

RAFAEL Álvarez Martín con D.N.I. número XXXXXXXXX, en representación de la Comisión de Agroecología y Transgénicos de la asociación **Ecologistas en Acción de Valladolid**, inscrita en el correspondiente Registro de la Junta de Castilla y León, y de la que señalamos como domicilio a efectos de notificaciones el Apartado de Correos 533 de Valladolid, en cumplimiento del acuerdo adoptado por la Asamblea de la asociación de fecha 1 de febrero de 2006, y de la forma más procedente en derecho, ante el **Sr. Consejero de Medio Ambiente de la Junta de Castilla y León**,

EXPONE

En relación con la solicitud contenida en el anuncio publicado en el BOCYL N° 20 de 30 de enero de 2006 “INFORMACIÓN pública relativa a la solicitud de autorización liberación voluntaria de organismos modificados genéticamente con fines distintos al de su comercialización, del proyecto de ejecución «Programa de experimentación plurianual (2005-2007) para evaluación, caracterización agronómica de variedades de maíz derivadas de la línea NK 603, modificado genéticamente para expresar tolerancia al herbicida glifosato» y «Programa de experimentación plurianual (2005-2007) para evaluación, caracterización agronómica desarrollo de híbridos de maíz, NK 603 x MON 810, modificados genéticamente para expresar tolerancia a glifosato resistencia frente a orugas de lepidópteros y tolerantes al glifosato» en los términos municipales de Fuentes de Ropel y Coreses (Zamora), Toral de los Guzmanes (León), La Cistérniga y Bercero (Valladolid) y La Vellés y Campo de Peñaranda (Salamanca). Exptes.: B/ES/06/08 y B/ES/06/09”, presentamos las siguientes

ALEGACIONES

ALEGACIÓN PRIMERA

La alteración en el genoma de las plantas transgénicas producida por la casete transformadora insertada, es mucho más profunda de lo afirmado en las notificaciones.

Diversos informes científicos como por ejemplo el "Risk Assessment of GMO products in the European Union", A. Spök, H. Hofer, P. Lehner, R. Valenta, S. Stirn y H. Gaugitsch y el "Transformation-Induced Mutations in Transgenic Crop Plants", A. Wilson PhD, J. Latham PhD y R. Steinbrecher PhD, así como numerosos estudios realizados los últimos años por científicos independientes de todo el mundo como "The Institute of Science in Society", el Independent Science Panel; el estudio encargado por el Gobierno de Austria, The Unión of Concerned Scientists, etc, muestran la insuficiencia de los análisis de riesgos para la salud de los OMG y la ausencia casi total de la evaluación de riesgos para el ambiente.

Se demuestra la deficiencia del sistema oficial de evaluación, el incumplimiento en las solicitudes de liberación de aportar estudios reglamentarios, la aquiescencia complaciente y acrítica de los organismos evaluadores de algunos países, la insuficiencia o incongruencia de algunos datos genéticos aportados por los notificadores, etc. Dichos informes también demuestran que la inserción de la casete transformante provoca importantes alteraciones en el genoma de la planta receptora, tanto si se utiliza el vector Ti (del *Agrobacterium*) o la biobalística. Se han realizado pocos estudios, frecuentemente sobre vegetales de genoma muy simple como la *Arabidopsis thaliana* (que además dispone de un "código archivado" para la corrección de mutaciones, por lo que los resultados no son representativos de las alteraciones más profundas que se produzcan en plantas muy complejas y abundantes en transposones como el maíz.

En el caso del vector Ti se ha observado que la exacta integración del T-ADN (ADN transferido) no es realista (Forsbach, 03).

a).- Mutaciones en el lugar de inserción

- ♣ Se ha observado deleciones en el lugar de inserción, algunas menores de 100 pb, pero que en más del 20% de los casos son a gran escala. Se han detectado deleciones de 70 Kpb que removieron 13 genes (Kaya, 00). En el 2% de los casos se produjo translocación cromosómica.
- ♣ Se ha observado translocación de segmentos de ADN de más de 40 Kpb (Tax y Vernon, 2001).
- ♣ Se ha detectado en un 8% de los eventos grandes inserciones adventicias de plásmido o del T-ADN, y en

el resto de los casos inserciones de secuencias de menos de 100 pb de ADN de origen desconocido.

En el caso de bombardeo por biobalística se producen alteraciones muy complejas (Pawloski & Somers).

Múltiples copias del ADN liberado están frecuentemente intercaladas con fragmentos del ADN del receptor (Kohli et al, 03). También se ha registrado la inserción de ADN cromosómico bacteriano (Ulker et al, 02).

Apenas se han analizado mediante secuenciación del ADN las alteraciones que se producen en el lugar de inserción, pero en los casos estudiados la declarada supuestamente como "única inserción" incluye delección genómica a gran escala, reagrupamientos genómicos, inserción de ADN adventicio, tramos revueltos del ADN arrancado y del ADN transferido etc. (Macarevitch et al., 2003).

El estudio de Wilson et al. del 2004 confirma lo anterior y concluye que "ni en la literatura científica ni en los informes remitidos a los reguladores aparece ningún estudio en que la secuenciación del lugar de inserción sea compatible con la existente antes de la transformación". El bombardeo de partículas con Ti-mediación producen frecuentemente la inserción de transgenes dentro de genes codificadores del receptor y/o de secuencias reguladoras (Salguero et al, 2002).

En el caso del MON-810, estudios posteriores a su autorización detectaron diversas alteraciones genómicas y mutaciones en el lugar de inserción que no habían sido descritas ni informadas. No se pudo localizar ni reconocer en la planta no transformada el lugar equivalente al punto de inserción, lo que indica que el ADN genómico del maíz ha sido reagrupado y/o arrancado en el punto de inserción del transgen Cry 1 Ab. (Holck et al; Hernández et al, 2003).

También el MON-810 se ha detectado que el T-nos y parte del fin de cola 3' del Cry1 Ab han sido suprimidos. El T-nos fue detectado en el genoma, lo que indica que se ha desplazado de su posición original (Scrambling and further Scrambling of GM inserts).

El gobierno austriaco objetó ante la Unión Europea la aprobación del maíz MON-810 que también ha sido

prohibido en otros países de la UE.

b).-Mutaciones extensas en el genoma receptor fuera del lugar de inserción.

Además de las mutaciones producidas en el entorno del lugar de inserción, se produce una amplia gama de mutaciones amplias alejadas de ese punto, (wide mutations) provocando alteraciones en la expresión global del genoma transformado.

Se han realizado cinco estudios para evaluar las mutaciones introducidas por la transformación (utilizando técnicas PCR, como RFLP, AFLP...).

Los resultados indican que en todos los casos hubo cientos o miles de mutaciones amplias del genoma receptor. Se estima que el "valor genómico de semejanza" respecto a la planta de control oscila entre el 96 y el 98%, lo que indica una mutación genómica extensiva (Labra et al, 2001).

Estas "mutaciones amplias" (wide mutations) se han observado en todas las plantas transformadas, habiéndose demostrado que son heredables, permaneciendo en el cultivo comercial a pesar de los retrocruzamientos (Sala et al, 2000). Todo ello provoca graves disfunciones en la expresión del genoma transformado que han sido poco o nada estudiadas:

- ♣ La disrupción en un gen que codifica proteínas reguladoras provoca la mala expresión en cascada de varios genes, como es el caso de los genes relacionados con la biosíntesis de nutrientes o con la regulación de productos tóxicos.
- ♣ Se producen cambios bioquímicos no reseñados y que son muy difíciles de identificar con los mejores test bioquímicos (Kuiper, 2001), siendo improbable que se hayan identificado antes de la comercialización.
- ♣ Se ignora si los insertos están dentro o próximos a las secuencias genéticas de la planta transformada. No se ha estudiado específicamente si la mutación amplia disrumpe el ADN funcional, pero hay evidencias que indican que frecuentemente afecta a secuencias funcionales.

- ♣ El ADN funcional puede ser extragenético, situado en el genoma silencioso. Las secuencias reguladoras pueden estar a cientos o miles de pb de distancia del gen regulado, incluso actuar en "trans". En los casos en que los genes de la planta transformada aparecen enracimados, se ha comprobado que el ordenamiento también afecta a la regulación genética (Hurst et al 2004).

c).- Imprecisión de los análisis Southern blot.

Las informaciones suministradas por Monsanto en las notificaciones carecen de validez, ya que los análisis moleculares Southern blot utilizados son insuficientes e imprecisos. No sirve para determinar la presencia de ADN adventicio, ni para conocer el alcance de la disrupción del genoma en el punto de inserción, ni siquiera es adecuado para identificar redistribuciones genómicas a gran escala (Mehlo, 2000; Svitashhev & Somers, 2001; Kohli 2003):

- ♣ En un evento biobalístico, el análisis Southern blot indicaba que el transgen estaba dispuesto como múltiples copias en tándem, pero el análisis de Fiber-fish mostró que entre todas las copias del transgen estaban intercaladas secuencias de 3 a 10 Kpb de ADN genómico (Svitashhev-Somers).
- ♣ Una línea transgénica calificada como de una "única inserción" tenía realmente otros dos insertos adicionales de 296 pb que no fueron detectados por el Southern blot (Macarevitch, 2003).
- ♣ El SoyBean-RR fue aprobado en 1994, pero hasta el año 2000 no aportó Monsanto información de un fragmento adicional de 254 pb de Cp4-epsps adyacente y otro de 72 pb ligado al transgen, aunque separado por ADN del receptor. El año 2001 se detectó que además había otro fragmento de 540 pb de origen desconocido que no se había informado (Windels & al).

En definitiva, hay gran imprecisión y desconocimiento acerca de los cultivos-MG, siendo evidente su **sustancial diferencia** respecto a la planta no modificada, y la irresponsabilidad de su aprobación.

d).-Consecuencias funcionales de la alteración del genoma transgénico debidas a la inserción, delección, reagrupamiento, captación de ADN adventicio, enracimamiento, translocación, etc.

- ♣ Pérdida de función genética: algunas delecciones o reagrupamientos en los puntos de inserción son lo 'bastante significativas para provocar la pérdida o alteración de la función de varios genes (Kaya et al, 2000). También se puede perder o reducir la expresión genética por "transcripción antisentido" cuando un gen duplicado formado en la transformación afecta a un promotor endógeno, originando una transcripción antisentido que silencia al gen endógeno homólogo (Tax y Vernon, 2001; Kusaba, 2003). En ocasiones el apagón de un gen ha afectado a grandes extensiones de cultivos.

- ♣ Sobreexpresión genética, o expresión en otros nuevos tejidos o tipos de células. Los potenciadores de expresión que suelen introducirse en la casete insertada, no solo potencian la expresión del transgen, sino que también pueden afectar y sobreexpresar genes propios del receptor.

- ♣ Otras disfunciones de la expresión genómica se producen por varias causas:
 - Delección o interrupción de secuencias promotoras o potenciadoras.
 - Modificación del espacio entre algunos genes o translocación de las "secuencias barrera" que evitan que las secuencias reguladoras de un gen afecten a otros.
 - Alteraciones en la distribución de la estructura del genoma debida a las reorganizaciones, que son muy extensas en el genoma del maíz que tiene gran abundancia de transposones.
 - Se ha comprobado que una mutación simple (cambio de un solo par de bases, o una pequeña delección) puede originar alguna disfunción significativa e impredecible.

Las alteraciones en los genomas transformados se traducen en cambios en la composición y funciones proteicas al aparecer, junto a las proteínas exógenas introducidas, proteínas truncadas o mutadas en las que se han podido perder o alterar las secuencias necesarias para la localización celular, para la activación o control de otras proteínas o funciones bioquímicas (como lugares de fosforilación), etc.

e).- Alteración funcional de la red proteica

Las proteínas trabajan interconectadas en red agrupadas en conjuntos o "constelaciones" (que a su vez se conectan y organizan en redes o "máquinas" más amplias), por lo que la alteración de una proteína distorsiona al conjunto funcional y a los delicados procesos bioquímicos que inducen y controlan.

- ♣ En los conjuntos proteicos que regulan la biosíntesis de nutrientes provocan la reducción del nivel de nutrientes o el desequilibrio en las proporciones a que están ajustadas las redes metabólicas.
- ♣ En los relacionados con la producción de toxinas y la regulación de su acumulación resulta alterada la cualidad y cantidad de toxinas.
- ♣ Es muy sensible a cualquier alteración la múltiple y compleja familia de las inmunoglobulinas, alterando el sistema inmunológico (que actualmente se muestra crecientemente impotente o desconcertado).
- ♣ En los procesos de disrupción (on-off) alteraciones nanométricas bastan para anular, inducir, o invertir el sentido de reacciones bioquímicas básicas (como las que regulan la elección de la ruta metabólica más eficiente en cada situación del organismo y circunstancias ambientales; las que dan la orden de parar la división celular que, al descontrolarse, provoca el cáncer al fallar la apoptosis celular programada, etc.).

f).- Alteraciones provocadas por el conjunto de elementos introducidos en las cassetes.

En las cassetes insertadas para la transformación, el transgen se acompaña del promotor, potenciadores de expresión, secuencias de principio y fin de la transcripción, marcadores, etc, que multiplican las alteraciones en el genoma de la planta receptora, incrementan la inestabilidad genómica, y son puntos calientes (hot-spot) para las recombinaciones y las THG.

- ♣ La inserción del promotor CaMV-35S puede causar sobreexpresión o expresión anómala de genes próximos, incluso distantes varios miles de pares de bases (Wilson, 96; Weigel, 2000; Jeong, 2002).

- ♣ La inserción de ADN adventicio (procedente del plásmido bacteriano, del marcador, del transgen, o de captación secundaria, etc.) facilita las THG a bacterias ambientales del suelo, o del intestino animal, por recombinación homóloga.
- ♣ El "origen de replicación" del plásmido también facilita la THG.

Las conclusiones del estudio "Risk Assessment of GMO Products in the EU" señalan:

- ♣ Los documentos-guía (draft guidance) son muy insuficientes y carentes de concreción. Los estudios aportados a las notificaciones no son suficientes ni detallados.
- ♣ Se recurre a la "equivalencia sustancial" como si fuera un "punto final" o dogma inamovible, en lugar de ser un antiguo punto de partida que se estableció sin ningún fundamento científico, siendo totalmente insostenible con el conocimiento actual de la genómica estructural y funcional, y según los estudios realizados durante todos estos años de las plantas modificadas genéticamente.
- ♣ Las notificaciones contienen asertos y conclusiones arbitrarias, que no están basadas en estudios adecuados o ni siquiera están verificadas. Se incluyen informes y estudios incompletos de imposible evaluación.
- ♣ Las evaluaciones de riesgos y seguridad presentadas suelen estar insuficientemente o nada justificadas, basándose en pruebas indirectas y/o razonamientos especulativos, siendo escasos e insuficientes los ensayos y experimentos directos.
- ♣ No se estudian los importantes efectos secundarios producidos por la transformación, incluso se niega su existencia a pesar de estar abundantemente descritos (Stirn 98; FAO/WHO 2000; R. Society of Canada, 2001 etc.).

- ♣ Los "ensayos de campo" no están diseñados adecuadamente, o lo están para "no mirar lo que no se quiere ver". Faltan totalmente investigaciones sobre riesgos y daños ambientales que son fundamentales.

- ♣ Las notificaciones suelen referirse a pruebas "in vitro" con fluidos gástricos simulados para determinar, por ejemplo, la degradación de las toxinas contenidas en los alimentos transgénicos, a pesar de que diversos estudios muestran su ineficacia. El comité científico en alimentos de la UE afirma: "se conocen proteínas que aisladas resultan totalmente degradadas en digestión simulada, sin embargo sobreviven intactas al paso por el sistema digestivo cuando se ingieren dentro de la dieta habitual; por lo tanto la evidencia debe obtenerse basándose en datos obtenidos en vivo". Además, la digestión simulada nada indica acerca de la posterior ruta del CP4 o de sus catabolitos. Los transgenes pueden sobrevivir el paso por el sistema digestivo y pasar a otros órganos (The fate of transgenes in the human gut, Nature Biotechnology 2002).

- ♣ Los ensayos y datos adjuntados en las notificaciones referentes a la toxicidad y alergenicidad de las proteínas en las plantas-MG son totalmente insuficientes:
 - Se limitan a la nueva proteína introducida, ignorando las proteínas truncadas, alteradas o inéditas codificadas por el genoma alterado de la planta MG, así como las que resultan silenciadas, sobreexpresadas, o en proporción desajustada a los procesos bioquímicos que regulan.

 - Suelen referirse a la nueva proteína en su estado natural, y no a la que realmente se produce en la planta-MG que es distinta y, aunque sea homóloga, puede producir efectos fisiológicos muy diferentes: Las proteínas EPSPS naturales producidas por distintas plantas a pesar de tener un 99,3% de homología tienen distinto comportamiento, incluida su sensibilidad para inhibir los efectos del glifosato (Padgett et al.).

 - La falta de homología con otras toxinas conocidas no significa que carezca de otros efectos tóxicos no

descritos: no es suficiente para declarar que carece de efectos tóxicos sin previa verificación.

- Se realizan pruebas de toxicidad aguda, pero las características de las alteraciones proteicas en los alimentos transgénicos inducen enfermedades degenerativas de lento desarrollo, por lo que son imprescindibles pruebas de larga duración y de las generaciones siguientes.
- Las toxinas suelen acumularse en el organismo; la presencia incidental de alguna toxina en dosis tolerable no es relevante en el caso de una dieta muy diversa en especies y variedades, pero se puede alcanzar pronto dosis críticas con la dieta actual, muy uniforme procedente de unos pocos monocultivos-MG de variedades clónicas de soja, maíz, arroz etc., ingeridos directamente o a través de la carne y leche animal.
- En alergenicidad, pequeños cambios estructurales pueden producir grandes diferencias: la proteína **Bet.v.1^a** muestra alta actividad IgE, mientras que el **isómero Bet.v.1I** la tiene muy baja.
- Pueden aparecer efectos disruptores de procesos bioquímicos por una mutación simple en la proteína de la planta-MG. La misma proteína, con idéntica sucesión de secuencias se convierte en patógena cuando se altera su plegamiento por mecanismos mal conocidos (priones, como es el caso de la encefalitis espongiforme, parkinson, Alzheimer, etc.).
- El estudio de toxicidad del vegetal-MG debe realizarse sobre la planta entera y con todo el tratamiento RR, incluyendo todos sus componentes, algunos de los cuales han sido señalados como disruptores endocrinos.

Los investigadores que realizaron los estudios antes señalados, han mostrado su sorpresa por las insuficiencias de la draft guidance y de su cumplimiento en las notificaciones.

♣ Es sorprendente la comercialización de productos que son básicamente desconocidos. Faltan estudios

sistemáticos acerca de las mutaciones amplias y en el punto de inserción de los genomas transformados. No se conoce prácticamente nada, y lo poco conocido es previsiblemente muy insuficiente para extrapolarlo a genomas complejos como el maíz.

- ♣ Es sorprendente que no se realicen ni se exijan los métodos analíticos que permitan una comparación realista entre las secuencias del genoma transformado y las secuencias homólogas del vegetal natural, utilizando la secuenciación de ADN y las mejores técnicas de PCR.
- ♣ Es sorprendente que no se estudien las consecuencias ambientales dramáticas derivadas del incremento de THG entre microorganismos, y de las recombinaciones víricas propiciadas por la inestabilidad y los hot-spot de los genomas transgénicos, así como la dispersión en el ambiente de secuencias infectivas polivalentes derivadas de los promotores potenciados, etc.

Parece que la "sorpresa" de los investigadores es un eufemismo académico para referirse a la ineptitud y/o corrupción en todos los niveles técnicos y administrativos encargados de la evaluación y autorización de OMG.

ALEGACIÓN SEGUNDA

Los fundamentos que pretendían justificar los cultivos basados en el "ADN recombinante" son falsos.

No es válido el dogma del determinismo genético, ni es cierta la supuesta "equivalencia sustancial".

Como señala el doctor Brenner, Premio Nobel de Medicina 2002, "no entendemos básicamente nada del genoma, lo que creíamos comprender estaba equivocado". La transformación provoca en el genoma de las plantas transgénicas modificaciones sustanciales que no se limitan a la adquisición de ciertos rasgos agronómicos conferidos por un gen determinado.

- ♣ El genoma es, en si mismo, un sistema complejo con múltiples interacciones entre los genes, tanto simultáneas como en cascada, y con abundantes bucles de retroalimentación, todo ello en interrelación con

las condiciones del medio celular, el ambiente interno intercelular, y el medio ambiente externo.

- ♣ Genoma fluido (Mae Wan Ho). La expresión de los genes sufre modificaciones y ajustes según las condiciones fisiológicas y ambientales. Los genes mutan, cambian de sitio, se reordenan, replican, eliminan o insertan secuencias e incluso las intercambian con otros genomas. La función génica es dispersa, dinámica, e interactiva.
- ♣ Según el sistema de redes (F. Capra, 2002), hay que considerar la expresión de la "red epigenética". "La replicación de una célula no es sólo transmisión del ADN celular y del ADN bacteriano simbiótico; también es la transmisión del conjunto de enzimas, orgánulos, sistema endomembranoso, etc., es decir, de toda la red celular autopoiesica, en la que se puede diferenciar, conceptualmente, la red genómica y la red metabólica. El estudio solo puede intentar abordarse por las "matemáticas de la complejidad" (Goodwin, 2000).
- ♣ El ADN silencioso, antes despreciado como "ADN basura", se descubre que ejecuta funciones importantes: los retrotransposones (que ocupan mas de un tercio del genoma humano y son muy abundantes en el del maíz), pueden regular la expresión de múltiples genes, alterar su función (B. Knoules, 04), o modular su respuesta ante las cambiantes condiciones ambientales. Las investigaciones acerca del genoma silencioso ha sido consideradas como uno de los lo avances científicos mas importantes del año 2004.
- ♣ Las proteínas tampoco tienen el carácter específico atribuido en la notificación. Recordamos:
 - Basta, que se sustituya un solo aminoácido en una larga poliproteína de 1.500 aminoácidos, para que la proteína modifique su estructura y función (caso de la anemia falciforme, o de la fibrosis quística debida a un solo cambio en la cadena de los aminoácidos, etc.).
 - La misma proteína con idéntica fórmula química y secuencia, puede convertirse en letal al modificar su forma de plegamiento (la proporción entre hélices alfa y placas beta), además de poder infectar y reproducirse, quizás por combinación con algún o diversos elementos genéticos móviles que actúan como coprión (Manuelidis), como es el caso del prión de la EEB (Encefalitis Espongiforme Bovina), o el plegamiento de la cromatina que es mortal en niñas, el Parkinson, Alzheimer, etc.
 - Las proteínas actúan agrupadas en consorcios que interaccionan entre si, los cuales se agrupan a su

vez en redes de interacción mas complejas, ya sea en interacción estable o limitada a determinadas fases del ciclo celular. Una misma proteína puede formar parte de varios consorcios o constelaciones de la red interactiva, alterando diversos procesos biológicos.

ALEGACIÓN TERCERA

Los daños ambientales producidos por la contaminación genética procedente de los cultivos transgénicos son extremadamente graves, son irreversibles, y se multiplican en la Biosfera.

La degradación del Medio Ambiente externo (en el que vivimos y se desarrollan los procesos bióticos) está también dentro de nuestro organismo, y se refleja en el **Medio Ambiente Interno**, inter e intracelular.

El transgen exógeno no es la única ni la principal causa del potencial patógeno de los transgénicos, es más grave la presencia de segmentos significativos de los agentes virulentos utilizados para la transformación, que pueden recomponer las secuencias eliminada por recombinación y transferencia horizontal de genes).

Para conseguir la introducción y expresión de un gen extraño (de otra especie, incluso de otro reino, caso de gen de pez en fresas) se utilizan vectores y promotores procedentes de agentes infecciosos como el *Agrobacterium tumefaciens*, el Virus del Mosaico de la coliflor CaMV , etc que existen en la Naturaleza infectando a especies específicas, pero que son modificados, a fin de que puedan atravesar las "barreras entre especies", con la adición de numerosos ganchos (secuencias multirreconocibles) que les convierte en agentes multi-infecciosos.

La consecuencia de todo ello es que los transgénicos, atravesando la barrera entre especies, rompen el equilibrio natural entre mutabilidad y estabilidad que es fundamental: si la mutabilidad es muy alta, se exagera la aparición de nuevos patógenos y efectos teratógenos. Si no hubiera mutación no hubiera sido posible la

evolución ni las "mutaciones adaptativas" a condiciones ambientales cambiantes.

Se han producido ocasionalmente mutaciones casuales que originaban nuevos patógenos (caso de la *Yersinia pestis*) a través de improbables caminos estrechos y tortuosos, pero la Biotecnología transgénica ha construido verdaderas autopistas para las THG y recombinaciones virulentas (Mae Wan Ho).

La profunda alteración de la relación en el equilibrio Estabilidad-Mutabilidad, que se mantenía en una tasa aproximadamente constante, facilita la aparición de nuevos patógenos y la frecuencia de los saltos a otras especies de enfermedades que antes eran específicas y exclusivas de alguna.

Además está modificando profundamente la composición y funcionamiento de la enorme biomasa bacteriana, mucho mayor que la de todos los seres vivos superiores, que es la que regula las funciones vitales de la Biosfera (creación del suelo fértil, fuente primaria de la alimentación a través de la cadena trófica; conservación de la composición gaseosa constante de la atmósfera, etc.).

- ♣ Hay crecientes evidencias de que los alimentos transgénicos, así como la contaminación genética procedente de cualquier cultivo-MG (es indiferente que se trate de un cultivo alimentario, forestal, de fibras textiles o de agrocombustibles) son responsables, por si solos y/o en combinación con otros factores, de numerosas patologías en rápida expansión o emergentes.
- ♣ Incremento de sensibilizaciones alérgicas; deficiencias nutritivas en oligo y micronutrientes; obesidad epidémica; formación de priones y expansión de las enfermedades degenerativas relacionadas con los priones como Alzheimer o Parkinson; enfermedades cardiovasculares; disfunciones hormonales, incluyendo las de las hormonas sexuales; formación de algunos tipos de cáncer; deficiencia, desconcierto e incapacidad del sistema inmunológico, etc.
- ♣ Responsabilidad en la rápida propagación de multirresistencias bacterianas a los antibióticos, tanto directamente por el uso de marcadores, como indirectamente al facilitar la transferencia de genes de resistencia.

- ♣ Responsabilidad en la actual oleada de THG. Incremento continuo de las mutaciones y recombinaciones en bacterias y virus, emergiendo nuevas enfermedades. Patógenos que eran específicos de ciertas especies saltan y se adaptan a nuevos hospedadores (saltos oveja-vaca; vaca-Humano; aves-cerdos; aves-Humanos, etc.).

De todo esto se deduce la coherencia y racionalidad mercantil de la íntima fusión entre la producción de medicamentos y la de transgénicos. Son una misma empresa con ambas secciones que se complementan y retroalimentan.

La aprobación y valoración oficial de los transgénicos es un irresponsable fraude científico, denunciado reiteradamente por Instituciones de científicos independientes (como ISIS, Institute of Science in Society), por numerosas Uniones de Científicos Comprometidos existentes en todo el mundo; por el ISP (The Independent Science Panel); por las Asociaciones de Defensa del Medio Ambiente, etc.

Los promotores polivalentes potenciados introducidos en los cultivos MG favorecen la creación e patógenos más letales y/o resistentes a los antibióticos y facilitan el salto de enfermedades a otras especies y reinos aumentando el número de hospedadores de los virus.

Aunque los plásmidos infectivos introducidos estén “mutilados o incompletos” pueden adquirir fácilmente por THC las secuencias suprimidas que necesitan para su supervivencia y reproducción. La población microbiana ambiental sirve de vehículo y reservorio de THGs primarias y secundarias (Revisión sobre supervivencia de bacterias y del “ADN desnudo” en distintas condiciones ambientales: Jager y Trappeser, 96).

El ADN recombinante puede soportar el paso por el sistema digestivo y permanecer en el suelo durante dos años o indefinidamente incorporado a biofilms quiescentes.

El promotor CaMV-35S procede del virus del mosaico de la coliflor, potenciado por síntesis recombinante con una amplia gama de secuencias virales que le convierten en polivalente y multiinfectante.

A diferencia del natural que solo infecta a crucíferas, el CaM-35S:

- ♣ Es activo en mono y dicotiledóneas, en hongos, algas, coníferas, células de animales etc.).
- ♣ Es activo en animales y células humanas (Microbial Ecology in Health and Disease (2000, 12, p 189; M.W.Ho, A. Rian, J. Cummins 2001). Aunque tiene distintas secuencias que los promotores de virus animales tienen cuando menos los TATA-box en común, pudiendo activar proto-oncogenes y secuencias provirales durmientes.
- ♣ Es activo en bacterias como la Yersinia enterocolítica, en bacterias del suelo como la A. rhizogenes y en la Escherichia coli que es omnipresente y está integrada dentro del cuerpo humano en relación simbiótica (Jacob et al, 2002). La actividad en la E. coli es particularmente grave, al ser una bacteria muy promiscua que actúa como reservorio y distribuidor universal de secuencias de ADN entre el universo microbiano, bastando un mínimo fragmento de 20 pb de homología para que se produzca la recombinación.
- ♣ El CaMV-35S puede causar sobreexpresión o expresión anómala en genes situados a varios miles de pares de bases de distancia de su punto de inserción.
- ♣ La sobreexpresión de los transgenes ligados al CaMV-35S incrementa la inestabilidad genómica de la planta-MG, y también proporcionan “puntos calientes” para las transferencias horizontales de genes.
- ♣ Es preocupante que el CaMV-35S está estrechamente relacionado con el virus de la hepatitis-B, y tiene secuencias análogas al del SIDA.

ALEGACIÓN CUARTA

La toxicidad de la proteína Cry1Ab es mucho mayor y más persistente que la natural del B. thuringiensis

(lo que contradice lo manifestado en la notificación del híbrido NK603-MON810) y también son completamente

diferentes sus efectos sobre los insectos beneficiosos y los microorganismos del suelo.

- ♣ El *Bacillus thuringiensis*, utilizado en espolvoreo en agricultura ecológica, es inocuo descomponiéndose rápidamente en la atmósfera sin crear resistencias en los insectos. Además, su uso es muy esporádico en agricultura ecológica limitándose a las ocasiones en que la plaga puede destruir a más del 15% de la cosecha, ya que no se trata de aniquilar sino de controlar las plagas.

Completamente distinto es el caso de los cultivos-Bt, en que la toxina está fuertemente sobreexpresada en toda la planta desde el polen hasta la raíz, incorporándose al suelo a través de los exudados donde puede permanecer 8 meses además del tiempo de cultivo. Por su mayor toxicidad, penetración en el suelo y persistencia, perjudica a los microorganismos edafógenos. Se pierde fertilidad y contenido de Carbono y Nitrógeno del suelo, lo que también repercute en el cambio climático al disminuir la fijación de CO₂ por los suelos respecto a un suelo ecológico vivo que contiene unos diez millones de microorganismos por centímetro cúbico (Lovins 99, Altieri y Üphoff 99).

- ♣ **Los cultivos-Bt inducen la resistencia en las plagas** con una generalización y rapidez inusitadas, muy superior a la que estimaron los científicos detractores de los transgénicos y los ecologistas, ya que solo se consideraba la progenie de la mínima proporción de insectos que ya eran previamente resistentes. Sin embargo hay otros mecanismos que explican la rápida adquisición de resistencias:
La persistencia de la toxina en los cultivos-Bt permite que los insectos que recibieron dosis subletales modifiquen su genoma por "mutaciones adaptativas" que son heredadas por su progenie (M.W.Ho ,1998).
La práctica ha demostrado que en Navarra se ha producido contaminación por maíz-Bt al poco tiempo del establecimiento de este cultivo-MG. En El Periódico de Aragón del 12-03-2005 se denuncia que el agricultor ecológico Mariano Jiménez sufrió la contaminación de 43.000 kilos de maíz ecológico de una variedad autóctona, originada por maíz-Bt .

- ♣ **La extensión de las plagas se favorece por la mortandad de sus predadores:**

- Se ha detectado la mortandad en el 66% de las Crisopas que comieron isocas en contacto con Cultivo-Bt, también morían al comer insectos que no sensibles a la toxina-Bt pero que habían comido hojas de cualquier vegetal sobre el que se depositó polen-Bt (Hilibeck et al, 1998). Algunas experiencias en que no aparecieron efectos letales en algunas larvas se debían a que esas larvas no devoraban los huevos espolvoreados con Bt, limitándose a perforarlos y succionar su contenido, por lo que resultaban poco afectadas por la toxina (F. Koechlin, 99).
- La toxina Bt natural es un compuesto proteínico muy largo e insoluble en las células vegetales, que necesita ser activado por la presencia de enzimas específicas lo que la hace ser muy selectiva; por el contrario la proteína Bt transgénica es mucho más corta y puede asimilarse directamente a través de la membrana estomacal de los insectos sin necesidad de ser activada.
- Se ha detectado mortandad en *Coccinella septempunctata* tras la ingestión de áfidos que frecuentaron diversos cultivos-Bt, dañando a uno de los mas eficientes predadores de pulgones.
- También se ha detectado la mortandad de insectos con actividad edafógena como la *Collembola*, o el estudio de 200 días sobre las lombrices del suelo en campos de maíz Bt, que registraron una pérdida de peso del 18% mientras aumentaban el peso de las lombrices en los campos de control sembrados de maíz no transgénico (Zwahlen, 03, Molecular Ecology). Igualmente afecta gravemente a especies polinizadoras, incluyendo las abejas (en Tailandia murieron el 30% de las abejas de campos próximos a cultivos-Bt), o la mariposa Monarca, etc.

La información referente a la dispersión del polen del maíz es incorrecta:

- ♣ Se elude la dispersión entomófila, realizada por insectos sensibles a la toxina de los cultivos-Bt: lepidópteros, abejas, etc. Se han detectado transgenes y toxinas en el aparato digestivo de larvas de abejas que pueden trasladar el polen a distancias superiores a los 2 kilómetros. La diseminación entomófila puede alcanzar varios kilómetros, y la extinción o menoscabo de los insectos polinizadores mas importantes afecta

a toda la agricultura y a la polinización de las especies silvestres. También representa la desaparición de la apicultura ecológica (y en realidad, de toda la apicultura, ya que la convencional nunca es competitiva, con importaciones asiáticas).

- ♣ Las referencias a la dispersión anemófila de los granos de polen (una planta de maíz produce unos 20 millones de granos de polen) son insuficientes o inexactas.

- Los porcentajes de hibridación cruzada en el maíz obtenidos durante tres años de ensayos por Jones & Brook, a distintas distancias del campo de maíz emisor del polen fueron: 1,6% a 200 m y 0,2% a 500 m.

- Los ensayos de Salamov, arrojaron los siguientes resultados: 0,5% a 200 m, 0,8% a 600 y 0,2% a 800 m. Estos últimos ensayos se realizaron a favor del viento dominante, demostrando que según sean las características del viento que sopla sobre el campo de maíz, el depósito de polen a 600 m es mucho mayor que en zonas próximas de 200 m. Esto ya había sido ampliamente estudiado en el caso de la "pluma radiactiva" de las centrales nucleares, con el mismo resultado de que el depósito de ceniza radioactiva era mayor en zonas mas alejadas que en otras más próximas.

La dispersión del polen depende de muchas circunstancias (orografía del terreno, condiciones climatológicas, existencia de corrientes ascendentes, turbulencias ,situación respecto al viento dominante,...), pudiendo llegar en condiciones favorables mas lejos de los 800 m a que se limitan los ensayos realizados (Treu & Emberlin, 2000). Estos autores también señalan el alto riesgo de presencia de polen-MG en la miel.

Por lo tanto, los daños causados por los cultivos-Bt:

- ♣ Se extienden a mucha distancia de los cultivos-Bt, matando predadores de plagas que comieron insectos no sensibles a la toxina pero portadores de ella, que volaron después hasta otros campos alejados.

- ♣ Afecta a cualquier especie de planta cultivada , cuyas plagas son controladas por los predadores ó polinizadores que han sido dañados o exterminados por los cultivos-Bt.

- ♣ Afecta a todos los agricultores. También a los cultivadores de maíz transgénico, debido a su progresiva ineficacia, gastos crecientes, conflictos con otros granjeros, o la aparición de efectos colaterales imprevistos, como el “apagón del gen-Bt” cuando, en determinadas condiciones ambientales, perdió toda su eficacia . Se han arruinado muchos pequeños granjeros en USA y Canadá a pesar de las ayudas. Respecto a los rendimientos, el resultado de 6.200 pruebas de campo indicó un rendimiento del 6,7% menor para los cultivos-MG.

- ♣ Dificulta y puede extinguir a medio plazo la agricultura ecológica. Los cultivos-Bt inactivan el instrumento más eficaz en el manejo ecológico; (*B. thuringiensis*), perjudica a los predadores necesarios para el control biológico de plagas, disminuye la polinización entomófila, etc. La “coexistencia” es imposible, produciendo a medio o corto plazo la contaminación de los cultivos ecológicos

ALEGACIÓN QUINTA

Respecto al Maíz-NK603, está ampliamente documentada la aparición de resistencia en adventicias lo que ha obligado a utilizar dosis crecientes de herbicidas de 2 hasta 5 veces mayores; también está documentada la transmisión de la resistencia a plantas silvestres creando supermalezas, lo que afecta a todos los agricultores además de afectar a la diversidad, equilibrio y estabilidad de los ecosistemas forestales, agrarios y lacustres.

Los estudios de la universidad de Manitoba concluyen que "los campos de cultivo-MG, no solo crean supermalezas, sino que son en si mismos campos de supermalezas incontrolables".

La formulación comercial Roundup Ready además del glifosato contiene surfactantes que son tóxicos, disruptores hormonales (Nicolás Olea, U. de Granada), cancerígenas (relación acrilamida, ISIS) etc.

También.

La destrucción por trituración, siega, gradeo, etc., es solamente "barrer para debajo de la alfombra". Sólo destruye y fragmenta el aspecto y estructura física de la planta, pero no impide la transferencia a los microorganismos del suelo de las secuencias y elementos genéticos contenidos en las casetes insertadas en la planta, por lo que la introducción de transgenes y plásmidos en otros vegetales puede ocurrir sin necesidad de ser polinizados

Se afirma en la notificación que la proteína CP4 expresada es similar a la de la soja-RR, en la que, según afirman, no se han encontrado efectos indeseables, pero ambos asertos son inexactos:

- ♣ Hay correlaciones estadísticas realizadas en el Reino Unido, donde la soja presentaba escasa reacción alérgica, pero desde la introducción de la soja transgénica se ha disparado el número de personas alérgicas a la soja, al mismo ritmo de la sustitución de la soja natural por la modificada.
- ♣ El Dr. Pusztai ha señalado los efectos nocivos de las patatas-MG.
- ♣ Se ha detectado en ratas alimentadas con patatas-MG la formación de tumores, daños en el cerebro y atrofia en el hígado (Stanley, 99).
- ♣ Se han detectado producciones anormales de estrógenos en los cultivos resistentes al glifosato.

Por otra parte, los ensayos referidos en la notificación, parecen referirse la proteína CP4 epsps sin la sustitución en dicha proteína de la leucina por una prolina, o sea que los ensayos no se realizaron con la proteína CP4 EPSPS L214p, que es la realmente producida en el maíz NK603.

En cualquier caso, no puede limitarse la consideración a las proteínas introducidas o sobreexpresadas por la transformación, ya que las tres casetes introducidas en la transformación representan una distorsión sustancial en la expresión de la red epigenética, que forzosamente se traduce en la modificación de otras proteínas de la planta, así como en el desarrollo de los procesos bioquímicos que regulan.

Las manifestaciones referentes a la conservación de la fertilidad del suelo carecen de validez; no se explicitan los parámetros de fertilidad del suelo que se han utilizado en los posibles estudios; si estos se refieren a

análisis teóricos o ensayos prácticos de campo; si se han adicionado fertilizantes: se ignora la situación de partida previa a los supuestos estudios. La situación es muy distinta según se parta de un terreno natural o de agricultura ecológica autofértil, o bien de un terreno degradado por la agroquímica previa, en que la fertilidad se obtiene por aportación externa de nutrientes. En el caso de suelos autofértiles por la actividad de la microbiocenosis edafógena, son concluyentes los resultados que reflejan la degradación tras los cultivos-Bt.

Lo que tendría que ser obligatorio por ser imprescindible es el análisis microbiológico de los suelos antes de autorizar cualquier cultivo, junto a la análisis posterior, a fin de observar la evolución de la microbiocenosis y, sobre todo, la transferencia a los microorganismos del suelo de los transgenes, plásmidos y secuencias genéticas móviles procedentes de la transformación o derivadas de la alteración de otras expresiones genómicas derivadas de la modificación de las redes genómicas y metabólicas de la planta.

ALEGACIÓN SEXTA

Perjuicios económicos causados por el cultivo de transgénicos en Castilla y León

Los perjuicios comerciales y monetarios para las Regiones que no están libres de transgénicos se producen simplemente por ser Regiones susceptibles de contaminación genética aunque no se hubiera investigado, comprobado y difundido la existencia de tal contaminación. La devaluación de la producción se produce automáticamente por la mera tolerancia de los cultivos transgénicos aunque se falsee o se oculte el daño para la salud y el grave e irreversible impacto medioambiental de la contaminación genética, ya se deba esta al cultivo de alimentos o de otros vegetales o árboles alimentos

Los cultivos-MG son una estafa al agricultor, teniendo la experiencia de que en Argentina, Norteamérica, Canadá,... han arruinado a numerosos pequeños agricultores con un tamaño de la explotación, calidad del suelo, maquinaria y recursos técnicos superiores a los que tienen los productores de nuestra Región.

Los cultivos transgénicos son un gran negocio en condiciones muy particulares: explotaciones de decenas de

miles de hectáreas con desmesurados medios de maquinaria (cosechadoras gigantes, avionetas de fumigación, etc.), con terreno fértil expoliado o adquirido a precios ínfimos y al que exprimen y degradan en una década, con mano de obra barata, con subvenciones para la exportación, etc.

En el caso concreto de Castilla y León son particularmente indeseables los cultivos y liberaciones de Organismos Modificados Genéticamente por tratarse de una de las regiones europeas con mayor biodiversidad, tanto de especies silvestres como de variedades cultivadas; y por causar un grave perjuicio económico ya que la agricultura, ganadería e industrias de ellas derivadas (alimentaria, vitivinícola, etc.) representan un sector estratégico fundamental, tanto históricamente como en la actualidad.

La predilección de las Corporaciones de transgénicos por Castilla y León se debe sin duda a la inusitada permisividad de los organismos de evaluación y control autonómicos, mantenida continuamente desde la primera liberación en España: un ensayo de colza (*Brassica napus*) realizado en Valladolid en el año 1993.

Debido a las duras condiciones climatológicas y edáficas (heladas, escasa pluviosidad, suelos poco profundos con horizonte húmico pobre, o suelo esquelético en los páramos,....) su productividad nunca puede ser competitiva respecto a la de la España o la Europa húmeda, para ciertos productos, ni respecto a la de la España mediterránea y cálida para los otros.

La competitividad y supervivencia del sector solo puede basarse en una producción alimentaria de gran calidad y alto valor añadido, con la exportación hacia un público europeo de alto poder adquisitivo, muy exigente y bien informado. El objetivo de identificar a Castilla y León con productos de excelente calidad alimentaria y gastronómica, es reiterado con gran énfasis en las declaraciones y publicaciones institucionales así como en las diversas ferias, congresos, foros alimentarios y promociones gastronómicas patrocinadas por la Junta de C y León.

Los estudios y encuestas realizados referentes a la percepción de los ciudadanos europeos respecto a los alimentos y cultivos-MG muestran un profundo rechazo a los transgénicos, así como un malestar generalizado

contra las decisiones de la Comisión que en ocasiones contradicen al Parlamento Europeo y que se han agudizado contra las actuaciones del anterior Comisario Fishler y contra la corrupción en la EFSA. Un malestar que ha sido firmemente explicitado por los Gobiernos de algunos países como Austria.

Recientemente un centenar de regiones Europeas y 3.500 comarcas subregionales (principalmente agrícolas y con denominaciones de origen prestigiosas han manifestado durante la Semana Verde Internacional de Berlín su oposición a los cultivos MG, elaborando el "Manifiesto de Berlín para las regiones libres de OMG y la diversidad en Europa".

En la reunión de Florencia el día 4 de Febrero de 2005 se firmó el documento común "Europe's Regional Governments and Local Authorities Charter", estando presentes algunas regiones españolas como Asturias y País Vasco, y resultando llamativa la ausencia de la región castellano y leonesa de indiscutible vocación y aptitud para la producción alimentaria de calidad, la cual resultará gravemente perjudicada por los cultivos-MG que impedirían su competitividad respecto a los productos alimentarios y las "Denominaciones de Origen" procedentes de las regiones libres de transgénicos. También un condado californiano de importante producción vitivinícola se ha declarado como zona libre de transgénicos.

La contaminación genética producida por los cultivos MG terminaría en breve plazo con las certificaciones ecológicas y con la práctica efectiva de la agroecología, que es la única que asegura la ausencia de transgenes exógenos, disruptores endocrinos, proteínas exógenas o truncadas, nuevos alérgenos, contaminantes químicos, etc.

Recordamos el caso de países, como Argentina, que habían sido principales exportadores de alimentos ecológicos y actualmente no pueden certificar su producción debido a la contaminación genética generalizada. Mientras en Aragón, Andalucía, Navarra ya se ha detectado contaminación transgénica en variedades autóctonas, en Castilla y León no se ha detectado nada oficialmente por la simple razón de que nada se controla ni investiga suficientemente.

Todo ello erosiona comercial y financieramente la viabilidad de nuestra agricultura en un momento particularmente crítico en el que al incremento del coste de los insumos y gasóleo agrícola y la sequía, se añade la drástica reducción de las subvenciones comunitarias debida al acercamiento del PIB autonómico a la media comunitaria, incremento del PIB que es ficticio, debido al sobreprecio abusivo en la hipertrófica industria inmobiliaria. Por el contrario, la renta agraria ha disminuido durante este periodo (como muestran los estudios financieros al respecto) pagando injustamente los agricultores las consecuencias de una especulación constructora y recalificadora desorbitada, lo que, a su vez, incrementó el precio de las tierras de labranza.

Por todo ello

SOLICITAMOS

Que se deniegue la autorización para las liberaciones correspondiente al expediente objeto de estas alegaciones B/ES/06/08 y B/ES/06/09

Valladolid, 6 de marzo de 2006

Rafael Álvarez