



### CUANTIFICACIÓN DE TRANSGÉNICOS EN MAÍZ DE IMPORTACIÓN EN MÉXICO.

Abraham Acatzi<sup>1</sup>, Javier Magaña<sup>1</sup>, Carlos Moles<sup>2</sup>, Carolina Peña<sup>2</sup>, Marcela Castillo<sup>1</sup>, Javier Plasencia<sup>3</sup>  
Maricarmen Quirasco<sup>2</sup>, Marcelo Signorini<sup>4</sup> y Amanda Galvez<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup> Programa Universitario de Alimentos, UNAM. <sup>2</sup> Depto. de Alimentos y Biotecnología, Facultad de Química. UNAM. <sup>3</sup> Depto. de Bioquímica, Facultad de Química. UNAM. <sup>4</sup> Ex-funcionario COFEPRIS, Secretaría de Salud, México.

Circuito de la Investigación s/n. 04510, D.F. Tel y fax 5622-5208. E-mail: [galvez@unam.mx](mailto:galvez@unam.mx)

Palabras clave: maíz GM, ELISA, RTQ-PCR.

**Introducción.** Las importaciones de maíz establecidas por el TLCAN están cerca de los 7 millones de toneladas al año. México, como centro de origen y diversificación de maíz, y como signatario del Protocolo de Cartagena sobre Bioseguridad, requiere de la implementación de sistemas de monitoreo de maíz genéticamente modificado (GM) en sus importaciones. Particularmente, la Secretaría de Salud (SS) mostró interés en conocer las cantidades de maíz GM en cargamentos de granos de origen norteamericano. Considerando que la cantidad de maíz GM sembrado en EUA en la temporada 2006-07 presentó un aumento de 61 a 73%<sup>1</sup>, se esperaba encontrar su presencia en una alta frecuencia.

El objetivo de este trabajo fue identificar y cuantificar los eventos de maíz GM en cargamentos que entraron en 8 puertos de México entre los meses de julio y septiembre de 2007.

**Metodología.** La SS efectuó el muestreo de varios cargamentos de maíz en 8 diferentes aduanas del país, ~6 Kg de cada muestra fueron proporcionados a la UNAM para su análisis. Cada una se dividió en dos partes iguales, por medio de la técnica de cuarteo, las muestras se molieron y la harina producida se analizó.

El proyecto se realizó en dos etapas, la primera consistió en utilizar métodos cualitativos para conocer la variedad de eventos transgénicos presentes, dichos métodos están basados en la detección de proteínas heterólogas (métodos inmunológicos: tiras reactivas y placas de ELISA disponibles comercialmente). La segunda etapa consistió en la extracción por triplicado del ADN genómico a partir de 1g de harina, con el sistema comercial *DNA Extraction and Purification Kit Fast ID™* (Genetic ID, Fairfield, Iowa, USA). El ADN de cada muestra se utilizó para cuantificar por medio de la técnica de PCR en tiempo real (RTQ-PCR)<sup>2</sup> en un equipo 7500 Fast Real-Time PCR System (Applied Biosystems) siguiendo la metodología descrita previamente<sup>3</sup>. La detección y cuantificación evento-específica se hizo con los cebadores y sondas específicas, cuyas secuencias fueron proporcionadas por los desarrolladores del transgénico, a través de la SS. Se buscaron variedades autorizadas y no autorizadas (por la SS-COFEPRIS) a la fecha de análisis.

**Resultados y discusión.** En los ensayos inmunológicos se encontró la presencia de siete proteínas (Cry9C,

Cry1Ab/1Ac, CP4-EPSPS, Cry3Bb, Cry1F, PAT y Cry34Ab1). No se puede establecer a través de estos métodos la identidad del evento o eventos presentes, ya que una misma proteína puede estar contenida en construcciones distintas y por lo tanto estar presente en dos o más eventos de transformación. El análisis de ADN permitió detectar ocho eventos específicos: NK603, MON 810, MON 88017, MON863, GA21, T14-T25, DAS-01507-1 y DAS-59122-7. De acuerdo a los resultados de la RTQ-PCR, los tres eventos más abundantes fueron el MON810 (35.95%), NK603 (23.9%) y DAS 1507-1 (19.7%). El análisis de todos los eventos detectados de acuerdo al tipo de modificación genética, mostró que el maíz resistente a insectos se encontró en mayor concentración (17.3%) que el maíz resistente a herbicida (8.8%). Los eventos que expresan ambas características se detectaron en un nivel de 19.7%, lo que muestra la tendencia hacia el mayor uso de este tipo de variedades con dos o más características GM llamadas "stacked". Nueve de los 20 eventos "stacked" autorizados por el gobierno mexicano fueron cuantificados. Eventos de maíz GM se encontraron en todas las aduanas muestreadas, en cantidades de hasta 80%. Se observó una tendencia a sobreestimar la cantidad de maíz GM presente debido a la presencia de eventos "stacked".

**Conclusiones.** Ninguno de los métodos utilizados permite diferenciar entre los eventos sencillos de los "stacked". La presencia de estos últimos sobreestima la cuantificación. En todas las muestras analizadas se comprobó la presencia de múltiples eventos transgénicos.

#### Bibliografía.

<sup>1</sup> Gálvez, A. (2008). Detection and quantification of GM maize varieties in Mexican imports. *1<sup>st</sup> Global Conference on GMO Analysis*. Joint Research Centre European Commission. Como, Italy, 24-27 junio 2008.

<sup>2</sup> Quirasco, M.C., Schoel, B., Plasencia, J., Fagan, J. y Gálvez, A. (2004). Suitability of Real-Time Quantitative Polymerase Chain Reaction and Enzyme-Linked Immunosorbent Assay for cry9C Detection in Mexican Corn Tortillas: Fate of DNA and Protein after Alkaline Cooking. *JAOAC Int.* 87(3): 639-646.

<sup>3</sup> Sanjuán, A., Acatzi, A., Gálvez, M., Plasencia, J. y Quirasco, M.C. (2008). Análisis comparativo de técnicas de laboratorio para la detección y cuantificación de proteínas y ADN exógeno en maíz. *Informe Técnico Final del proyecto SEMARNAT-2004-C01-266*. Facultad de Química, UNAM.