años de conservación, origen, destino primario, destino secundario, color y tipo de grano) y se les asignó también información correspondiente a los entrevistados que las conservan (etnia, región, superficie predial, quien participa de la conservación, participación en organizaciones y si manifiesta encontrar dificultades para la conservación). Las variables “años de conservación” y “superficie predial” fueron categorizadas en grupos para ser utilizadas como variables categóricas ordinales en este análisis (Tabla A1). El análisis se realizó utilizando el programa R 3.6.0+ en conjunto a los paquetes “readr” “FactoMineR” y “factoextra”.

4 RESULTADOS

4.1 ANÁLISIS DE ENTREVISTADOS

Fueron analizadas 33 entrevistas a productores/as, 6 de Canelones, 5 de la región Este, 19 de la región Norte y 3 de la región Suroeste del país (Tabla 3). La proporción que cada grupo representa (OGM y no OGM según si la detección de ADN transgénico resultó ser positiva o negativa) fue similar en todas las regiones salvo en el departamento de Canelones donde los casos de productores con variedades libres de ADN transgénico fueron de 83%. Al analizar las frecuencias de detección transgénica respecto a la región en la que se encuentra el establecimiento no fueron halladas diferencias significativas (valor de $p=0.42$).

Tabla 3

Número de entrevistados por región según detección transgénica en sus variedades

Región	OGM	no OGM	Total	OGM%	noOGM%
Canelones	1	5	6	17	83
Este	3	2	5	60	40
Suroeste	1	2	3	33	67
Norte	10	9	19	53	47

Nota. OGM, resultados de detección transgénica positivo; no OGM, resultado de detección transgénica negativo.

Con respecto a la participación de organizaciones, 20 entrevistados confirmaron participar de alguna organización mientras que 13 no lo hacen (Tabla 4). Dentro del conjunto de productores que reportó participar de alguna organización, el 70% mantiene sus variedades libres de ADN transgénico, ocurriendo lo contrario con el conjunto que no participa en ninguna organización, de los cuales solo el 31% obtuvo resultados negativos para ADN transgénico en el análisis de detección. Se hallaron diferencias significativas para esta característica (valor de $p=0.04$), por lo que podemos afirmar que existe una relación entre la participación en organizaciones y si el caso se encuentra en el grupo OGM o no OGM.

Tabla 4

Número de entrevistados que participan o no en organizaciones según detección transgénica en sus variedades

Organización	OGM	no OGM	Total	OGM%	noOGM%
Participa	6	14	20	30	70
No participa	9	4	13	69	31

En conjunto los 33 productores conservan un total de 54 variedades criollas, de los cuales 21 agricultores conservan sólo una variedad y los 12 restantes conservan

entre dos y seis variedades cada uno (Tabla 5). Dentro de los productores que conservan 1 variedad, hubo 8 detecciones positivas para ADN transgénico (38%) y fueron 7 las detecciones positivas en el conjunto de productores que conservan 2 o más variedades (58%). No hubo diferencias significativas entre grupos con respecto al número de variedades conservadas por productor (valor de $p=0.3$).

Tabla 5

Número de entrevistados que conservan una o más variedades según detección transgénica en sus variedades

N. Var.	OGM	no OGM	Total	OGM%	noOGM%
Una	8	13	21	38	62
Dos o más	7	5	12	58	42

Respecto a quien es encargado del cultivo en el establecimiento, la variable presentó 3 categorías, hombre, mujer, toda la familia (Tabla 6). Dentro del grupo de productores con resultados de detección negativo, en 10 de los casos el cultivo de maíz es llevado adelante por hombres, en tres casos por mujeres y en cinco casos participa toda la familia del mantenimiento y conservación del cultivo. Por otro lado, en el grupo de productores con resultados positivos nueve son hombres y en ocho casos hay participación de toda la familia. No se detectaron diferencias significativas para esta característica (valor de $p=0.33$).

Tabla 6

Número de entrevistados por actor que conserva la variedad según detección transgénica en sus variedades

Encargado	OGM	no OGM	Total	OGM%	noOGM%
Hombre	9	10	19	47	53
Mujer	0	3	3	0	100
Familia	6	5	11	55	45

4.2 ANÁLISIS DE VARIEDADES

Del total de variedades analizadas en este trabajo, 21 presentaron resultados positivos en la detección de transgénicos (38%) y el 33 restante obtuvo resultados negativos (62%).

Al agrupar las variedades según el principal encargado de su mantenimiento se observa que 32 de estas son conservadas por hombres, 7 por mujeres y 15 en las cuales participa la familia (Tabla 7). Las proporciones de detecciones positivas son similares para las variedades conservadas solamente por hombres o con la participación familiar, sin embargo, en los casos donde la encargada del cultivo es la mujer no hubo

detecciones positivas. No fueron halladas diferencias estadísticamente significativas en el conjunto de datos para esta característica (valor de $p=0.06$).

Tabla 7

Número de variedades con presencia de transgénos según actor que conserva la variedad

Encargado	OGM	no OGM	Total	OGM%	noOGM%
Hombre	13	19	32	41	59
Mujer	0	7	7	0	100
Familia	8	7	15	53	47

En cuanto al origen de las variedades, 23 fueron adquiridas por medio de amigos o vecinos de la zona, siendo este el origen más frecuente en ambos grupos de detección, seguido por la herencia familiar (12 variedades), 10 de las variedades fueron adquiridas por medio de la Red de Semillas nativas y criollas del Uruguay o de intercambios en general, 6 a través de agropecuarias y solo un productor menciona haber seleccionado la variedad criolla el mismo (Tabla 8). Las proporciones de detecciones positivas y negativas fueron similares cuando las variedades fueron heredadas dentro de la familia u obtenidas por medio de vecinos de la zona, sin embargo, quienes obtuvieron sus variedades en tiendas agropecuarias o por medio de redes de intercambio obtuvieron detecciones negativas en 83% y 80% de los casos respectivamente. No se hallaron diferencias significativas al analizar las frecuencias del origen de las variedades (valor de $p=0.28$).

Tabla 8

Número de variedades con presencia de transgénos según origen

Origen	OGM	no OGM	Total	OGM%	noOGM%
Vec.	11	12	23	48	52
Her.	5	7	12	42	58
Red/Inter	2	8	10	20	80
Agr.	1	5	6	17	83
Selec.	1	0	1	100	0
NA	1	1	2	50	50

Nota. Agr, agropecuarias; Her, herencia familiar; Red/inter, intercambio; Selec, selección; Vec, vecinos.

Con relación a sus usos, los más frecuentes fueron el autoconsumo/consumo familiar y la alimentación animal (25 y 19 variedades respectivamente) mientras que cinco tienen como destino la venta (Tabla 9). Las tres variedades restantes tienen otro destino o se cultivan por razones diferentes a las mencionadas anteriormente

(producción para el canal específico de la cooperativa Graneco, tradición o placer). Fueron detectadas proteínas de origen transgénico en 80% de las variedades destinadas a la venta, 53% de las variedades utilizadas para consumo animal, 28% de las destinadas para el autoconsumo y en ninguna de las variedades cuyo destino o utilización tenía otra finalidad. Se encontraron diferencias significativas para el uso principal de las variedades (valor de $p=0.04$) lo que indica una asociación entre el uso y la probabilidad de que la variedad presente o no ADN transgénico.

Tabla 9

Número de variedades con presencia de transgénos según destino principal

Uso principal	OGM	no OGM	Total	OGM%	noOGM%
Autoconsumo	7	18	25	28	72
A. animal	10	9	19	53	47
Venta	4	1	5	80	20
Otro	0	3	3	0	100
NA	0	2	2	0	100

Fueron identificados 5 colores de grano distintos en las variedades analizadas, siendo el color de grano amarillo el más frecuente, presente en 17 variedades, seguido de anaranjado en 16 variedades y blanco en 12 variedades (Tabla 10). Los colores de grano púrpura y castaño se encontraron en menor frecuencia con cinco y dos variedades respectivamente. Dentro de los tres colores de grano más frecuentes, se observaron detecciones positivas en 41% y 44% de las variedades amarillas y anaranjadas respectivamente y 31% para las variedades de color de grano blanco, hubo detección de transgénos en 60% de las variedades de color purpura mientras que no las hubo en variedades de color castaño. No se encontraron diferencias significativas entre grupos respecto al color de grano (valor de $p=0.68$).

Tabla 10

Número de variedades con presencia de transgénos según color de grano

Color de grano	OGM	no OGM	Total	OGM%	noOGM%
Amarillo	7	10	17	41	59
Anaranjado	7	9	16	44	56
Blanco	4	9	13	31	69
Castaño	0	2	2	0	100
Púrpura	3	2	5	60	40
NA	0	1	1	0	100

Por otro lado, las variedades presentaron cuatro tipos de grano diferentes, siendo los más frecuentes los granos de tipo harinoso, dentado y duro con 15, 17 y 20 accesiones, mientras que la restante presentó tipo de grano pisingallo (Tabla 11). La proporción de variedades con detecciones positivas fue similar para los tipos de grano dentado (59%) y duro (50%), mientras que dentro de las variedades harinosas hubo una menor aparición de detecciones positivas (27%), no se detectó ADN transgénico en la única variedad con grano del tipo pisingallo. No se encontraron diferencias significativas entre ambos grupos con respecto al tipo de grano (valor de $p=0.46$).

Tabla 11

Número de variedades con presencia de transgénos según tipo de grano

Tipo de grano	OGM	no OGM	Total	OGM%	noOGM%
Duro	10	10	20	50	50
Dentado	7	10	17	41	59
Harinoso	4	11	15	27	73
Pisingallo	0	1	1	0	100
NA	0	1	1	0	100

4.3 ANÁLISIS DE CONCORDANCIAS MÚLTIPLES

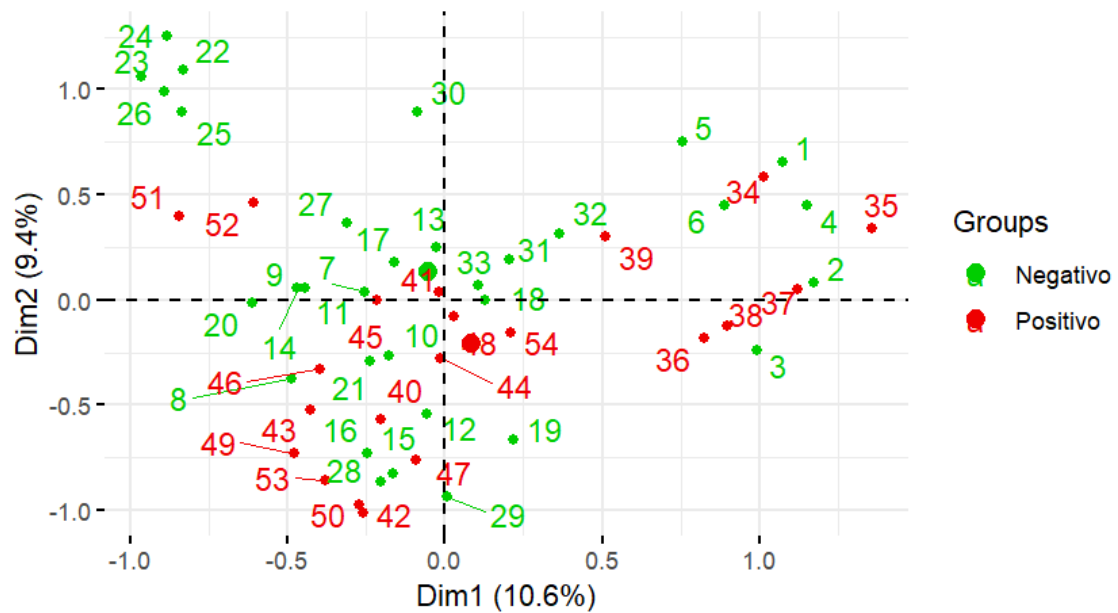
Como análisis exploratorio y con el objetivo de identificar diferencias entre las variedades criollas con y sin presencia de transgénos, se realizó un análisis de concordancias múltiples (ACM) considerando un total de 12 variables evaluadas en su conjunto, seis pertenecientes a las variedades (años de conservación, origen, destino primario, destino secundario, color y tipo de grano) y seis de quien las conserva (etnia, región, superficie predial, quien participa de la conservación, participación en organizaciones y si enfrenta dificultades para la conservación)

En la figura 1 los puntos en verde corresponden a las variedades con resultados negativos de detección de ADN transgénico y los rojos representan las variedades con resultados positivos. El ACM no permite diferenciar claramente grupos según las 12 variables utilizadas, ambos grupos se encuentran mayormente solapados (Figura 1). Las dimensiones uno y dos (Dim1 y Dim2) en conjunto representan el 20% de la variabilidad total esto advierte que gran parte de la variabilidad presente no se visualiza en la Figura 1. Pese a esto se observa una diferencia de distribución entre ambos grupos de variedades, explicado parcialmente por la Dimensión 2 (9,4%), que divide la Figura 1 en el cuadrante superior e inferior.

Al mirar la Dimensión 2 en profundidad, las categorías que mayor peso tuvieron fueron: quien conserva la variedad, el destino primario, el destino secundario y la superficie del establecimiento.

Figura 2

Análisis de correspondencias múltiples, distribución de variedades criollas según detección de transgénos



Nota. Negativo, variedades criollas con resultados de detección negativos, Positivo, variedades criollas con resultados de detección positivo.

5 DISCUSIÓN

5.1 DETECCIÓN DE ADN TRANSGENICO SEGUN REGIÓN

Considerando las regiones en las que se realizó relevamiento, que se caracterizan tanto por la presencia de producción comercial como también el cultivo de variedades criollas, se puede decir que no hay grandes diferencias entre regiones. Al considerar que según estimaciones de DIEA proporcionadas por P. Couto (comunicación personal, 3 de diciembre 2024), desde la zafra 2019/20 a 2022/23, más del 70% del área sembrada anual de maíz para grano se concentra en los departamentos de Soriano, Colonia, San José, Rio Negro y Paysandú (Tabla A2) se esperaría una menor frecuencia de detección de ADN/proteínas transgénicas en variedades criollas en sistemas de cultivo tradicional por fuera de las zonas de mayor influencia del cultivo convencional de maíz. Hubo detecciones positivas en todas las regiones evaluadas, las regiones este y norte presentaron los mayores porcentajes de detección positiva (60% y 53% respectivamente), sin embargo, el bajo número de datos registrados para la región sudoeste (tres entrevistados) impide comparar objetivamente los resultados.

De acuerdo con Viaud et al. (2008), a nivel del paisaje, los factores más importantes son la proporción de cultivos transgénicos/no transgénicos, la dirección y velocidad del viento predominante. Fernandes et al. (2022) en su estudio realizado en la región noreste de Brasil, identificaron que 34% de sus muestras fueron positivas para la presencia de ADN transgénico. Este resultado es mayor que los mencionados tanto por Lopes y Schmitt (2025) en el estado de Ceará (Brasil) donde se identificaron transgénicos en 13% de las muestras analizadas, como por Nerling et al. (2014) y Vidal et al. (2015) en la región oeste del estado de Santa Catarina (Brasil), cuyos trabajos describen situaciones de cultivo diferentes para la misma región, por un lado, un escenario de producción de semillas donde se implementaron medidas de aislamiento físico o temporal más estrictas que las establecidas por la legislación vigente y por el otro una situación de gran densidad de productores, que conservan y utilizan tanto variedades criollas como cultivares transgénicos. Nerling et al. (2014) obtuvo detecciones positivas para proteínas de origen transgénico en 19% de las muestras analizadas en un escenario de aislamiento, mientras que Vidal et al. (2015) obtuvieron detecciones positivas en 4.1% de sus muestras en el escenario considerado de alta probabilidad de cruzamiento. Estos trabajos demuestran la ocurrencia de flujo génico entre cultivos transgénicos y no transgénicos bajo diferentes condiciones de producción, pero es necesario acumular más información y unificar criterios de trabajo y detección para comprender mejor que sucede con este fenómeno a escala regional.

El 38% de las variedades evaluadas obtuvo resultados positivos en la detección de transgénicos, describiendo un resultado parecido al de Fernandes et al. (2022). Sabiendo que el maíz se encuentra presente en todo el país, descartando la presencia de grandes barreras geográficas que puedan ofrecer algún tipo de aislamiento y teniendo en cuenta los estudios de Galeano et al. (2011) y Franco et al. (2013), no es de extrañar que estos eventos de flujo ocurran en todo el país.

5.2 DETECCIÓN DE ADN TRANSGENICO SEGÚN ORIGEN

En este trabajo el origen más frecuente fue la obtención de semillas por medio de vecinos con 23 variedades y de estas, 11 forman parte del grupo de variedades con detección positiva, no se puede saber si la incorporación del ADN transgénico ocurrió antes o después de esta ser recibida por los productores, sin embargo Bøhn et al. (2016) mencionan que la dispersión genética generada por el traslado de semillas de una comunidad a otra puede ser de mayor magnitud y recorrer mayores distancias que la representada por la polinización cruzada. Conocer la naturaleza genética de las variedades es importante para impedir que el intercambio se consolide como una fuente de ADN transgénico, vulnerando un derecho de los productores que permite garantizar el acceso y disponibilidad de semillas. Fernandes et al. (2022) encontraron más casos de cultivos con ADN transgénico cuando la semilla utilizada por los productores tenía origen en comercios agropecuarios o programas gubernamentales. Tanto Costa (2013) como Lopes y Schmitt (2025), catalogan las semillas obtenidas a través de estos programas como posible fuente de transgénicos en comunidades rurales.

5.3 DETECCIÓN DE ADN TRANSGENICO SEGÚN NÚMERO DE VARIEDADES CONSERVADAS

Conocer el origen y por tanto la naturaleza genética de las poblaciones utilizadas es muy importante, sobre todo para los productores que conservan dos o más variedades. Si bien hubo detecciones positivas entre productores que conservan una o más variedades criollas (38% y 58% respectivamente), el uso de un mayor número de variedades complejiza el manejo, agrega más elementos a considerar a la hora de establecer medidas de aislamiento temporales y físicas ya que el productor debe tener en cuenta el flujo génico que puede ocurrir de fuera hacia adentro del predio como también el que puede ocurrir entre sus propias variedades. Esto es de especial importancia para mantener la identidad varietal de cada variedad y evitar contaminación con transgénicos que puedan haber sido incorporados previamente en sus cultivos.

5.4 DETECCIÓN DE ADN TRANSGENICO SEGÚN PARTICIPACIÓN

Los productores organizados tuvieron menor proporción de detecciones positivas, esto puede estar relacionado a un mejor acceso a información al favorecer el contacto entre individuos de la misma zona o incluso comunidades alejadas en comparación a productores aislados, generando un efecto sobre la toma de decisiones e implementación de medidas de manejo. Se destaca la Red Nacional de Semillas Criollas y Nativas del Uruguay como una fuente de información importante en esta materia en particular, fortalecida a su vez al articular con otras instituciones como la Facultad de Química, la cual realiza test de detección a miembros del grupo. El nivel de organización puede favorecer a los productores a integrar proyectos participativos como el caso citado por Fernandes et al. (2022) en el que los agricultores formaban parte de la Articulación Semiárido Brasileiro (ASA). El trabajo de Fernandes et al. (2022) representa un esfuerzo colectivo y participativo en la detección de OGM en variedades criollas que conjugan técnicos y agricultores, donde el muestreo y la prueba de detección fueron realizados en presencia de los agricultores con fines didácticos.

5.5 DETECCIÓN DE ADN TRANSGENICO SEGÚN ENCARGADO DE LA CONSERVACIÓN Y USOS

El papel que cada individuo toma en la conservación de variedades criollas difiere según el conocimiento específico adquirido a través de la relación que tenga con los recursos genéticos, Costa (2013) encontró que las mujeres tienen un papel más importante en la conservación de variedades criollas de maíz pisingallo y dulce mientras (con destino de alimentación y autoconsumo) que los hombres lo tienen en la conservación de maíz común, mostrando una diferencia marcada en los usos de las variedades manejadas según género. No fueron halladas diferencias respecto a quien lleva adelante el cultivo de maíz, sin embargo, para los casos en que mujeres son las encargadas de esta actividad, no se encontró ningún caso de flujo génico con cultivares transgénicos. Por otro lado, sí se encontraron diferencias entre en el grupo de variedades libres y contaminadas respecto a su uso principal. Fue más frecuente el autoconsumo (18 variedades) en el grupo variedades con detecciones negativas mientras que la alimentación animal lo fue dentro del grupo con detecciones positivas (10 variedades). Las diferencias detectadas entre ambos grupos respecto al uso principal pueden explicar que no haya contaminación en las variedades criollas conservadas por mujeres (donde seis de las siete muestras tienen como destino principal el autoconsumo). Los objetivos de selección según el uso principal de cada variedad suelen ser diferentes, para el autoconsumo, el objetivo de selección suele ser mantener las cualidades culinarias de la variedad, poniendo especial cuidado en la selección de las espigas a conservar, por el contrario, para la alimentación animal también prima la búsqueda de plantas más productivas.

5.6 DETECCIÓN DE ADN TRANSGENICO SEGÚN TIPO Y COLOR DE GRANO

De acuerdo con Louette y Smale (1998) la selección de semillas sirve para mantener las características de grano y espiga que definen a cada variedad permitiendo que otras características que definen el crecimiento vegetativo continúen evolucionando. Los rasgos del endosperma de los granos de maíz son resultado de las características conjuntas de las plantas dadoras y receptoras del polen, por lo que en algunos casos el flujo génico puede ser evidenciado en la espiga al momento de realizar la selección. De acuerdo con esto y teniendo en cuenta que el uso de la variedad está estrechamente relacionado con las características del grano, se esperaría encontrar diferencias entre ambos grupos respecto a las características fenotípicas de grano evaluadas. En términos absolutos se puede ver que tanto las variedades de color de grano blanco como de tipo de grano farináceo (características sensiblemente diferentes a las de cultivares transgénicos, generalmente anaranjados, duros o dentados) son las menos afectadas, ocurriendo lo contrario en las variedades de colores amarillo/anaranjado y tipos de grano dentado y duro, sin embargo, esto no se ve reflejado estadísticamente

5.7 RECOMENDACIONES PARA FORTALECER LA COEXISTENCIA REGULADA

Los resultados demuestran que ocurre flujo génico entre cultivares transgénicos y variedades criollas bajo las condiciones actuales de convivencia entre los dos sistemas de cultivo y distribución de semillas. De acuerdo al marco regulatorio actual no existe en el país ningún mecanismo que ayude a disminuir la probabilidad de ocurrencia de este fenómeno a nivel de campo ni tampoco que promueva la conservación de este recurso. Aun en países con normativas de coexistencia definidas como Brasil, o países donde el ingreso de semilla transgénica para su cultivo comercial está vetado como México (Ceniceros-Ojeda et al., 2023), los eventos de flujo génico están presentes. Silva (2021) detectó contaminación de ADN transgénico en 57% de las muestras analizadas provenientes de bancos comunitarios de semillas en Sergipe, Brasil. Fernandes et al. (2022) colectaron y analizaron 1098 muestras de variedades criollas de maíz en la región semiárida de Brasil, 34% de las muestras dieron positivo para presencia de proteínas transgénicas. Trejo-Pastor et al. (2021), reportaron casos de flujo génico por liberación accidental al ambiente en México, por medio de granos importados. Discutir normas de coexistencia basadas solamente en la distancia entre cultivos no evitará la contaminación por flujo génico o contaminación adventicia (Costa, 2013). Considerando esto, la aplicación de medidas generales para promover la coexistencia y evitar el flujo génico es insuficiente, por el contrario, debe ser abordado con flexibilidad y capacidad de adaptación a situaciones diversas (Devos et al., 2005). Es recomendado fomentar el dialogo entre productores de cultivos transgénicos y variedades criollas, para entre otras cosas, implementar medidas de aislamiento temporal entre ambos grupos al coordinar fechas de siembra (United States Department of Agriculture [USDA], 2015). Podría ser beneficioso integrar medidas de ordenamiento territorial como la aplicada por la intendencia de Paysandú con algunas herramientas mencionadas dentro del PCC. El análisis de semillas para uso propio o aquellos procedimientos que apuntan a restablecer el cultivo a su estado original no transgénico son herramientas interesantes para quienes conservan variedades criollas de maíz bajo las condiciones actuales de coexistencia.

McLean-Rodríguez et al. (2021) destacan la importancia de renovar accesiones conservadas en bancos de germoplasma por medio de la realización de colectas periódicas para mantener las accesiones actualizadas frente a pérdidas, adiciones o cambios en las frecuencias alélicas que puedan ser relevantes para usos futuros. Al comparar 13 variedades colectadas durante el 2017 y ser comparadas con accesiones homólogas colectadas 50 años antes conservadas *ex situ*, se comprobó que ambos grupos mantenían una gran similitud genética, sin embargo se identificaron ocho loci que presentaron evidencias de selección relacionada a los criterios utilizados por los agricultores (McLean-Rodríguez et al., 2021). Porta (2016) comparó la similitud genética de 7 accesiones de maíz de la raza blanco dentado conservadas *ex situ* con regeneraciones llevadas a cabo en Uruguay y México, las regeneraciones no mantuvieron la integridad genética de las accesiones originales en 5 de los 14 casos, destacando que en el proceso de regeneración de germoplasma conservado *ex situ* puede

haber cambios en la composición genética de las accesiones por adhesión o pérdidas alélicas provocados por mutaciones, cruzamientos, errores de muestreo, entre otros.

Es importante integrar los sistemas de conservación *ex situ* con los productores que llevan a cabo la conservación *in situ-on farm*, para que estos actúen de forma sinérgica en la conservación de los recursos genéticos, los conocimientos asociados a su uso y mitigar los riesgos asociados a la liberación de organismos genéticamente modificados, de acuerdo al artículo 8 del Convenio sobre la Diversidad Biológica (ONU, 1993).

6 CONCLUSIONES

La presencia de ADN transgénico fue detectada en 38% de las accesiones, ocurriendo detecciones positivas en muestras provenientes de todos los orígenes registrados y todas las regiones evaluadas. Las detecciones positivas no ocurrieron en todos los entrevistados por igual, hubo mayor número de detecciones positivas entre productores que no participan de organizaciones en comparación con productores organizados. Por otro lado, la característica de las variedades que presento diferencias fue el uso, hubo un menor número de detecciones positivas entre variedades que tienen como uso principal el autoconsumo, ocurriendo lo contrario con las variedades destinadas al consumo animal. Los criterios de selección utilizados por los productores y el acceso a información que apoye la toma de decisiones podrían ayudar a disminuir la ocurrencia de este fenómeno.

El flujo génico de maíz y la contaminación con ADN transgénico en variedades criollas es un problema complejo que afecta la conservación *in situ-on farm*. Los resultados aquí presentados son consistentes con todos los trabajos realizados a nivel nacional sobre la ocurrencia de flujo génico entre cultivares transgénicos y variedades criollas, en los cuales ha habido detecciones positivas. No existe en la actualidad un marco regulatorio que promueva la coexistencia y apunte a disminuir la probabilidad de ocurrencia de flujo génico entre cultivos de maíz. La cantidad de transgénos liberados para uso comercial, dificultan los esfuerzos realizados a la hora de detectar la presencia de ADN transgénico en VC. Esto sugiere un aumento en la ocurrencia de detecciones positivas en el largo plazo y la acumulación de un mayor número de eventos transgénicos en poblaciones locales de maíz, desvalorizando y desincentivando el uso y conservación de las mismas favoreciendo el proceso de erosión genética.

Es necesario realizar trabajos específicos que alcancen un mayor número de productores, con criterios unificados y evaluaciones periódicas para comprender mejor y monitorear cómo evoluciona esta situación conforme pasa el tiempo. Se debe pensar e implementar políticas públicas que apunten a disminuir la probabilidad de ocurrencia de flujo génico entre los distintos sistemas de producción y ofrecer mecanismos de apoyo que tengan como objetivo fortalecer el esfuerzo realizado en la conservación de este recurso, como puede ser la difusión de información sobre estrategias de aislamiento, disponibilizar la detección de transgénos a un mayor número de productores, incluir estos recursos genéticos en futuros programas de desarrollo rural y planes de ordenamiento territorial.

7 BIBLIOGRAFÍA

- 20 años de cultivos transgénicos en Uruguay. (s.f.). Amigos de la Tierra.
https://www.redes.org.uy/wp-content/uploads/2017/12/Publicacion_20_anos_de_cultivos_transg%C3%A9nicos_en_Uruguay.pdf
- Alrawi, R., & Al-rawi, R. (2022). Facts and horizons of genetically modified organisms/foods and health issues. *World Journal of Advanced Research and Reviews*, 13(2), 71-75. <https://doi.org/10.30574/wjarr.2022.13.2.0040>
- Altieri, M., & Nicholls, C. (2008). Los impactos del cambio climático sobre las comunidades campesinas y de agricultores tradicionales y sus respuestas adaptativas. *Agroecología*, 3, 7-24.
<https://revistas.um.es/agroecologia/article/view/95471>
- Arocena, F. (2011). *Regionalización cultural del Uruguay*. Manosanta.
- Bayer deberá pagar US\$ 25 millones por un cáncer causado por un herbicida con glifosato. (2022, 21 de junio). *El Observador*.
<https://www.elobservador.com.uy/nota/bayer-debera-pagar-us-25-millones-por-un-cancer-causado-por-un-herbicida-con-glifosato--2022621162316>
- Bellon, M., & Brush, S. (1994). Keepers of maize, Chiapas, Mexico. *Economic Botany*, 48(2), 196-209. <https://doi.org/10.1007/BF02908218>
- Bitocchi, E., Nanni, L., Rossi, M., Rau, D., Bellucci, E., Giardini, A., Bounamici, A., Vendramin, G., & Papa, R. (2009). Introgression from modern hybrid varieties into landrace populations of maize (*Zea mays* ssp. *mays* L.) in central Italy. *Molecular Ecology*, 18(4), 603-621. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19215582/>
- Bøhn, T., Aheto, D., Fischer, K., Mwangala, F., Bones, I., Simoloka, C., Mbeule, I., Schmidt, G., & Breckling, B. (2016). Pollen-mediated gene flow and seed exchange in small-scale Zambian maize farming, implications for biosafety assessment. *Scientific Reports*, 6, Artículo e34483.
<https://www.nature.com/articles/srep34483>
- Bortagaray, V. (2015). *Evaluación de las propiedades embriotóxicas y teratogénicas de los herbicidas a base de glifosato mediante el bioensayo de toxicidad embrionaria larval en pez cebra (Daniorerio)* [Trabajo final de grado]. Universidad de la República.
- Brush, S. (1999). *Genes in the field: On-farm conservation of crop diversity*. Lewis Publishers.
- Camacho Villa, T. C., Maxted, N., Scholten, M., & Ford-Lloyd, B. (2005). Defining and identifying crop landraces. *Plant Genetic Resources*, 3(3), 373-384.
<https://doi.org/10.1079/PGR200591>

- Ceniceros-Ojeda, A., Hayano-Kanashiro, C., Martínez, O., Reyes-Valdés, H., Hernández-Godínez, F., Pons-Hernández, L., & Simpson, J. (2023). Large scale sampling of Mexican maize landraces for the presence of transgenes. *Transgenic Research*, 32, 399-409. <https://doi.org/10.1007/s11248-023-00357-7>
- Chaparro-Giraldo, A. (2009). La selección natural y los cultivos transgénicos: ¿Un hiato Darwiniano? *Acta Biológica Colombiana*, 14, 365-382. https://www.researchgate.net/publication/262754172_Natural_Selection_and_Transgenic_Crops_A_Darwinian_Hiatus
- Conde, A. (2011). *Efecto del glifosato sobre comunidades microbianas benéficas y patógenas del suelo en Uruguay* [Tesis de maestría]. Universidad de la República.
- Costa, F. (2013). *Diversidade genética e distribuição geográfica: Uma abordagem para a conservação onfarm e ex situ e o uso sustentável dos recursos genéticos de milho do Oeste de Santa Catarina* [Tesis de maestría]. Universidade Federal de Santa Catarina.
- De María, F., Fernández, G., & Zoppolo, J. C. (1979). *Caracterización agronómica y clasificación racial de las muestras de maíz coleccionadas en Uruguay bajo el proyecto I.B.P.G.R (International Board for Plant Genetic Resources)* [Trabajo final de grado]. Universidad de la República.
- Decreto N° 84/024: *Fijación del mecanismo para determinar si los productos obtenidos a través de nuevas técnicas de mejoramiento genético, se encuentran o no alcanzadas por la regulación aplicable a los organismos genéticamente modificados*. (2024). IMPO. <https://www.impo.com.uy/bases/decretos/84-2024>
- Decreto N° 353/008: *Bioseguridad: Vegetales genéticamente modificados*. (2008). IMPO. <https://www.impo.com.uy/bases/decretos/353-2008>
- Decreto N° 7719/2018: *Plan local de ordenamiento territorial y desarrollo sostenible de la ciudad de Paysandú y su microrregión*. (2018). Intendencia de Paysandú. <https://www.gub.uy/tramites/sites/catalogo-tramites/files/2020-10/49869197Decreto%2520No%25207719-2018-1.pdf>
- Devos, Y., Reheul, D., & De Schrijver, A. (2005). The co-existence between transgenic and non-transgenic maize in the European Union: A focus on pollen flow and cross-fertilization. *Environmental Biosafety Research*, 4(2), 71-87. <http://dx.doi.org/10.1051/ebr:2005013>
- Ellstrand, N. C. (1996). Evaluación de los riesgos del flujo transgénico de los cultivos a las especies silvestres. En J. A. Serratos, M. C. Willcox, & F. Castillo (Eds.), *Flujo genético entre maíz criollo, maíz mejorado y teocintle: Implicancias para el maíz transgénico* (pp. 86-89). CIMMYT.
- Favaro, M., & Piazza, S. (2019). *Caracterización de variedades criollas hortícolas en sistemas productivos del noreste de Canelones, zonas Pantanoso de Sauce y Tapia* [Trabajo final de grado]. Universidad de la República.

- Fernandes, G. B., Silva, A. C. D. L., Maronhas, M. E. S., Santos, A. D. S. D., & Lima, P. H. C. (2022). Transgene flow: Challenges to the on-farm conservation of maize landraces in the Brazilian semi-arid region. *Plants*, 11(5), Artículo e603. <https://www.mdpi.com/2223-7747/11/5/603>
- Franco, L. (Coord.), Arleo, M., Fontes, F., Galeano, P., Galván, G., Martínez Debat, C., Rocha, B., & Speroni, G. (2013). *Flujo de transgénos entre cultivos comerciales de maíz en Uruguay*. Universidad de la República.
- Frankel, O. H., Brown A. H. D., & Burdon, J. J. (1995). *The conservation of plant biodiversity*. University of Cambridge.
- Galeano, P., Martínez Debat, C., Ruibal, F., Franco, L., & Galván, G. (2011). Cross-fertilization between genetically modified and non-genetically modified maize crops in Uruguay. *Environmental Biosafety Research*, 9(3), 147-154. <https://doi.org/10.1051/ebr/2011100>
- Galván, G., Porta, B., Vidal, R., Rivas, M., Peluffo, S., González, H., García, M., & Bellenda, B. (2015). *Valoración de semillas criollas y recursos genéticos nativos del Uruguay*. Universidad de la República.
- González, M., & Giménez, G. (2017). *Catálogo de cultivares hortícolas* (2ª ed.). INIA.
- International Board of Plant Genetic Resources. (1991). *Descriptors for maize*. CIMMYT.
- Ley N° 31111. (2021). *El peruano*. <https://busquedas.elperuano.pe/dispositivo/NL/1917468-1>
- Lopes, H. R., & Schmitt, C. J. (2025). Semences, terre et biodiversité: Une approche pragmatique de l'écologisation des maisons de semences dans la région semi-aride du Ceará – Brésil. *VertigO*, (40). <https://journals.openedition.org/vertigo/49351>
- Lorente, J. (2023). *Impactos económicos y ambientales de los eventos transgénicos apilados en soja y maíz del 2010 al 2020* [Tesis de maestría]. Universidad de la República.
- Louette, D., & Smale, M. (1998). *Farmers' Seed Selection Practices and Maize Variety Characteristics in a Traditionally-Based Mexican Community*. CIMMYT. <https://ageconsearch.umn.edu/record/7667/?v=pdf>
- Martino, D. (1995). *El herbicida glifosato: Su manejo más allá de la dosis por hectárea*. INIA.
- McLean-Rodríguez, F. D., Costich, D. E., Camacho-Villa, T. C., Pè, M., & Dell'Acqua, M. (2021). Genetic diversity and selection signatures in maize landraces compared across 50 years of in situ and ex situ conservation. *Heredity*, 126, 913-928. <https://www.nature.com/articles/s41437-021-00423-y>

- Menéndez, M. (2017). *Efectos tóxicos del herbicida glifosato en animales* [Trabajo final de grado]. Universidad de la República.
- Nardo, D., Eiva, G., Castiglioni, E., Egaña, E., Galieta, G., Laporta, M., Núñez, C., & María, E. (2015). Determining the presence of glyphosate through the Enzyme-Linked Immunosorbent Assay (ELISA) technique in the protected landscape Laguna de Rocha and its surroundings, Uruguay. *INNOTECH*, (10), 64-70. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=606166715007>
- Nerling, D., Munarini, A., Carboni, D., Silva, M., & Kittel, L. (2014). Contaminação genética de campos de produção de sementes de milho por transgênicos em Santa Catarina. *Cadernos de Agroecologia*, 9(3). <https://revista.aba-agroecologia.org.br/cad/article/view/15953>
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. (2019). *El estado de la biodiversidad para la alimentación y la agricultura en el mundo*. <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/1f51259a-7584-4cfc-bab7-d9109361199c/content>
- Organización Naciones Unidas. (1993). *Convenio sobre la Diversidad Biológica*. <https://www.cbd.int/doc/legal/cbd-es.pdf>
- Passricha, N., Saifi, S., Khatodia, S., & Tuteja, N. (2016). Assessing zygotity in progeny of transgenic plants: Current methods and perspectives. *Journal of Biological Methods*, 3(3), Artículo e46. <https://doi.org/10.14440/jbm.2016.114>
- Peña, S. (2014). Los alimentos transgénicos y las implicaciones sobre la salud poblacional. *Salud Problema*, 8(15), 59-70. <https://saludproblemaojs.xoc.uam.mx/index.php/saludproblema/article/view/355>
- Poehlman, J. M. (2005). *Mejoramiento genético de las cosechas* (2ª ed.). Limusa.
- Porta, B. (2016). *Diversidad y estructura genética del germoplasma de maíz blanco dentado de Uruguay mediante microsatélites* [Tesis de maestría]. Universidad de la República.
- Presencia de transgénos en maíces criollos: Resultados 2018-2019*. (s.f.). Red Nacional de Semillas Nativas y Criollas; Amigos de la Tierra. <https://www.redes.org.uy/wp-content/uploads/2020/06/Informe-Transgénos-OK-Final.pdf>
- Resolução Normativa Nº4. (2007). CTNBio. http://ctnbio.mctic.gov.br/resolucoes-normativas/-/asset_publisher/OgW43lRs9dQ6/content/resolucao-normativa-n%C2%BA-4-de-16-de-agosto-de-2007;jsessionid=E1A3F6C2EBB3AE8C1C5621F81DB416B4.columba
- Resolución Nº 42/012: *Autorización para producción y uso comercial, para consumo directo o transformación de maíz dulce*. (2012). GNBio. <https://www.gub.uy/institucional/normativa/resolucion-n-42012-autorizacion-para-produccion-y-uso-comercial-para>

- Resolución N° 72/017: *Autorización para producción y uso comercial, para consumo directo o transformación de maíz MON89034XMON88017*. (2017). GNBio. <https://www.gub.uy/institucional/normativa/resolucion-n-72017-autorizacion-para-produccion-y-uso-comercial-para>
- Resolución N° 96/020: *Autorización para producción y uso comercial, para consumo directo o transformación de maíz MON89034XNK603XTC1507XDAS40278-9*. (2020). GNBio. <https://www.gub.uy/institucional/normativa/resolucion-n-96020-autorizacion-para-produccion-y-uso-comercial-para>
- Resolución N° 113/020: *Autorización para producción y uso comercial, para consumo directo o transformación de maíz T25*. (2020). GNBio. <https://www.gub.uy/institucional/normativa/resolucion-n-113020-autorizacion-para-produccion-y-uso-comercial-para>
- Resolución N° 137/021: *Autorización para producción y uso comercial para consumo directo o transformación de maíz MON87427XMON89034XMON810XMIR162XMON87411XMON87419*. (2021). GNBio. <https://www.gub.uy/institucional/normativa/resolucion-n-137021-autorizacion-para-roduccion-y-uso-comercial-para>
- Resolución N° 158/014. (2014). INASE. <https://www.inase.uy/Normativa/Resoluciones/158.pdf>
- Resolución N° 169/025: *Autorización de maíz con el evento MON95379-3 para producción y uso comercial para consumo directo o transformación*. (2025, 27 de febrero). GNBio. <https://www.gub.uy/institucional/normativa/resolucion-n-169025-autorizacion-de-maiz-con-el-evento-mon95379-3-para>
- Resolución N° 722/18. (2018). Intendencia de Montevideo. <https://montevideo.gub.uy/sites/default/files/documentos/722-181.pdf>
- Resolución N° 1.964/024: *Apruébese el Programa de Control en cultivos No Genéticamente Modificados*. (2024). MGAP. <https://www.gub.uy/ministerio-ganaderia-agricultura-pesca/institucional/normativa/resolucion-n-1964024-apruebese-programa-control-cultivos-geneticamente>
- Rivas Platero, G., Rodríguez Cortés, A., Padilla Castillo, D., Hernández Hernández, L., & Suchini Ramírez, J. (2013). *Bancos comunitarios de semillas criollas: Una opción para la conservación de la agrobiodiversidad*. CATIE. https://www.researchgate.net/publication/235340458_Bancos_Comunitarios_de_Semillas_Criollas_una_opcion_para_la_conservacion_de_la_agrobiodiversidad
- Rodríguez, A. G., & Meza, L.E. (Eds.). (2016). *Agrobiodiversidad, agricultura familiar y cambio climático*. FAO. <https://repositorio.cepal.org/entities/publication/002d6d5f-f596-418e-ae0-e9af395bd734>
- Sauthier, M. A., & Castaño, F. D. (2004). Dispersión de polen en el cultivo de maíz. *Ciencia, Docencia y Tecnología*, 15(29), 229-246. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=14502909>

- Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica. (2000). *Protocolo de Cartagena sobre la seguridad de la biotecnología del convenio sobre la diversidad biológica*. ONU. <https://bch.cbd.int/protocol/outreach/new%20protocol%20text%202021/cbd%20cartagenaprotocol%202020%20es-f%20web.pdf>
- Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica. (2008). *La biodiversidad y la agricultura: Salvaguardando la biodiversidad y asegurando alimentación para el mundo*. ONU; PNUMA.
- Silva, A. P. C. (2021). *Análise da contaminação transgênica em variedades de milho (Zea mays L.) em bancos comunitários de sementes do alto sertão sergipano* [Trabajo final de grado]. Universidade Federal de Sergipe.
- Silva, N. (2015). *Conservação, Diversidade e Distribuição de Variedades Locais de Milho e seus Parentes Silvestres no Extremo Oeste de Santa Catarina, Sul do Brasil* [Disertación doctoral]. Universidade Federal de Santa Catarina.
- Silva, N., Costa, F., Vidal, R., & Veasey, E. (2020). *Milhos das terras baixas da América do Sul e sua conservação da agrobiodiversidade no Brasil e no Uruguai*. Atenea.
- Traversa, I. (2021). Diagnóstico de alimentos con origen transgénico en la frontera Uruguay-Brasil: Legislación, conocimiento y rotulado. *Revista Salud Pública y Nutrición*, 20(4), 47-56. <https://doi.org/10.29105/respyn20.4-5>
- Trejo-Pastor, V., Espinosa-Calderón, A., Mendoza-Castillo, M., Kato-Yamakake, T., Morales-Floriano, M., Tadeo-Robledo, M., & Wegier, A. (2021). Grano de maíz comercializado en México como potencial dispersor de eventos transgénicos. *Fitotecnica Mexicana*, 44(2), 251-259. <https://doi.org/10.35196/rfm.2021.2.251>
- United States Department of Agriculture. (2015). *USDA Coexistence fact sheets: Corn*.
- Vernooy, R., Shrestha, P., Sthapit, B., & Ramirez, M. (2016). *Bancos comunitarios de semilla: Origenes, evolucion y perspectivas*. Biodiversity International.
- Vernooy, R., Sthapit, B., & Bessete, G. (2018). *Bancos comunitarios de semillas: Concepto y prácticas: Manual del facilitador*. Biodiversity International.
- Viaud, V., Monod, H., Lavigne, C., Angevin, F., & Adamczyk, K. (2008). Spatial sensitivity of maize gene-flow to landscape pattern: A simulation approach. *Landscape Ecology*, 23, 1067-1079. <https://doi.org/10.1007/s10980-008-9264-1>
- Vidal, R., Silva, N., Costa, F. M., & Ogliari, J. B. (2015, 9-11 de julio). *Contaminación por transgénicos en el micro centro de diversidad maíz, sur de Brasil* [Poster]. Domesticación y manejo de recursos genéticos, Lima.
- Weeks, R., Allnutt, T., Boffey, C., Morgan, S., Bilton, M., Daniels, R., & Henry, C. (2007). A study of crop-to-crop gene flow using farm scale sites of fodder maize (*Zea mays* L.) in the UK. *Transgenic Research*, 16(2), 203-211. <https://doi.org/10.1007/s11248-006-9036-0>

8 ANEXO**Tabla A1***Base de datos según el formato utilizado para el análisis de concordancias múltiples (AMC)*

IDV	Etnia	Región	Superficie	Organización	Dificultades	Años	Quiencultiva	Orígem	Destino 1	Destino 2	Color de Grano	Tipo de grano	ogm
UYNN1A	2	3	1	2	2	1	1	1	1	NA	1	1	0
UYNN4E	1	3	1	1	1	1	2	2	1	2	4	2	0
UYNN4C	1	3	1	1	1	1	2	2	1	2	1	2	0
UYNN4B	1	3	1	1	1	1	2	1	1	2	2	3	0
UYXM1A	3	1	1	1	1	1	1	2	3	NA	3	5	0
UYNN7B	2	3	1	1	1	1	3	1	1	2	2	1	1
UYES1A	3	2	1	2	1	1	3	1	2	1	2	2	1
UYNN4D	1	3	1	1	1	2	2	2	1	2	3	5	0
UYNN4A	1	3	1	1	1	2	2	2	1	2	5	5	0
UYNN7A	2	3	1	1	1	2	3	1	1	2	4	5	1
UYNB6B	NA	3	2	2	1	1	3	1	2	1	3	5	0
UYNB6A	NA	3	2	2	1	2	3	1	2	1	3	5	1
UYSR1A	3	1	2	1	1	3	3	3	2	1	3	5	0
UYNB1A	3	3	2	1	1	4	3	1	1	2	2	1	0
UYNB5A	3	3	2	1	1	4	3	1	1	2	2	1	0
UYNN2B	3	3	3	2	2	1	1	3	NA	NA	3	5	0
UYNN2A	3	3	3	2	2	2	1	1	1	NA	1	1	0
UYSS7B	NA	1	3	1	1	2	1	NA	1	3	2	1	0
UYNB2A	3	3	3	1	1	2	3	1	2	1	2	1	0
UYSS7A	NA	1	3	1	1	2	1	1	1	3	1	2	0
UYNN5A	2	3	3	1	1	2	1	1	1	2	2	2	0

IDV	Etnia	Región	Superficie	Organización	Dificultades	Años	Quiencultiva	Origen	Destino 1	Destino 2	Color de Grano	Tipo de grano	ogm
UYSS6A	NA	1	3	1	1	4	2	1	1	NA	NA	NA	0
UYNB4E	3	3	4	1	1	1	1	3	2	NA	3	2	0
UYER3	NA	2	4	2	1	1	1	2	1	1	1	2	0
UYNB7A	NA	3	4	2	2	1	3	1	2	1	3	5	0
UYNB4C	3	3	4	1	1	1	1	1	1	NA	5	5	0
UYNB7B	NA	3	4	2	2	1	3	1	1	NA	2	1	1
UYNB4B	3	3	4	1	1	1	1	1	1	4	1	2	1
UYSS3A	NA	1	4	1	2	1	1	1	2	NA	2	2	1
UYNB4D	3	3	4	1	1	1	1	1	2	NA	4	5	1
UYNB4F	3	3	4	1	1	2	1	2	1	NA	2	1	0
UYNB4A	3	3	4	1	1	2	1	2	2	NA	3	5	1
UYNN3B	1	3	4	2	2	4	1	1	2	1	1	1	0
UYNN3A	1	3	4	2	2	4	1	1	1	2	3	5	0
UYNN6C	3	3	5	2	1	1	1	3	2	1	2	2	0
UYER4C	3	2	5	1	1	1	1	1	1	NA	4	6	0
UYEB1B	NA	2	5	1	1	1	3	2	1	NA	1	2	1
UYEB1A	NA	2	5	1	1	1	3	1	2	1	2	2	1
UYNR1A	2	3	5	2	1	1	1	3	2	3	3	5	1
UYNN6A	3	3	5	2	1	2	1	1	2	1	4	5	1
UYNN6B	3	3	5	2	1	4	1	1	2	1	3	5	1
UYEN1A	3	2	5	2	1	4	1	1	2	3	3	5	1
RiRV01	NA	3	NA	1	NA	1	2	2	3	NA	1	1	0
RiRV03	NA	3	NA	2	NA	1	1	1	3	NA	3	5	1
CaRV01	NA	1	NA	1	NA	2	1	2	4	NA	2	1	0
CoRV04	NA	4	NA	1	NA	2	3	2	NA	NA	1	2	0
CoRV02	NA	4	NA	1	NA	2	1	3	2	NA	3	5	0

IDV	Etnia	Región	Superficie	Organización	Dificultades	Años	Quiencultiva	Origen	Destino 1	Destino 2	Color de Grano	Tipo de grano	ogm
CoRV03	NA	4	NA	1	NA	2	1	2	1	NA	1	2	1
RiRV05	NA	3	NA	2	NA	2	1	1	3	NA	3	5	1
CoRV01	NA	4	NA	1	NA	3	1	1	2	NA	1	2	0
RiRV04	NA	3	NA	2	NA	3	1	1	3	NA	1	2	1
TaRV01	NA	3	NA	1	NA	4	3	1	1	NA	2	1	1
TaRV02	NA	3	NA	1	NA	NA	1	1	1	NA	2	1	0
RiRV02	NA	3	NA	2	NA	NA	1	NA	3	NA	2	1	1

Tabla A2*Estimación de siembra anual de maíz por departamento*

Siembra maíz zafra 2020/21		Siembra maíz zafra 2021/22		Siembra maíz zafra 2022/23	
Depto.	Siembra (Ha)	Depto.	Siembra (Ha)	Depto.	Siembra (Ha)
Total	142,624	Total	152,359	Total	187,919
Artigas	2,574	Soriano	45,920	Canelones	3,730
Colonia	26,225	Río Negro	24,333	Colonia	19,318
Durazno	2,888	Colonia	22,155	Durazno	3,623
Flores	7,966	San José	14,439	Flores	4,842
Florida	5,831	Paysandú	12,453	Florida	4,243
Paysandú	8,716	Flores	9,150	Paysandú	15,663
Río Negro	20,245	Rocha	6,135	Río Negro	24,381
Rocha	2,166	Florida	5,016	Rocha	3,575
San José	17,551	Artigas	4,020	Salto	4,336
Soriano	46,682	Durazno	3,970	San José	8,808
Resto	1,780	Canelones	2,269	Soriano	81,455
		Resto	2,500	Tacuarembó	9,960
				Resto	3,985

Nota. El diseño muestra está confeccionado para estimaciones a nivel país. Por lo tanto estas estimaciones no tienen precisión que tienen las estimaciones de área, producción y rendimiento de la encuesta publicada. Son datos que se pueden usar como referencia (no son datos oficiales), son una guía para los demandantes de información por departamento (P. Couto, comunicación personal, 3 de diciembre 2024).