



**RED POR UNA AMERICA LATINA
LIBRE DE TRANSGENICOS**

BOLETÍN N° 957

GENES DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS ENCONTRADOS EN CÉLULAS SANGUÍNEAS Y MICROFLORA DE RATAS

Transferencia horizontal de genes con resistencia resistentes a antibióticos a partir de alimentos transgénicos

Existe una gran preocupación entre los científicos sobre la posible transferencia horizontal de genes de marcadores de resistencia a antibióticos (MRA), empleados en la producción de plantas transgénicas, en diferentes tejidos de animales o humanos que consumen estos productos transgénicos.

La mayoría de los genes de resistencia a los antibióticos utilizados en biotecnología se aislaron originalmente de bacterias. El gen de la neomicina fosfotransferasa (nptII), que confiere resistencia a la kanamicina y la ampicilina, es el gen marcador seleccionable más común utilizado en la transformación de varios organismos como bacterias, levaduras, plantas y animales. También se usa el gen aadA, que es el marcador seleccionable más utilizado. Este gen (aadA) confiere resistencia a los antibióticos espectinomina y estreptomina.

Uno de los peligros asociados con la producción de transgénicos, es la probable propagación de un fragmento de ADN de una célula/organismo donante, a células receptoras no relacionadas de otra especie, a través de un proceso llamado transferencia horizontal de genes (HGT).

Varios informes mostraron que el ADN de plantas transgénicas o endógenas podría incorporarse a varios tejidos de animales (Oraby et al. 2014), leucocitos de trucha arcoíris (Chainark et al. 2008), cabras (Tudisco et al. 2010), cerdos (Mazza et al. 2005) y torrente sanguíneo humano (Spisak et al. 2013).

Por otro lado, Mohr y Tebbe (2007) informaron la transferencia de segmentos del gen de tolerancia a herbicidas (pat-1) a las bacterias intestinales en las abejas que polinizaron Brassica transgénica. Otro estudio (Netherwood et al. 2004) reveló evidencia de transferencia de baja frecuencia de un fragmento pequeño (180 pb) del gen introducido EPSPS derivado de soja transgénica, a microorganismos dentro del intestino delgado humano.

Los genes marcadores de resistencia a los antibióticos se introducen principalmente en las plantas modificadas genéticamente como parte de los vectores bacterianos



que se utilizan para las construcciones iniciales de genes con fines de transformación.

Investigadores del Centro de Biología Celular de El Cairo exploraron el potencial del flujo génico horizontal de los genes MRA de la dieta transgénica hacia la microflora entérica y las células sanguíneas en ratas experimentales alimentadas con la dieta de comida de laboratorio durante 90 días.

La ocurrencia de la transferencia de ADN de los genes marcadores de resistencia a antibióticos, de la dieta transgénica en la sangre y las células bacterianas se ha demostrado sin ambigüedades. Los resultados se confirmaron aún más mediante secuenciación y análisis de explosión, lo que indica que ambos segmentos transferidos compartían una alineación significativa con el número de vectores binarios y de clonación con similitudes variables. La frecuencia de transferencia de segmentos de ADN de la dieta transgénica al ADN de la sangre fue inesperadamente más alta que su transferencia al ADN bacteriano, lo que puede atribuirse a una serie de factores.

Los resultados demostraron inequívocamente la ocurrencia de transferencia de ADN de genes resistencia a antibióticos (nptII y aadA) de la dieta basada en plantas transgénicas. a células sanguíneas y microflora entérica en ratas.

El sistema microbiano en el tracto gastrointestinal es muy dinámico a nivel genético. Es capaz de una respuesta rápida a nivel genético. Su ecosistema está extremadamente enriquecido con elementos genéticos móviles que lo hacen ideal para un intercambio de genes potencialmente extenso. La transferencia horizontal de genes (HGT, por sus siglas en inglés) de genes de resistencia a los antibióticos está muy extendida entre los procariontes, especialmente entre las bacterias.

Hay estudios que muestran que hay transferencia horizontal de genes de resistencia a los antibióticos en los intestinos de los humanos, y se ha sugerido que se puede generalizar en los microorganismos asociados a los seres humanos, y esto se debe a la estrecha proximidad física y al mayor contacto de célula a célula dentro del cuerpo humano (p. ej., tracto gastrointestinal). También se ha sugerido que el "efecto filogenético" puede aumentar significativamente la actividad de HGT entre microorganismos estrechamente relacionados. La transferencia de estos genes de resistencia a los antibióticos entre estos microorganismos, puede aumentar la posibilidad de que los patógenos humanos adquieran resistencias mediante el uso de antibióticos como aditivos en la alimentación animal agrícola. Yau y Stewart (2013) revelaron que el uso de antibióticos no solo puede seleccionar poblaciones resistentes, sino que también puede mejorar la formación de nuevas cepas resistentes por HGT.

Aunque en algunos experimentos, no se ha detectado transferencia horizontal de ADN transgénico a partir de la dieta, a la microflora que se encuentra en el tracto gastrointestinal de ratas alimentadas con transgénico (Kosieradzka et al. 2001) científicos como Nielsen y Bøhn (2014) aclararon que esto se debe a los diferentes enfoques metodológicos utilizados, algunos de los cuales tienen muchas limitaciones que pueden reducir la posibilidad de estimar la ocurrencia y el impacto de la transferencia horizontal de genes, sobre todo cuando los estudios son hechos en tiempos limitados.



Los resultados encontrados en este estudio pueden llamar la atención sobre la importancia de explorar los posibles efectos de la transferencia horizontal de genes de resistencia a antibióticos desde los productos transgénicos a los consumidores, y extender nuestra atención a la importancia de una mejor comprensión de los factores que influyen en la transferencia horizontal de genes en el intestino de personas que consumen alimentos transgénicos.

Referencias

- Chainark et al. (2008). *Fish Sci* 74:380–390. <https://doi.org/10.1111/j.1444-2906.2008.01535>
- Kosieradzka et al. (2001). *J Anim Feed Sci* 10:7–12. <https://doi.org/10.22358/jafs/70025/2001>
- Mazza et al. 2005; Sharma et al. (2006). *Transgenic Res* 14:775–784. <https://doi.org/10.1007/s11248-005-0009-5>
- Mohr y Tebbe (2007). *Appl Microbiol Biotechnol* 75:573–582. <https://doi.org/10.1007/s00253-007-0846-7>
- Netherwood et al. (2004). *Nat Biotechnol* 22:204–209. <https://doi.org/10.1038/nbt934>
- Nielsen y Bøhn (2014). *Front Microbiol*. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2013.00415>
- Oraby et al. (2014). *Afr J Biotechnol* 13:4410–4418
- Spisak et al. (2013). *PLoS ONE* 8(7):e69805. <https://doi.org/10.1371/journal.Pone.0069805>
- Tudisco et al. (2010). *Animal* 4:1662–1671. <https://doi.org/10.1017/S1751731116000409>
- Yau y Stewart (2013). *BMC Biotechnol* 13:36. <https://doi.org/10.1186/1472-6750-13-36>

El estudio completo (en inglés) se puede encontrar en:

Hanaa Abdel-Sadek Oraby y colaboradores (2022). Horizontal transfer of antibiotic resistance genes into microflora and blood cells in rats fed on GM-diet. *Bulletin of the National Research Centre* (2022) 46:268 <https://doi.org/10.1186/s42269-022-00956-0>