



Genes, Genética e Determinismo: O Caso dos Transgênicos na Agricultura¹

Gabriel Bianconi Fernandes ²

Flaviane Malaquias Costa ³

Natália Carolina de Almeida Silva ⁴

Rafael Vidal ⁵

RESUMO

Muito se argumenta que as culturas transgênicas são mais seguras e desenvolvidas de forma mais precisa que as demais sementes cultivadas. Isso porque as técnicas de biotecnologia moderna permitem que apenas genes de interesse sejam “recortados” dos organismos doadores e “colados” nas plantas receptoras. Sendo assim, a partir do ponto de vista epistemológico, buscar-se entender esses jargões emprestados da informática e sua capacidade de desvelar a dinâmica desses novos organismos e suas potenciais implicações para a saúde e o meio ambiente. Para tanto faz-se um breve histórico da evolução das ideias sobre os genes e suas funções, explorando suas implicações do ponto de vista da biossegurança e os resultados obtidos após 20 anos de uso comercial dessas plantas. Conclui-se que a indústria de sementes sustenta conceitos ultrapassados sobre genes e disso depende para justificar patentes biotecnológicas e níveis simplificados de regulação e de avaliações de risco.

Palavras-Chave: Complexidade Genômica; Dogma Central da Biologia; Engenharia Genética; Organismos Geneticamente Modificados.

¹ Trabalho elaborado pelos autores a partir de: Fernandes GB 2015. *Genes como mercadorias: o caso da introdução das sementes transgênicas no Brasil*. Dissertação (Mestrado em História das Ciências e das Técnicas e Epistemologia), Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro.

² Doutorado em andamento em História das Ciências e das Técnicas e Epistemologia pela Universidade Federal do Rio de Janeiro, UFRJ, Brasil. bieferrandes@gmail.com

³ Doutorado em andamento em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) pela Universidade de São Paulo, USP, Brasil. flavianemcosta@hotmail.com

⁴ Doutorado em Recursos Genéticos Vegetais pela Universidade Federal de Santa Catarina, UFSC, Brasil, com período sanduíche em International Maize And Wheat Improvement Center. Pós-Doutoranda na Universidade de São Paulo, USP, Brasil. almeida.rgv@gmail.com

⁵ Doutorado em Recursos Genéticos Vegetais pela Universidade Federal de Santa Catarina, UFSC, Brasil. Professor na Universidad de la Republica Uruguay, UDELAR, Uruguai. rafael.fitotecnia@gmail.com

Os organismos geneticamente modificados (OGMs) são construídos a partir do DNA recombinante, técnica assentada sobre o Dogma Central da Biologia. Essa visão, segundo a qual um gene determina uma proteína, que por sua vez determina uma característica no organismo, já foi há tempos abandonada por muitos autores. Hoje entende-se que o efeito do gene depende do seu contexto e isso faz com que dúvidas sejam levantadas acerca de seu próprio conceito. Entretanto, com o advento das sementes transgênicas o DNA foi patentado e transformado em commodity. Isso significa que apesar de conceitualmente defasada, é a visão determinista que constitui o fundamento de um império agroalimentar controlado mundialmente por um número cada vez mais reduzido de empresas. Este artigo procura discutir as origens e as implicações dessa contradição. Para tanto, discorre a respeito de teorias sobre os genes que foram historicamente formuladas até se chegar às sementes transgênicas, que são aqui consideradas produtos da tecnociência. Argumenta-se a existência de um circuito fechado formado pelo discurso que legitima a tecnologia transgênica, pela ciência que a desenvolve e pela ciência que avalia seus potenciais riscos. Esse fenômeno é relevante de ser estudado uma vez que a distância existente entre a teoria e a prática da modificação genética pode afetar a segurança ou o desempenho dos cultivos transgênicos destinados a uso comercial, como mostram tanto a literatura especializada como a experiência prática dos países que adotaram essas sementes. Além disso, delimitar o objeto das avaliações de risco de OGMs parece representar favorecimento à indústria de biotecnologia na medida em que inibe o aprofundamento de estudos e facilita a chegada ao mercado de produtos pouco estudados. Como será discutido, atualizar o conceito de genes nas legislações que orientam os processos de tomada de decisão em biossegurança teria grandes repercussões de interesse público. Esse passo depende muito menos da ciência do que da correlação de forças entre capital e política.

A BASE CONCEITUAL DA TRANSGENIA

A descoberta das técnicas de hibridização das culturas constituiu-se na mola propulsora para a apropriação industrial do processo natural de produção (Goodman et al. 1990). O desenvolvimento científico de variedades de alto rendimento, selecionadas para maximizar, em termos de produtividade, a resposta à aplicação de fertilizantes sintéticos e agrotóxicos, foi um elemento decisivo no projeto de modernização da agricultura. Na continuidade desse processo, em meados da década de 1990, surgiram comercialmente as primeiras plantas transgênicas. A genética e suas aplicações vêm sendo, portanto, o elo entre ciência e indústria no sistema agroalimentar.

Descobertos em meados do século passado, os genes passaram em algumas décadas da condição de elo explicativo entre a seleção natural de Darwin e a genética de Mendel para o lugar de

Gabriel Bianconi Fernandes; Flaviane Malaquias Costa; Natália Carolina de A. Silva; Rafael Vidal

base de sustentação de um reduzido grupo de empresas que controla fatias crescentes do sistema agroalimentar global. Isto é feito em vista de se apropriar de um conhecimento, cada vez mais preciso no campo biológico - da planta em si -, mas incompleto no que tange ao metabolismo da planta e ao conjunto de interações que se pode ter com o próprio corpo humano. Ou seja, resumidamente, trata-se de uma apropriação do sistema de produção capitalista de conhecimentos, base de sustentação da geração de produtos que tem um largo descortino como mercadoria. Outros exemplos de descobertas científicas que se tornaram valiosas mercadorias poderiam ser citados, mas o caso dos organismos geneticamente modificados (OGMs) guarda algumas peculiaridades que faz dele relevante objeto de análise, destacando-se:

- a modificação genética de plantas por meio de genes ou sequências de genes patenteados tem permitido a um conjunto reduzido de empresas obter controle crescente sobre a oferta de sementes, que cabe dizer artificiais - porque não? -, apesar de um largo espectro de semelhanças analógicas, mas não é igual, não é produto da natureza *tout court*, mas que fornece a base para controlar assim a fonte primeira da produção de alimentos (MacAfee 2003);
- ademais, mesmo após 20 anos do uso comercial dessas plantas não há consenso científico - perduram inúmeras controvérsias - sobre sua segurança (ou risco) alimentar e ambiental (Hilbeck et al. 2015), fato que produz desdobramentos práticos que abrangem desde o cotidiano dos consumidores até a fiabilidade de sistemas de avaliação de riscos e a aplicabilidade de marcos regulatórios nacionais e internacionais (Fernandes 2007);
- Além de que, destacando-se apenas a ciência biológica, a tecnologia do DNA recombinante, que é a base a partir da qual se constroem OGMs, está assentada sobre o entendimento do Dogma Central da Biologia, segundo o qual um gene determina uma proteína e esta determina uma característica no organismo (Quist et al. 2009), sendo que os últimos 50 anos de pesquisa indicam que a biologia molecular chegou a um estado de contradição entre sua teoria e os dados obtidos empiricamente (Kupiec 2010). Ou seja, mesmo no âmbito restrito da biologia não há consenso.

Dos pontos acima mencionados, este último remete ao fato de que um verdadeiro império agroalimentar está fundado sobre a exploração de uma técnica relevante assentada sobre a função determinística dos genes, conceito defasado e já há tempos abandonado por muitos autores. E isto requer minimamente tenência.

Apenas no terceiro trimestre de 2014 a maior empresa de sementes transgênicas obteve lucro líquido de 3,19 bilhões de dólares (Pressinott 2015). Em 2016, numa operação de 66 bilhões de dólares, a empresa norte-americana Monsanto (maior sementeira e quinta maior empresa agroquímica do mundo) foi adquirida pela alemã Bayer (segunda empresa agroquímica e sétima maior sementeira do mundo) (ETC Group 2016), formando a maior empresa do setor (Bunge & Alessi 2016).

Na base da exploração comercial sobre a qual operam essas empresas estão os direitos de monopólio garantidos por meio de patentes sobre sementes geneticamente modificadas (Guerrante 2004). Exatamente patentes sobre genes que são justificadas pelo fato de essas sequências serem responsáveis pela expressão de características novas no organismo que a recebe. O que em si não há muito que se questionar, exceto sobre a própria crueldade da Lei de Patentes, como forma de controle das grandes corporações sobre as pequenas produções. Mas que aqui não cabe desenvolver. Pois queremos destacar a tentativa que essas grandes corporações fazem no sentido de cercear o uso de sementes. A questão em jogo é a qualificação das sementes artificiais *vis a vis* as naturais.

Dessa forma, a aceitação do determinismo genético, ainda que contrariando amplo conjunto de evidências científicas, parece ser condição necessária para que essas empresas exerçam seu poder econômico e crescente controle sobre as sementes. São dois aspectos entrelaçados. De um lado sem a manutenção do Dogma Central da Biologia não haveria matéria tangível, estável e manipulável que pudesse dar origem a novidades ou atividade inventiva suscetível à aplicação industrial. Assumir uma visão mais moderna da genética poderia obstruir o desenvolvimento dessa indústria. De outro lado é o uso do poder econômico para a destituição das demais sementes do mercado.

SOBRE O DETERMINISMO GENÉTICO

O determinismo genético inspirou a biologia nos últimos cem anos de forma comparável à que a mecânica de Newton influenciou a física (Ho 2003). Ele assentou os alicerces de um sistema de pensamento (Mukherjee 2016). Nesta visão, os genes são os responsáveis pela produção de proteínas e estas definem características. No final da década de 1950, Francis Crick proclamou o sentido unidirecional do fluxo de informação do DNA para a proteína como o “dogma central” da biologia molecular. Nessa época a translação reversa era tida como impossível (Jablonka & Lamb 2005). Assim, da forma linear como esse processo é visto, um gene codifica para determinada proteína que desempenhará determinada função (Ferment et al. 2015). Essa descoberta rendeu prêmio Nobel em 1958 a George Beadle e Edward Tatum, que anos antes compreenderam que um gene atua codificando informação para construir uma proteína (forma), e a proteína concretiza (capacita) a forma ou função do organismo (Mukherjee 2016).

De acordo com essa concepção mecanicista, o complexo processo responsável pela hereditariedade foi reduzido a seu aspecto material, o DNA. E este, por sua vez, patentado e transformado em *commodity* (MacAFee 2003). Segundo esta visão, os genes organizam-se nos cromossomos na forma de um colar de contas e são os responsáveis pela produção de proteínas. Estas, por sua vez, definem as características do organismo. O DNA é assim apresentado como auto replicante e auto programável, capaz de produzir cópias de si mesmo para cada célula e cada descendente. Ainda segundo a visão determinista, considera-se que o DNA produz todas as proteínas que constituem as enzimas e os elementos estruturais do organismo (Lewontin 2002).

Considera-se ainda que os genes e os genomas são estáveis e transmitem fielmente suas características às gerações descendentes, salvo nos casos de mutações aleatórias. O RNA seria assim um fiel transcritor e tradutor do texto genético original (Ho 2004). Desta forma, genes e genomas não poderiam ser alterados diretamente em função da influência do ambiente e as características adquiridas em vida não seriam transmissíveis hereditariamente. Esta é a base técnica da transgenia ou tecnologia do DNA recombinante: um processo conhecido, estável e previsível onde os genes determinam as características. Mudando-se os genes, mudam-se as características. Ocorre que há outras definições e entendimentos sobre os genes e suas funções. Hoje já se sabe, por exemplo, que os genes não escolhem autonomamente seus padrões de divisão (*splicing* alternativo e transposons). Por se tratar agora de fenômeno não linear, outra abordagem é necessária. O enfoque de sistemas ajuda a superar a abordagem determinista e a entender como e por meio de quais fatores podem operar esses padrões.

Essa visão mais complexa considera que a vida é um sistema de sistemas e incorpora nela os conceitos, da autoprodução de si mesmo e da recursividade:

o ser humano faz parte de um sistema social, situado num ecossistema natural, situado num sistema solar, que por sua vez situa-se num sistema galáxico: é constituído de sistemas celulares, os quais são constituídos de sistemas moleculares, os quais são constituídos de sistemas atômicos (Morin 1977).

Em termos de autoprodução de si mesmo, segundo Edgar Morin (1977),

Podemos considerar o ser vivo, desde o unicelular até o animal e o homem (...) como ser que produz todos os materiais, todos os complexos, todos os órgãos, todos os dispositivos, todas as performances, todas as emergências dessa qualidade múltipla a que damos o nome de vida.

A noção de recursividade remete às funções atribuídas aos genes aqui discutidas e remete ao fato de que a “organização da regulação deve, ela mesma, se regular pela regulação que ela cria”. Ainda segundo Morin (1977), a regulação viva comporta, portanto, uma regulação recursiva do que regula pelo que é regulado. Dessa forma, os genes produzem e fazem existir os organismos, que os produzem e os fazem existir. Em contraposição à máquina artificial, que não produz seus próprios constituintes e

Gabriel Bianconi Fernandes; Flaviane Malaquias Costa; Natália Carolina de A. Silva; Rafael Vidal

não se produz a si mesmo, a máquina viva é voltada à fabricação de seus próprios constituintes e à sua reorganização.

A ideia de totalidade ativa também é útil para contextualizar os genes nos sistemas dentro dos quais operam e fazem operar e assim superar a visão determinista.

Para Morin (1977), totalidade ativa significa que nada isoladamente é generativo (nem mesmo um programa [outra metáfora frequentemente aplicada aos genes]); é o processo em sua totalidade que é generativo na condição que ele forma circuitos sobre si mesmo.

Nesse sentido, a recursividade vai além da retroalimentação. Num processo recursivo, uma organização ativa produz elementos e efeitos que são necessários a sua própria geração ou existência, processo “circuitário” pelo qual o produto ou efeito último torna-se elemento e causas primárias.

Abordagens não reducionistas levantam não só questões sobre as funções dos genes, mas também sobre seu próprio conceito.

DÚVIDAS SOBRE O CONCEITO DE GENE

Nas últimas três décadas, a descoberta de uma série de fenômenos passou a desafiar o conceito de gene, incluindo entre eles genes *split*, *alternative splicing*, *overlapping and nested genes* e *mRNA edition*. O conhecimento histórico e atual acerca da organização física e dinâmica dos genomas torna evidente que os genes não são discretos nem contínuos e que não necessariamente apresentam posição constante. Também não são unidades de função nem unidades de estrutura.

Depois dessas descobertas, genes e genética não puderam mais ser olhados da mesma forma como no passado (Jablonka & Lamb 2005). Ou seja, quando acontece de haver tantas dúvidas em relação às propriedades usadas para se definir um problema é natural perguntar-se até que ponto o que de fato é a entidade que se quer definir. Assim, pode-se dizer que o conceito de gene está entre a cruz e a espada (El-Hani 2007).

Estas relações, além de mudarem o entendimento a respeito das funções dos genes, também conferem novas estruturas a genes e genomas. Esse controle é tido como resultado tanto do material genético do organismo, quanto de sua interação com o ambiente. Não se pode mais pensar em genes como sequências de DNA discretas, inerentemente estáveis, que codificam informações para a produção de proteínas, e que é fielmente copiada antes de ser passada adiante. A estabilidade, equilíbrio ou homeostase do sistema está no sistema como um todo, na sua organização generativa e não em uma de suas partes (Morin 1977). A sequência de DNA que codifica para um gene tem significado somente no âmbito do sistema como um todo. E como o efeito do gene depende de seu contexto, muito

frequentemente uma mudança em um único gene não afeta de forma consistente a característica por ele influenciada (Jablonka & Lamb 2005).

Segundo o biólogo Ernst Mayr, todas as ciências pós-Galileu passaram a organizar e classificar seus conhecimentos dentro de princípios básicos das ciências físicas, tais como o essencialismo, o determinismo, o reducionismo e a busca por leis naturais universais. Mayr (1998) ressalta que essas características, próprias da mecânica de Galileu [e que formam a base epistemológica da transgenia] não se aplicam à Biologia em razão da complexidade dos sistemas biológicos e sociais e porque o acaso e a aleatoriedade desempenham papel fundamental nessas áreas (Moreira & Massoni 2011).

Mayr (1998) afirma ainda que

todas as tentativas de circunscrever o mundo às leis da Física e descrevê-lo matematicamente falharam porque os organismos vivos são sistemas complexos, organizados e principalmente porque foram afetados durante bilhões de anos por processos históricos, o que não ocorre com o mundo inanimado, e por isso mesmo o estudo dos organismos não pode ser reduzido à Física e à Química.

Também já se discute na biologia molecular que a expressão dos genes bem como dos processos celulares inclui um componente probabilístico, manifestado, por exemplo, no fato de as proteínas não apresentarem um alto nível de especificidade. Essas substâncias podem interagir com múltiplos outros componentes moleculares, gerando um amplo espectro de possíveis combinações (Kupiec 2010).

UNIDADES, FUNÇÕES, ELEMENTOS REGULADORES

O modelo estrutural da molécula de DNA proposto por Watson e Crick tornou-se a base para o conceito molecular clássico de gene (Watson & Crick 1953), segundo o qual um gene é uma sequência de DNA que codifica um produto funcional, uma cadeia simples de polipeptídios ou uma molécula de RNA. De acordo com esse conceito, um gene é tratado como uma unidade ininterrupta no genoma, com início e fim bem definidos, e que desempenha uma única função. É, portanto, um conceito de uma unidade ao mesmo tempo estrutural e funcional do genoma.

Dessa forma, o conceito molecular clássico de gene atualizou o conceito de Mendel ao incorporar o aspecto dimensional à visão até então predominante de gene como unidade. Com o avanço do conhecimento acerca do material genético, sua estrutura e fronteiras foram ficando cada vez menos precisas. Três principais problemas questionam a ideia de genes como unidades: i) correspondência DNA - RNA do tipo um para muitos (p. ex. *alternative splicing*); ii) correspondência DNA - RNA do tipo muitos para um (p. ex. rearranjos genômicos); e iii) ausência de correspondência entre segmentos de DNA e RNA/polipeptídeos (p. ex. edição de mRNA).

De acordo com a teoria formulada por Mendel, os indivíduos contêm as unidades de hereditariedade que determinam o desenvolvimento de suas características. O ponto crucial dessas unidades então chamadas de genes é que elas ocorrem em conjuntos, chamados de alelos. As leis de Mendel descrevem a regularidade da distribuição dos alelos nos gametas e na fertilização. Primeiro com os alelos se separando e posteriormente se segregando independentemente. Mendel também estabeleceu o conceito de dominância e recessividade (Jablonka & Lamb 2005).

Há uma variedade de tipos de elementos regulatórios que geralmente operam em combinações variadas e complexas. Há fatores cis (cis-acting) que influenciam a transcrição independentemente de sua distância das sequências codificantes, tais como promotores e silenciadores, dificultando a definição empírica dos limites do gene. Há fatores cis que atuam afetando a expressão de diferentes genes simultaneamente. Há fatores cis que não são específicos e podem influenciar qualquer promotor dentro de seu espectro. Esses problemas, entre outros, sugerem que tenhamos que abandonar o modelo estrutural de gene (El-Hani 2007).

Tanto é assim que os resultados da tentativa de sequenciamento do genoma humano reduziram em mais de 20% sua estimativa anterior sobre o número de genes da espécie humana, sugerindo que seus mecanismos genéticos são substancialmente ainda mais complexos. Mesmo assim, ainda que se dispusesse da sequência completa do DNA de um organismo e de uma capacidade computacional ilimitada, não se poderia computar o organismo, porque um organismo não computa a si próprio a partir dos seus genes (Lewontin 2002).

PARA ALÉM DO DNA

A descoberta dos mRNAs e de suas funções reguladoras codificadas por sequências de DNA espalhadas pelo genoma, em sua maior parte presentes em regiões anteriormente chamadas de DNA lixo, aumentou ainda mais o problema. Algumas definições de genes referem-se apenas às sequências que codificam proteínas enquanto outras incluem também regiões não codificantes. Isso faz com que, dependendo da definição adotada, as sequências que codificam para micro-RNAs possam ou não ser consideradas genes.

A questão é relevante dado que 98,5% do genoma humano corresponde a sequências que não codificam proteínas, a maior parte delas codificando RNA com funções regulatórias. Assim, o aspecto crucial reside não na quantidade de genes, mas sim na forma pela qual as sequências de DNA participam de complexas redes informacionais e intrincados padrões de expressão gênica, que permitem a existência de uma enorme diversidade de proteínas e RNAs baseadas num número reduzido de genes (El-Hani 2007).

Tais evidências também questionam a teoria clássica da seleção natural, segundo a qual, através de mutações genéticas aleatórias, os mais adaptados, ou seja, os que têm bons genes sobrevivem e deixam um maior número de descendentes. Se o genoma é um sistema organizado, ao invés de uma simples coleção de genes, então o processo que gera variação genética pode ser uma propriedade evoluída do sistema, que é controlada e modulada pelo genoma e pela célula (Jablonka & Lamb 2005). As relações entre ambiente e genoma têm se mostrado muito mais dinâmicas e recíprocas.

São cerca de 25 mil genes e mais de 250 mil tipos diferentes de células, todas com exatamente o mesmo genoma em um corpo humano com mais de 01 trilhão de células (Traavik & Bohn 2009). Genes individuais especificam funções individuais, mas a relação entre os genes permite a fisiologia. O genoma é inerte sem essas relações (Mukherjee 2016). No caso dos transgênicos, isso evidencia quão difícil pode ser a tarefa de se determinar uma única função de um único gene sem que isso acarrete em efeitos indesejados ou inesperados. Não é mais a especificidade das proteínas no nível molecular que explica o que ocorre no nível celular, mas o reverso (Kupiec 2010).

TEORIAS SOBRE OS GENES

Mas até que ponto a crítica ao determinismo genético é algo moderno ou da atualidade da genética e da biologia molecular? Fossem esses questionamentos recentes, a crítica à hipótese que sustenta o desenvolvimento de organismos transgênicos deveria ser atenuada em função dessas recentes descobertas. Entretanto, para Mayr (1998), os agricultores e criadores que domesticaram plantas e animais há milhares de anos sempre souberam que não existe um determinismo genético inexorável, tanto é que sementes de uma mesma planta dariam origem a frutos de tamanhos variados se plantados em condições diferentes (Mayr 1998). Apesar disso, até cerca de 1900, quando teve origem a ciência da genética, ainda não estavam claras as noções de genótipo e fenótipo (aquilo em que o genótipo se transformou durante o desenvolvimento). Esta diferença fundamental entre genótipo e fenótipo só foi plenamente entendida depois que se descobriu a estrutura dos genes e que o genótipo consiste de DNA.

Embora o conceito básico de gene esteja associado a Gregor Mendel, o termo foi criado em 1909 por Wilhelm Johannsen, botânico sueco que à época investigava os fatores que poderiam distinguir os mecanismos mendelianos de herança genética daqueles responsáveis pela produção das características nos seres vivos. A palavra foi criada para denotar uma função; o gene era definido pelo que o gene fazia (Mukherjee 2016). Johannsen, ainda que pudesse aceitar que a hereditariedade fosse baseada em processos físico-químicos, criticava a conceituação de genes como uma estrutura material

Gabriel Bianconi Fernandes; Flaviane Malaquias Costa; Natália Carolina de A. Silva; Rafael Vidal morfológicamente caracterizada (El-Hani 2007). Foi dele também a definição dos dois conceitos chave na genética, genótipo e fenótipo (Jablonka & Lamb 2005).

Na busca pelas explicações para os mecanismos de hereditariedade, há uma polêmica epistemológica travada no período situado entre a publicação de *A origem das espécies*, de Charles Darwin, que lançou a ideia de evolução a partir da seleção natural e a descoberta de James Watson e Francis Crick, passando pelo ano de 1900 com as leis de herança de Mendel. Uma breve retomada das ideias desenvolvidas nesse período (Mayr 1998) permite reconstituir o pensamento que foi dando origem à genética e, neste caso, facilita explicitar que as críticas ao determinismo genético são tão antigas quanto a própria genética.

A teoria da evolução darwiniana pode ser definida como “qualquer alteração nas frequências alélicas de uma população, visando torná-la mais adaptada”. A teoria baseia-se na existência de variabilidade genética entre os organismos de uma mesma espécie e através da seleção natural, aqueles indivíduos mais aptos, ou seja, que apresentam características favoráveis à sua adaptação e deixam o maior número de descendentes. E assim sucessivamente, até que as frequências alélicas da população entrem em equilíbrio. Com os avanços da ciência, a Teoria Sintética de Evolução vem elucidar as causas da variabilidade existentes entre organismos de uma mesma espécie. Fundamenta-se nos processos que geram (mutação), ampliam (recombinação, hibridação, migração, alterações cromossômicas estruturais e numéricas) e reduzem (seleção natural, oscilação genética e deriva genética) a variabilidade existente em uma população. Estes processos provocam mudanças irreversíveis nas frequências alélicas ou estrutura genética de uma população, que ao longo dos anos podem provocar o surgimento de novas espécies (especiação), principalmente, quando associados ao processo de isolamento reprodutivo (Futuyma 2013).

Darwin formulou a teoria da evolução e explicou o mecanismo de seleção natural sem a ajuda da genética. A genética de Mendel foi desenvolvida mais de 40 anos após. No início, a partir dos experimentos com ervilhas e moscas *Drosophila*, ela foi aceita para explicar a herança de caracteres observáveis e descontínuos, mas não explicava os mecanismos de herança contínua, justamente os que constituem a variação da seleção natural. Algumas hipóteses foram lançadas na busca de uma explicação da variação contínua de forma não-mendeliana, entre elas a hereditariedade tênue, a teoria da contaminação, o caráter unitário mendeliano (caráter controlado por um fator genético específico), a teoria dos fatores múltiplos, a hereditariedade citoplasmática (cromossomos respondiam pelos caracteres descontínuos e algo no citoplasma respondia pela variação contínua, pela natureza verdadeira da espécie) e o pseudo-alelismo.

As explicações não mendelianas da variação contínua foram uma a uma se tornando inválidas ao longo do tempo, embora a genética do citoplasma ainda não seja um capítulo encerrado na biologia e saiba-se que ele desempenha importante papel no desenvolvimento e na regulação da atividade do gene. Sabe-se hoje que quando há muitos genes envolvidos, as diferenças genéticas entre indivíduos podem fornecer toda a variação necessária para a evolução adaptativa por meio da seleção darwiniana (Jablonka & Lamb 2005).

Em 1905 já haviam sido realizados experimentos demonstrando que o número de genes separados que podem controlar um único caráter pode realmente ser muito grande (hereditariedade multifatorial, que converte a variação descontínua do genótipo em variação contínua no fenótipo). Ou seja, a expressão de quase todo gene, particularmente aqueles de efeitos quantitativos, pode ser modificada por outros genes.

Um atestado de habilidade dos cientistas em aceitar abstrações como verdades é o fato de que, cinquenta anos depois da publicação do artigo de Mendel - de 1865 a 1915 -, os biólogos conheceram os genes tão somente pelas propriedades que eles produziam: genes especificavam características; genes podiam sofrer mutação e, com isso, especificar características alternativas. Nenhum deles, porém, tinha visto um gene em ação. A busca central do estudo da hereditariedade parecia um objeto percebido por meio de suas sombras, torturantemente invisível à ciência (Mukherjee 2016).

Tudo isso, há mais de um século, já gerava evidências capazes de refutar a ideia de um gene - um caráter (isto é, um caráter unitário). Ao fenômeno pelo qual um dado gene afeta diversos caracteres (diferentes componentes do fenótipo) dá-se o nome de pleiotropia.

O efeito de posição dos genes foi primeiro manifestado em 1925, comprovando que a função de um gene, e por isso o efeito que ele exerce sobre o fenótipo de um organismo, podia ser modificada pela simples alteração do arranjo hereditário dos cromossomos, sem necessidade de mutação, e sem qualquer mudança na quantidade do material genético. O efeito de posição mostrou que o gene não é necessariamente a unidade de função. Dessa forma, o dogma original e simples de que o gene era simultaneamente a unidade de recombinação teve que ser abandonado. Com o DNA, a sequência transmite o significado (Mukherjee 2016). O destaque vai para o fato de que essa constatação deu-se em 1957 e justificou Seymour Benzer a propor o abandono do termo gene e sua substituição por *muton*, *recon* e *cistron*. Este último foi de fato incorporado ao vocabulário da Genética.

No início da década de 1950 já era aceito que a substância de hereditariedade não eram as muitas proteínas cromossômicas, mas a molécula de DNA. Estudos feitos na década de 1960 confirmaram a existência de material hereditário fora da estrutura do núcleo celular, contrariando assim os fundamentos da chamada Síntese Moderna da Biologia evolucionária desenvolvida anteriormente

Gabriel Bianconi Fernandes; Flaviane Malaquias Costa; Natália Carolina de A. Silva; Rafael Vidal

nas décadas de 1930 e 1940. Essas descobertas levaram a uma inevitável revisão parcial da síntese moderna da versão darwiniana de evolução:

- o gene, a unidade de hereditariedade da síntese moderna, tornou-se uma sequência de DNA, que codifica uma proteína ou molécula de RNA;
- a herança passou a ser associada à replicação de DNA, um complexo, porém preciso, processo de cópia que duplica o DNA cromossômico; e
- passou a reconhecer-se que nos organismos superiores cromossomos contendo DNA estão presentes tanto no núcleo como em organelas citoplasmática (Jablonka & Lamb 2005).

Os avanços científicos reforçam ainda mais o quão os mecanismos de herança podem ser mais dinâmicos e complexos. A epigenética, por exemplo, consiste em uma ciência que estuda as mudanças que ocorrem no DNA, as quais não alteram a sequência dos nucleotídeos, mas, no entanto, são transmitidas aos seus descendentes, por meio dos mecanismos de herança epigenéticos: i) metilação do DNA, a qual atua em regiões regulatórias (expressão gênica), ricas em CG; ii) rearranjos de proteínas histônicas; e iii) ação de moléculas de RNAi (RNA interferência) durante o processo de transcrição do gene (Jablonka & Lamb 2005). Hoje, está bem estabelecida a existência destes mecanismos epigenéticos de herança, situados acima do nível das sequências nucleotídicas no DNA, atuando como reguladores da expressão dos genes.

PRODUTOS DA TECNOCIÊNCIA

As primeiras civilizações tiveram que selecionar plantas que pudessem fornecer alimentos. Ao mesmo tempo, estes primeiros habitantes perceberam que havia diversidade genética. Isso promoveu o que se chama hoje domesticação de plantas e de animais. Simultaneamente, estes agricultores/as começaram a trocar sementes e migrar para outras regiões, o que permitiu que uma semente de milho, por exemplo, saísse do México e chegasse ao Brasil e a todas as partes do mundo. Estes agricultores também contribuíram com a adaptação das sementes a diversos contextos socioambientais e culturais. Domesticar uma planta é uma atividade complexa que requer milhares de anos. Já o desenvolvimento de um organismo transgênico é atividade mais simplificada, dado que a modificação introduzida é pontual e pequena do ponto de vista genético.

Os OGMs são construídos a partir da transferência de genes de interesse de um organismo para outro. No geral, entre espécies não relacionadas e que não se cruzam espontaneamente na natureza, de forma que o organismo receptor passe a expressar a característica conferida por esse gene

Gabriel Bianconi Fernandes; Flaviane Malaquias Costa; Natália Carolina de A. Silva; Rafael Vidal

em todas as suas células. Os exemplos mais frequentes de OGMs provêm das culturas agrícolas produzidas em larga escala no país, aplicados em milho, soja e algodão⁶. Cerca de 96,5% de toda a soja produzida no Brasil na safra 2016/2017 foi transgênica (Lopes 2017). Ocorre, entretanto, que:

a moderna biologia do desenvolvimento é totalmente concebida em termos de genes e organelas celulares, cabendo ao ambiente fazer as vezes de cenário. Considera-se que os genes no ovo fertilizado determinam o estado final do organismo, enquanto que o ambiente em que o desenvolvimento ocorre é tão-somente um conjunto de condições propícias para que os genes se expressem, assim como o filme fotográfico, ao ser exposto, produzirá a imagem que nela já está imanente, quando colocado nos líquidos apropriados e na temperatura adequada (Lewontin 2002).

São dois tipos principais de modificação nas plantas transgênicas: tolerância a herbicidas e resistência a insetos. Por motivos que não serão aqui discutidos, as sementes contendo essas características vêm perdendo crescentemente sua eficiência, que por sua vez têm gerado prejuízos econômicos aos produtores e aumento do uso de agrotóxicos (Melgarejo et al. 2013a; Melgarejo et al. 2013b; Vargas et al. 2012; Mesquita 2013; Caetano 2014; Lisboa 2009; Globo Rural 2014).

Em ambos os casos genes que codificam essas características foram retirados de bactérias e transferidos para as plantas. Genes promotores e terminadores, geralmente extraídos de vírus, são anexados nas extremidades do gene de interesse com a função de informar ao organismo receptor a nova sequência de DNA a ser codificada (Ferment et al. 2015). Para a seleção das modificações bem sucedidas associam-se à nova construção gênica genes marcadores de resistência a antibióticos, também extraídos de bactérias.

Hugh Lacey (2017) identifica um fenômeno tautológico entre o discurso que legitima a tecnologia transgênica, a ciência que a desenvolve e a ciência que avalia seus potenciais riscos. A convicção de que os transgênicos não apresentam riscos que não possam ser geridos segundo os regulamentos em curso e de que a adoção da tecnologia é o único caminho para garantir o abastecimento alimentar de uma população mundial crescente reflete, para o autor, uma concepção empobrecida de ciência, ainda que integrante do *mainstream* das instituições científicas. Lacey as considera pesquisas científicas conduzidas a partir de estratégias descontextualizadas: teorias e hipóteses limitadas de modo que são capazes de representar coisas e fenômenos como sendo gerados a partir de suas próprias estruturas subjacentes, de seus processos e interações entre seus componentes, e das leis que os governam. Os dados empíricos gerados são predominantemente quantitativos. Mas se a ciência é limitada ao emprego de estratégias descontextualizadas, e considerando que esse mesmo enfoque é o que dá origem aos procedimentos de avaliação de risco dos organismos transgênicos, então não há

⁶ A lista completa das sementes transgênicas liberadas para cultivo comercial está disponível em: <http://ctnbio.mcti.gov.br/liberacao-comercial>. acesso em 09 jan. 2018.

Gabriel Bianconi Fernandes; Flaviane Malaquias Costa; Natália Carolina de A. Silva; Rafael Vidal

evidências científicas de que os organismos geneticamente modificados não possam causar danos. Não obstante, essa ciência não alcança avaliar nenhuma alternativa que não seja oriunda de estratégias descontextualizadas de pesquisa. A um sistema de ideias fechado, encerrado sobre o seu núcleo, e que vive essencialmente regenerando-se na sua fonte, Morin dá o nome de doutrina (Morin 2002).

Há razões para descrever que a análise e a gestão de riscos no cerne das avaliações de biossegurança sejam elas próprias atividades meramente técnicas e cabalmente confiáveis (Leite 2007). O conceito de *Equivalência Substancial*, que está na base dos processos de avaliação de risco de um alimento transgênico, define que *um alimento geneticamente modificado deve ser considerado substancialmente equivalente a esse alimento natural ou não geneticamente modificado* (FAO/OMS 1996). *Entretanto, são escassas as pesquisas desenvolvidas com esse foco e, os laudos que garantem a equivalência substancial de uma nova cultivar geneticamente modificada lançada como alimento no mercado, emitidos pelas empresas detentoras das biotecnologias, não são disponibilizados para consulta pelos consumidores e pela comunidade científica.*

Assim, conclui Lacey que a evidência científica de ausência de riscos obtida a partir de estratégias descontextualizadas não pode ser suficiente para se negar que existam riscos implicados na utilização desses produtos (Lacey 2017).

TEORIA E PRÁTICA DA MODIFICAÇÃO GENÉTICA

A descoberta dos efeitos posicionais, em 1925, mostrando que a função de um gene e seu efeito podem ser alterados pela mudança do arranjo dos genes nos cromossomos (mesmo na ausência de mutação ou alteração na quantidade de material genético) foi outro duro golpe à ideia de genes como unidades estáveis (El-Hani 2007). Capra, citando Craig Holdrege, destaca ainda que:

A realidade da engenharia genética é muito mais confusa. Em seu estágio atual os geneticistas não têm controle algum sobre o que acontece com o organismo. São capazes de inserir um gene no núcleo de uma célula com a ajuda de um vetor de transferência específico, mas não sabem se a célula vai incorporar o novo gene em seu DNA, nem onde esse novo gene estará localizado se for incorporado, nem quais os efeitos que terá sobre o organismo. Assim, a engenharia genética funciona na base da tentativa e erro e *prima pelo desperdício*. A média de sucesso dos experimentos genéticos é de um por cento, pois o contexto vivo do hospedeiro, que determina o resultado do experimento, continua praticamente inacessível à mentalidade técnica que está por trás da atual biotecnologia. (Capra 2002)

Há uma série de relatos na literatura científica que reforçam esta afirmação e apontam que os mecanismos moleculares pelos quais os transgenes se inserem no DNA receptor são pouco entendidos (Tinland 1996; Tzfira et al. 2004; Somers & Makarevitch 2004) e muito raramente constituem-se em eventos precisos (Latham et al. 2006).

As mutações resultantes da introdução de transgenes no organismo receptor, sejam elas no local da inserção ou amplas (outras regiões do genoma), podem ocasionar características e efeitos fenotípicos imprevisíveis (Quadro 1). Alguns autores têm sugerido que as consequências mutacionais da transformação de plantas são uma importante fonte da imprevisibilidade dos transgênicos (Wilson et al. 2004). Para estes mesmos autores, as mutações induzidas com a transformação genética das plantas podem afetar a segurança ou o desempenho dos cultivos transgênicos destinados a uso comercial.

Quadro 1. Exemplos de efeitos imprevisíveis e não intencionais da transgenia.

Efeito inesperado	Autor/Local de Publicação
Alteração de interações com microrganismos do solo	Donegan et al. (1995). <i>Applied soil ecology</i> .
Susceptibilidade a patógenos	Pasonen et al. (2004). <i>Theoretical and Applied Genetics</i>
Alteração na resistência a insetos	Birch et al. (2002). <i>Annals of Applied Biology</i>
Alteração de características reprodutivas das plantas	Bergelson et al. (1998). <i>Nature</i> .
Rachadura do caule e menor produtividade da soja transgênica	Gertz et al. (1999). <i>Brighton Conference Weeds</i> .
Varição nos níveis de expressão da proteína transgênica ao longo do ciclo da cultura	Olsen et al. (2005). <i>Journal of Economic Entomology</i> ; Wan et al. (2005). <i>Journal Econ. Entomol</i> ; Abel & Adamczyk (2004). <i>Journal Econ. Entomol</i> ; Nguyen & Jehle (2007). <i>Journal of Plant Diseases and Protection</i> .
Impactos negativos sobre insetos não-alvo	Hilbeck & Schmidt (2006). <i>Biopesticide</i> .

Fonte: Elaborado pelos autores a partir de Ferment et al. (2015).

IMPLICAÇÕES PARA AS ANÁLISES DE BIOSSEGURANÇA

O foco exclusivo sobre o gene de interesse traz implicações diretas para a forma como são conduzidos os processos de avaliação de risco de um organismo transgênico. Tal reducionismo abre espaço para alegar-se que um determinado gene “é seguro pois ocorre na natureza” (Kyndt et al. 2015). Porém, um gene sozinho, fora do contexto do organismo, pouco diz. O fato de o gene ser seguro em seu organismo natural não significa que o organismo transgênico que o recebeu também seja seguro. Esta extrapolação automática não encontra respaldo científico, embora estruture a ação dos órgãos reguladores. Esse distanciamento entre as metáforas explicadoras da prática científica e os fenômenos estudados foi documentado por Ferment et al (2015), que reuniram mais de 750 estudos científicos desprezados pelos órgãos reguladores encarregados da avaliação de risco de organismos geneticamente modificados (Ferment et al. 2015).

Dessa forma, o confinamento do objeto de análise nas decisões sobre biossegurança, a partir de um enfoque científico supostamente neutro, representa um favorecimento à indústria de biotecnologia na medida em que inibe o aprofundamento de estudos. É o processo de neoliberalismo no nível molecular, como definido por MacAfee (2003) onde unem-se noções datadas de genes e códigos genéticos com a argumentação de que a informação genética deve ser patenteada para que o

Gabriel Bianconi Fernandes; Flaviane Malaquias Costa; Natália Carolina de A. Silva; Rafael Vidal

mercado da biotecnologia possa beneficiar a todos - nas palavras da indústria: gerando maior produtividade das lavouras; alimentos mais nutritivos, saborosos e em abundância; o fim da fome; o menor uso de agrotóxicos e uma maior preservação ambiental (CIB 2012).

Para Lacey (2000),

As sementes transgênicas (TG) contêm genes tirados de organismos de diferentes espécies, inseridos diretamente em seus próprios materiais genéticos, com a finalidade de gerar plantas com as específicas qualidades “desejadas”, tais como as capacidades de resistir a inseticidas. Para seus criadores, as sementes TG incorporam conhecimento científico e trazem a marca da ciência. Elas também trazem a marca da economia política da “globalização”, uma vez que seu desenvolvimento tem sido visto tanto como um objetivo da economia neoliberal global quanto como um meio de fortalecer suas estruturas. Tais marcas gêmeas emprestam uma aura de inevitabilidade à “revolução” agrícola prometida com o advento das sementes TG: a ciência definiu a rota, a economia global fornece as estruturas para sua efetiva implementação. Assim, não é surpresa que as plantações em sementes TG (milho, soja e outras culturas) tenham tido um crescimento explosivo nos últimos anos.

DISCUSSÃO

Os próprios geneticistas hoje pensam e falam (na maior parte do tempo) em termos de redes genéticas compostas por dezenas ou centenas de genes e por seus produtos, que interagem entre si e em conjunto afetam o desenvolvimento e uma determinada característica. Já reconhecem que na maioria dos casos as características não dependem de um simples gene, mas sim da interação entre vários genes, muitas proteínas e outros tipos de moléculas e do ambiente no qual o indivíduo se desenvolve (Jablonka & Lamb 2005).

A ontogenia de um organismo explica-se pelas interações singulares entre seus genes, a sequência temporal dos ambientes externos aos quais está sujeito durante a vida e os eventos aleatórios de interações moleculares que ocorrem dentro das células individuais. Conforme Lewontin (2002) são essas interações que devem ser incorporadas em uma explicação adequada acerca da formação de um organismo. Essa noção ainda não foi incorporada no desenvolvimento da tecnologia nem na sua avaliação de risco.

De acordo com o pensamento de Ellul (1954), historicamente, a técnica precedeu a ciência, pois o homem primitivo conheceu as técnicas. Logo, a relação ciência-técnica deve ser invertida, dado que a ideia tradicional de que a técnica é uma aplicação da ciência, ou o ponto de contato entre a realidade material e o resultado científico, é radicalmente falsa. A técnica deverá, então, esperar pelo progresso da ciência (Ellul 1954).

No caso da transgenia aplicada às sementes, o entendimento científico sobre o fato e os efeitos do “corta e cola” de genes progrediu, mas a técnica seguiu seu rumo próprio orientado por outros fatores e interesses.

REFERÊNCIAS

- Abel CA, Adamczyk JJ 2004. Relative Concentration of Cry1A in Maize Leaves and Cotton Bolls with Diverse Chlorophyll Content and Corresponding Larval Development of Fall Armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) and Southwestern Corn Borer (Lepidoptera: Crambidae) on Maize Whorl Leaf Profiles. *Journal of Economic Entomology*, 97(5):1737-1744
- Bergelson J, Purrington CB, Wichmann G 1998. Promiscuity in transgenic plants. *Nature*, 395(6697):25.
- Birch ANE, Geoghegan IE, Griffiths DW, Mcnicol JW 2002. The effect of genetic transformations for pest resistance on foliar solanidine-based glycoalkaloids of potato (*Solanum tuberosum*). *Annals of Applied Biology*, 140(2):143-149.
- Bunge J, Alessi C [página na Internet]. The Wall Street Journal [publicação 14 set 2016; acesso 2 out 2016]. *Bayer-Monsanto Deal Would Forge New Agricultural Force*. Disponível em: <http://www.wsj.com/articles/bayer-and-monsanto-expected-to-announce-takeover-1473839357>.
- Caetano M [página na Internet]. Amazônia Notícia e Informação. [publicação 20 mai 2014; acesso 2016]. *Milho transgênico em xeque em Mato Grosso*. Disponível em: <http://amazonia.org.br/2014/05/milho-transgenico-em-xeque-em-mato-grosso/>.
- Capra F 2002. *As conexões ocultas: ciência para uma vida sustentável*. Cultrix/Amaná-Key, São Paulo, 296 pp.
- CIB [página na Internet]. Conselho de Informações sobre Biotecnologia. [publicação ago 2012; acesso 31 out 2016]. *O que você precisa saber sobre transgênicos*. Disponível em: http://cib.org.br/wp-content/uploads/2012/08/Guia_Transgenicos_2012.pdf.
- Donegan KK, Palm CJ, Fieland VJ 1995. Changes in levels, species and DNA fingerprints of soil microorganisms associated with cotton expressing the *Bacillus thuringiensis* var. *kurstaki* endotoxin. *Applied soil ecology*, 2(2):111-124.
- El-Hani CN 2007. Between the cross and the sword: the crisis of the gene concept. *Genetics and Molecular Biology*, 30(2):297-307.
- Ellul J 1954. *La technique ou l'enjeu du siècle*. Armand Colin, Paris.
- ETC Group [página na Internet]. [publicação 09 set 2016; acesso 21 out 2016]. *The Monsanto-Bayer tie-up is just one of seven; Mega-Mergers and Big Data Domination Threaten Seeds, Food Security*. Disponível em: <http://www.etcgroup.org/content/monsanto-bayer-tie-just-one-seven-mega-mergers-and-big-data-domination-threaten-seeds-food>.
- FAO/OMS 1996. Biotechnology and food safety. In *Report FAO/OMS, FAO Food Nutrition Paper*, 61, Roma, 31pp.
- Ferment G, Melgarejo L, Fernandes GB, Ferraz JMG 2015 *Lavouras transgênicas: riscos e incertezas - Mais de 750 estudos desprezados pelos órgãos reguladores de OGMs*. Ministério do Desenvolvimento Agrário, Brasília, 450pp. Disponível em: <http://www.mda.gov.br/sitemda/pagina/nead-debate>.
- Fernandes GB 2007. Chega de Manipulação. In JE Veiga. *Transgênicos: sementes da discórdia*. Ed. Senac, São Paulo, p. 77-128.

Gabriel Bianconi Fernandes; Flaviane Malaquias Costa; Natália Carolina de A. Silva; Rafael Vidal

Futuyma DJ 2013. *Evolution*. 3.ed. Sinauer Associates, Inc. Publishers, Sunderland, Massachusetts U.S.A.

Gertz Junior JM, Vencil WK, Hill NS 1999. Tolerance of transgenic soybean (*Glycine max*) to heat stress. In *Proceedings of the 1999 Brighton Conference Weeds (The BCPC Conference)*. Vol. 3; Nov. Brighton, UK, 835-840.

Globo Rural [página na Internet]. [publicação 28 mai 2014; acesso 31 out 2016]. *Pragas elevam o custo da lavoura de algodão transgênico em MT*. Disponível em: <http://g1.globo.com/economia/agronegocios/noticia/2014/05/pragas-elevam-o-custo-da-lavoura-de-algodao-transgenico-em-mt.html>.

Goodman D, Sorj B, Wilkinson J 1990. *Da lavoura às biotecnologias: agricultura e indústria no sistema internacional*. Campus, Rio de Janeiro, 192pp.

Guerrante RS 2004. O comportamento estratégico das grandes empresas do mercado de sementes geneticamente modificadas *Impulso*, 15(36):59-76.

Hilbeck A, Binimelis R, Defarge N, Steinbrecher R, Székács A, Wickson F, Antoniou M, Bereano PL, Clark EA, Hansen M, Novotny E, Heinemann J, Meyer H, Shiva V, Wynne B 2015. No scientific consensus on GMO safety. *Environ Sci Eur*, 27:4. <https://doi.org/10.1186/s12302-014-0034-1>.

Hilbeck A, Schmidt J 2006. Another View on Bt Proteins - How Specific are they and What Else Might They Do? *Biopesticide*, 2(1):1-5.

Ho MW [página na Internet]. [publicação 09 set 2004; acesso 10 set 2004]. *Subverting the genetic text*. Disponível em: <http://www.i-sis.org.uk/RNASTGT.php>.

Ho MW 2003. *Living with the fluid genome*. Institute of Science in Society, London, UK & Third World Network, Penang, Malaysia, 197 pp.

Jablonka E, Lamb MJ 2005. *Evolution in four dimensions: Genetic, Epigenetic, Behavioral, and Symbolic Variation in the History of Life*. MIT Press, Cambridge, Massachusetts, 475 pp.

Kupiec JJ 2010. On the lack of specificity of proteins and its consequences for a theory of biological organization. *Progress in Biophysics and Molecular Biology*, 102:45-52.

Kyndt T, Quispe D, Zhai H, Jarret R, Ghislain M, Liu Q, Gheysen G, Kreuze JF 2015. The genome of cultivated sweet potato contains *Agrobacterium* T-DNAs with expressed genes: An example of a naturally transgenic food crop. *PNAS*, 112(18):5844-5849. <https://doi.org/10.1073/pnas.1419685112>.

Lacey H 2000. As sementes e o conhecimento que elas incorporam. *São Paulo em Perspectiva*, 14(3):53-59.

Lacey H 2017. The life and times of transgenics. In B Bensusade-Vincent, S Loeve, A Nordmann, A Schwarz. *Research Objects in their technological setting*. Pickering&Chato, London.

Latham JR, Wilson AK, Steinbrecher RA 2006. The mutational consequences of plant transformation. *Journal of Biomedicine and Biotechnology*, 2006:1-7. <http://dx.doi.org/10.1155/JBB/2006/25376>.

Leite M 2007. A raiz da razão: a paralisia no debate sobre transgênicos e meio ambiente. *Novos Estudos*, 78:41-47. <http://dx.doi.org/10.1590/S0101-33002007000200006>.

Gabriel Bianconi Fernandes; Flaviane Malaquias Costa; Natália Carolina de A. Silva; Rafael Vidal

- Lewontin R 2002. *A tripla hélice: gene, organismo e ambiente*. Companhia das Letras, São Paulo, 138 pp.
- Lisboa M 2009. Transgênicos: quem ganha com eles? *PUCviva Revista*, 36:41-45.
- Lopes F 2017. *Área plantada com transgênicos cresceu 7% em 2016/2017, diz consultoria*. Valor Econômico, 18 abr.
- MacAFee K 2003. Neoliberalism on the molecular scale. Economic and genetic reductionism in biotechnology battles. *Geoforum*, 34:203-219.
- Mayr E 1998. *Desenvolvimento do pensamento biológico: diversidade, evolução e herança*. Editora Universidade de Brasília, Brasília, DF, 1107 pp.
- Melgarejo L, Ferraz JM, Fernandes GB 2013a. Dez anos de cultivos transgênicos no Brasil: um balanço crítico. In *Resumos do VII Congresso Brasileiro de Agroecologia*. Porto Alegre-RS.
- Melgarejo L, Ferraz JM, Fernandes GB 2013b. Transgênicos no Brasil: a manipulação não é só genética. *Agriculturas: Experiências em Agroecologia*, 10(1):14-21.
- Mesquita A 2013. Lavoura furada. *Agro DBO*, 2013:24-30.
- Moreira MA, Massoni NT 2011. *Epistemologias do Século XXI*. EPU, São Paulo, 207 pp.
- Morin E 1977. *La Méthode.1. La Nature de la Nature*. Éditions du Seuil, Paris, 399 pp.
- Morin E 2002. *O Problema epistemológico da complexidade*. Publicações Europa-América, Portugal, 128 pp.
- Mukherjee S 2016. *O Gene. Uma história íntima*. Companhia das Letras, São Paulo, 666 pp.
- Nguyen H, Jehle J 2007. Quantitative analysis of the seasonal and tissue-specific expression of Cry1Ab in transgenic maize Mon810. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 114(2):82-87.
- Olsen KM, Daly JC, Holt HE, Finnegan EJ 2005. Season-Long Variation in Expression of Cry1Ac Gene and Efficacy of *Bacillus thuringiensis* Toxin in Transgenic Cotton Against *Helicoverpa armigera* (Lepidoptera: Noctuidae). *Journal of Economic Entomology*, 98(3):1007-1017.
- Pasonen HL, Seppänen SK, Degefu Y, Rytönen A, Von Weisenberg K, Pappinen A 2004. Field performance of chitinase transgenic silver birches (*Betula pendula*): resistance to fungal disease. *Theoretical and Applied Genetics*, 109(3):562-570.
- Pressinott F 2015. *Lucro líquido da Monsanto cresce 33% no terceiro trimestre fiscal*. Valor Econômico.
- Quist D, Nielsen KM, Traavik T 2009. Introduction to some basic features of genetic information: from DNA to proteins. In T Traavik, LL Ching. *Biosafety First: holistic approaches to risk and uncertainty in genetic engineering and genetically modified organisms*. 2.ed. Genok, Malaysia, TWN/Norway.
- Somers DA, Makarevitch I 2004. Transgene integration in plants: poking or patching holes in promiscuous genomes? *Current opinion in Biotechnology*, 15(2):126-131.
- Tinland B 1996. The integration of T-DNA into plant genomes. *Trends in Plant Science*, 1(6):178-184.

Gabriel Bianconi Fernandes; Flaviane Malaquias Costa; Natália Carolina de A. Silva; Rafael Vidal

Traavik T, Bohn T 2009. Life on Earth. In T Traavik, LL Ching. *Biosafety First: holistic approaches to risk and uncertainty in genetic engineering and genetically modified*. Genok, TWN/Norway.

Tzfira T, Li J, Lacroix B, Citovsky V 2004. Agrobacterium T-DNA integration: molecules and models. *Trends in Genetics*, 20(8):375-383.

Vargas GC, Galeano P, Agapito-Tenzen SZ, Aranda D, Palau T, Nodari RO [página na Internet]. Cochabamba: Genok, UFSC, Rede, Base. [publicação 2012; acesso 31 out 2016]. *Soybean Production in the Southern Cone of the Americas: Update on Land and Pesticide Use*. Disponível em: http://genok.no/wp-content/uploads/2013/04/SOY-SA-Land_Pesticides-ENG.pdf.

Wan P, Zhang Y, Wu K, Huang M 2005. Seasonal expression profiles of insecticidal protein and control efficacy against *Helicoverpa armigera* for Bt cotton in the Yangtze River valley of China. *Journal Econ. Entomol*, 98(1):195-201.

Watson JD, Crick FHC 1953. Molecular structure of nucleic acids. A structure for Deoxyribose Nucleic Acid. *Nature*, 171(4356):737-738.

Wilson A, Latham J, Steinbrecher R [página na Internet]. Econexus [acesso 31 out 2016]. *Genome scrambling: myth or reality?* [aproximadamente 36 p.]. Disponível em: <http://www.econexus.info/publication/genome-scrambling-%E2%80%93-myth-or-reality>.

Genes, Genetics and Determinism: The Case of Transgenics in Agriculture

ABSTRACT

Biotech proponents argue that transgenics crops are safer and developed under a more precise way than their conventional counterparts. This because modern biotechnology allows genes of interest to be “cut” from donors organisms and “pasted” in the recipient crop plants. Hence, from the epistemological point of view, it seems to be opportune to seek further understanding of what these terms borrowed from informatics actually mean and their capacity to unravel the nature of these new plants. Also, its potential implications to health and environment must be deepened. With this aim, the ideas of genes and its functions are briefly historicized, exploring both its biosafety implications and results after 20 years of commercial use of these plants. It is concluded that biotech industry upholds old fashioned concepts of genes and on it depends to justify biotechnological patents and lowered levels of regulations and risk assessments.

Keywords: Central Dogma of Biology; Genetic Engineering; Genetically Modified Organisms; Genome Complexity.

Submissão: 29/01/2018
Aceite: 18/07/2018