

IMPACTO DEL MAÍZ TRANSGÉNICO SOBRE LAS COMUNIDADES MICROBIANAS DEL SUELO Y PLANTAS: UNA REVISIÓN SISTEMÁTICA

IMPACT OF TRANSGENIC PLANTS ON MICROBIAL COMMUNITIES OF SOIL AND PLANTS: A SYSTEMATIC REVIEW

Angie S. Carrero-Ramírez ¹; Laura J. Carrillo-Menjura ^{2 *}; Ligia C. Sánchez-Leal ¹.

1. Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá D.C, Colombia.

2. Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá D.C, Colombia. ljcarrillo@unicolmayor.edu.co.

*Autor de correspondencia: Laura J. Carrillo-Menjura, email: ljcarrillo@unicolmayor.edu.co

RESUMEN

El objetivo de este trabajo es determinar los cambios en la estructura de la comunidad bacteriana en cultivos transgénicos de maíz así como su impacto en otras plantas. La metodología utilizada consistió en la búsqueda de publicaciones originales en cuatro bases de datos y su posterior filtrado por criterios de inclusión y exclusión. En los resultados se obtuvieron un total de 15 artículos de los cuales 13 comparaban un maíz transgénico con su contraparte híbrida o salvaje en su composición de rizosfera y endosfera y cuáles eran los cambios que estas presentaban, por otro lado 2 de estos artículos nombraban el cruce que puede existir entre un cultivo transgénico y uno no transgénico debido a su tipo de polinización. En conclusión, los cambios encontrados en la rizosfera y endosfera no son significativos y se deben a un proceso de adaptación de los microorganismos, además se deben tener unas normas mínimas para cultivar maíz transgénico, para proteger especies no transgénicas.

Palabras clave: Rizosfera; polinización; bacteria.

Cómo citar:

Carrero-Ramírez, Angie S.; Carrillo-Menjura, Laura J. & Sánchez-Leal, Ligia C. (2022). Impacto del maíz transgénico sobre las comunidades microbianas del suelo y plantas: una revisión sistemática. *Revista de Investigaciones Universidad del Quindío*, 34(1), 192-201. <https://doi.org/10.33975/riuiq.vol34n1.501>

Información del artículo:

Recibido: 15 septiembre 2021; Aceptado: 11 enero 2022

Revista de Investigaciones Universidad del Quindío,
34(1), 192-201; 2022.

ISSN: 1794-631X e-ISSN: 2500-5782

Esta obra está bajo una licencia Creative Commons Atribución-
NoComercial-SinDerivadas 4.0 Internacional.



ABSTRACT

The objective of this work is to determine the changes in the bacterial community structure in transgenic maize crops as well as their impact on other plants. The methodology used consisted of a search for original publications in four databases and their subsequent filtering by inclusion and exclusion criteria. In the results, a total of 15 articles were obtained, 13 of which compared a transgenic corn with its hybrid or wild counterpart in its rhizosphere and endosphere composition and the changes that these presented; on the other hand, 2 of these articles mentioned the crossbreeding that may exist between a transgenic crop and a non-transgenic one due to their type of pollination. In conclusion, the changes found in the rhizosphere and endosphere are not significant and are due to a process of adaptation of the microorganisms, and there must be minimum standards for growing transgenic corn to protect non-transgenic species.

Keywords: Rhizosphere; pollination; bacteria.

INTRODUCCIÓN

El desarrollo de las plantas transgénicas se dio a partir del uso de la ingeniería genética, en donde se modifica el material genético introduciendo uno o más genes de otras plantas, así como de especies no relacionadas (Andow, 2009). De esta forma, las plantas pueden adquirir uno o más rasgos que las hace más resistentes y productivas, en consecuencia, se reduce el número de pérdidas y mejora el rendimiento de los cultivos (Passricha et al., 2020). Dependiendo del rasgo adquirido los cultivos transgénicos se puede clasificar en cuatro grupos principales: tolerantes a herbicidas, resistentes a insectos, combinados, resistentes a herbicidas e insectos y resistentes a enfermedades virales (Mandal et al., 2020).

Según el Servicio Internacional para la Adquisición de Aplicaciones Agrobiotecnológicas (ISAAA), para el 2019 se encontraban sembradas 190,4 millones de hectáreas de cultivos biotecnológicos en todo el mundo, en donde la mayoría de los cultivos corresponden a soja, maíz, algodón y canela. Las plantas transgénicas con mayor valor en el mercado son la soja, maíz, algodón y canola que son tolerantes a herbicidas; el maíz, algodón, la papa y el arroz resistentes a los insectos; la calabaza y la papaya resistentes a virus; y el maíz, soja y algodón tolerantes a herbicidas y

resistentes a insectos (International Service for the Acquisition of Agri-Biotech Applications - ISAAA.Org, 2020). Así mismo, Colombia para el 2019 se encontraban sembrados un total de 101.188 hectáreas de cultivos transgénicos de las tres especies autorizadas, maíz, algodón y flores azules, de las cuales se encuentran sembradas 88.268, 12.907 y 12 hectáreas respectivamente, según cifras del Instituto Colombiano Agropecuario (ICA) (Instituto Colombiano Agropecuario - ICA, 2020).

A pesar de sus múltiples ventajas sobre la agricultura tradicional, los cambios en las plantas transgénicas podrían afectar negativamente a la biodiversidad y al ecosistema. Los principales riesgos son la transferencia de genes de cultivos transgénicos a parientes silvestres y especies relacionadas, el desarrollo de cultivos resistentes a herbicidas, insectos o virus, y el impacto perjudicial inadvertido en otras especies no objetivo y el ecosistema del suelo, en donde se encuentran los microorganismos (Mandal et al., 2020).

Para poder controlar y regular el aumento en la siembra de cultivos transgénicos, se han creado tanto normativas nacionales e internacionales (Chaparro-Giraldo et al., 2015; Instituto Colombiano Agropecuario - ICA, 2020), de igual manera se resalta la importancia de evaluar

y monitorear riesgos ambientales y ecológicos. Como lo son, el efecto a los microorganismos asociados a las plantas, donde hay una relación directa, por eso existe una gran preocupación sobre la diversidad y abundancia de grupos funcionales en la rizosfera y la endosfera, los cuales son indispensables en los procesos biogeoquímicos y en consecuencia de la disponibilidad de nutrientes en el suelo. Se han reportado alteraciones en la estructura de las poblaciones de microorganismos en diferentes cultivos (Lee et al., 2011; Lu et al., 2017). Nuestro objetivo es determinar los cambios en la estructura de la comunidad bacteriana en cultivos transgénicos de maíz así como su impacto en otras plantas, mediante la recolección de información de varios estudios de investigación.

MATERIALES Y MÉTODOS

Estrategia de búsqueda

Para este trabajo, se realizó una revisión sistémica de estudios y artículos científicos relevantes en las bases de datos Web de Nature, Scopus, Sciencedirect y Scielo. En la búsqueda se utilizaron los términos “(Maize GM OR Bt Maize OR transgenic maize) AND (microbial communities OR endophytic microbiome OR gene flow)”, teniendo las categorías de impacto en los microorganismos del suelo (diversidad y abundancia) e impacto en plantas (polen). No se aplicaron restricciones de idioma ni de año de publicación, sin embargo, se le dio más relevancia a aquellos artículos publicados en los últimos cinco años.

Criterios de inclusión y exclusión

Se incluyeron únicamente aquellos artículos en los cuales el objetivo era analizar y/o evaluar el impacto de las plantas transgénicas sobre los microorganismos y plantas, además, se tuvo en cuenta la fecha de publicación, dándole mayor relevancia a aquellos artículos publicados en los últimos cinco años.

Se excluyeron aquellos artículos que hablan de híbridos y/o maíz transgénico no aprobados para la comercialización, en donde los experimentos no se realizaron en condiciones de campo y en donde los híbridos que no se cultivaron en condiciones idénticas a la especie salvaje.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Una vez realizado el protocolo de búsqueda y teniendo en cuenta lo anteriormente descrito, se obtuvo un total de 202 artículos publicados en el rango de años comprendido entre el 2008 y 2020, posteriormente estos artículos fueron incorporados al programa “Covidence” (herramienta de detección y extracción de datos), se eliminaron 40 duplicados, 60 estudios irrelevantes y teniendo en cuenta los criterios de exclusión e inclusión se eliminaron 72 artículos, quedando un total de 15 publicaciones las cuales fueron incluidas en la revisión sistemática (Figura 1).

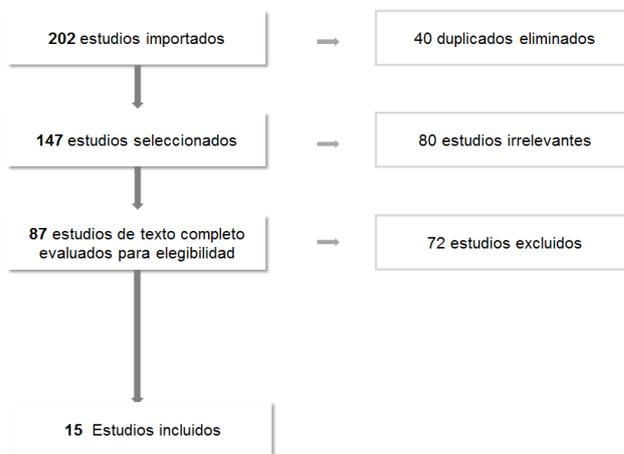


Figura 1. Diagrama de protocolo de búsqueda PRISMA

a búsqueda sistemática de literatura científica publicada entre los años 2008 y 2020, arrojó un total de 15 artículos científicos basados en estudios realizados en 7 países distintos (Figura 2), de los cuales destacan China y Brasil por contar con un mayor número de estudios en su territorio, con 4 (26,6%) y 3 (20%) respectivamente, seguidos de México, Alemania y Sudáfrica cada uno con 2 (13,3%) y por último Venezuela y Argentina cada uno con 1 (6,6%).



Figura 2. Países de origen de las publicaciones encontradas en la revisión sistemática

La planta de maíz (*Zea mays*) es uno de los principales cultivos a nivel mundial, con especial importancia en la región de América Latina ya que era la base de la dieta precolombina y parte importante de la economía y la dieta actual en la región. Teniendo en cuenta estas características y que la productividad del cultivo se puede ver afectada por una gran variedad de plagas y enfermedades, los científicos utilizando ingeniería genética han modificado e implantado transgenes para volver resistente este cultivo a dichas patologías; como es el caso del maíz transgénico Bt que lleva el gen proveniente de la bacteria *Bacillus thuringiensis* que expresa la proteína Cry, la cual confiere resistencia frente a los insectos lepidópteros y se conoce comercialmente como HERCULEX®, también,

existe el maíz transgénico TH que convierte la planta tolerante a herbicidas como el glifosato y el glufosinato de amonio (Jiménez-Barreto et al., 2016).

Las plantas de maíz transgénico de los estudios seleccionados en su mayoría tenían solo la toxina Toxina Bt Cry1Ab perteneciente a *Bacillus thuringiensis*, seguido del evento TC1507 el cual le permite a la planta producir la toxina Toxina Bt Cry1F y enzima fosfinotricina N-acetiltransferasa. La mayor frecuencia en el uso de estos eventos en los estudios se debe a que resuelven dos problemas que son comunes en este tipo de cultivo, la infestación por artrópodos y tolerancia a herbicidas, además de ser los eventos que más se comercializan en todo el mundo. Mientras que en menor frecuencia se encuentran los cultivos que tienen la toxina Bt Cry1A.105 y toxina Bt Cry3Bb1, toxina Bt Cry1Ie, la enzima betaína aldehído deshidrogenasa o la tolerancia al glifosato (tabla 1). Sin embargo, se debe tener en cuenta que actualmente se ofrecen en el mercado nuevos híbridos con rasgos múltiples, de los cuales aún se han hecho investigaciones sólo su impacto en el medio ambiente luego de ser usados en campo.

Tipo de evento	Rasgo	Referencias
MON 89034 × MON 88017	Toxina Bt Cry1A.105 y toxina Bt Cry3Bb1	Becker et al, 2014
Maiz CC-2	Tolerancia al glifosato	Zhou et al, 2020
MON 810	Toxina Bt Cry1Ab	Cotta et al, 2014; Zeng et al, 2015; Cotta et al, 2013; Szoboszlay et al, 2019; Ferreira et al, 2014; Mashiane et al, 2017
TC1507	Toxina Bt Cry1F y enzima fosfinotricina N-acetiltransferasa	Cotta et al, 2014; Cotta et al, 2013; Szoboszlay et al, 2019; Ferreira et al, 2014; Vital-Lopez et al, 2016
IE09S034	Toxina Bt Cry1Ie	Liang et al, 2018
BZ-136	Enzima betaína aldehído deshidrogenasa	Bai et al, 2019

Tabla 1. Tipo de evento seleccionado y su respectivo rasgo en plantas transgénicas de Maíz

Impacto en los microorganismos

La liberación de toxinas por parte de las plantas transgénicas a través de las raíces ha sido estudiada por su posible impacto sobre la diversidad microbiológica en el suelo, como se ha observado en el maíz transgénico Bt, el cual libera endotoxinas insecticidas que interactúan con los microorganismos provocando cambio en las rutas metabólicas de los mismos para poder degradar o asimilar las toxinas, sin embargo, estas nuevas reacciones no son estudiadas, ya que la mayoría de estos efectos son transitorios o temporales y solo ocurren durante las primeras etapas del crecimiento de la planta transgénica, además, hay autores, los cuales afirman que este cambio en el comportamiento metabólico es independiente a estos exudados, no obstante, hasta el momento no hay ninguna teoría aceptada y se requieren más estudios (Tenoury et al., 2012).

Las diferencias encontradas en la diversidad y abundancia de la población bacteriana entre cultivos transgénicos y los cultivos convencionales, está influenciada por varios factores como la etapa de desarrollo de la planta, el año y el tipo de suelo (Bai et al., 2019; Becker et al., 2014; Cotta et al., 2014; Xie et al., 2017; Zeng et al., 2015; Zhou et al., 2020). Así mismo se ha observado para comunidades de hongos y actinobacterias (Cotta et al., 2013), estas últimas han mostrado un aumento en el maíz transgénicos en las etapas de maduración, mientras que los hongos no han tenido cambios significativos a nivel de filo, pero a nivel de género el hongo *Fusarium* ha disminuido su abundancia. Las diferencias entre ambos grupos causadas por el genotipo de la planta no se han podido evidenciar en años consecutivos y los estudios de una sola

temporada de cultivo pueden generar confusión, por lo que se recomienda hacer una la replicación anual (Szoboszlai et al., 2019).

La etapa de desarrollo de la planta interviene directamente en la estructura de la comunidad microbiana de la rizósfera, ya que los cambios en la cantidad y la calidad de los exudados pueden variar durante las diferentes etapas de crecimiento. Por esta razón se tuvo en cuenta en los estudios la identificación de las poblaciones bacterianas tanto en el maíz transgénico como en el maíz convencional (tabla 3). Por ahora no se han encontrado diferencias significativas en la población microbiana entre ambos grupos, no obstante sí se observaron cambios en los géneros de la población bacteriana en las diferentes etapas de crecimiento, después 30 días de la siembra se identificaron *P. putida*, *P. stutzeri* y *A. denitrificans*, mientras que en la etapa de post cosecha se aislaron únicamente *B. cepacia* y *A. denitrificans* (Bumunang et al., 2013)

Pseudomonas sp., es una bacteria importante para el desarrollo de la planta debido de su capacidad de solubilizar el fósforo, facilitando la absorción del mismo como nutriente, además, se ha evidenciado su relación positiva sobre los cultivos de maíz tradicional, a pesar de esto, al analizar y comparar las comunidades microbianas del maíz transgénico y el maíz tradicional se observa una disminución en la abundancia de este microorganismo, sin embargo, este género es el único que presenta un cambio significativo y con un resultado similares en los diferentes estudios, por lo que muchos autores aseguran que no existen variaciones significativas (Bumunang et al., 2013; Tenoury et al., 2012; Vital-Lopez et al., 2015; Vital-López et al., 2016).

Etapa de desarrollo	Maíz GM	Maíz convencional	Referencias
Plántula	Filo <i>Proteobacteria</i> <i>Actinobacteria</i> <i>Acidobacteria</i> <i>Bacteroidetes</i>	Filo <i>Proteobacteria</i> <i>Actinobacteria</i> <i>Acidobacteria</i> <i>Bacteroidetes</i>	Zhou et al, 2020; Bai et al, 2019; Liang et al, 2018
	Género <i>Pseudomonas putida</i> , <i>Achromobacter denitrificans</i> . <i>Serratia sp.</i> <i>Micrococcus sp</i> , <i>Sinorhizobium sp.</i> <i>Chryseobacterium sp.</i> <i>Rhizobium sp.</i> <i>Pseudomonas sp</i> , <i>Achromobacter sp.</i> <i>Acidovorax sp.</i> <i>Xanthomonas sp.</i> <i>Enterobacter sp.</i> , <i>Microbacterium sp</i> <i>Sphingobacterium sp.</i> , <i>Bacillus sp.</i> <i>Agrococcus sp.</i> <i>Brevibacterium sp.</i> <i>Brevundimonas sp.</i>	Género <i>Pseudomonas stutzeri</i> , <i>Achromobacter denitrificans</i> <i>Pseudomonas sp.</i> <i>Sphingobium sp.</i> <i>Microbacterium sp.</i> <i>Acinetobacter sp.</i> <i>Cupriavidus sp.</i> <i>Bacillus sp.</i> <i>Enterobacter sp</i> <i>Chryseobacterium sp</i> , <i>Rhizobium sp.</i> , <i>Achromobacter sp.</i> , <i>Acidovorax sp.</i> , <i>Xanthomonas sp.</i> , <i>Microbacterium sp</i> <i>Arthrobacter sp.</i> <i>Sphingobacterium sp.</i> , <i>Agrococcus sp.</i> , <i>Brevibacterium sp.</i> <i>Brevundimonas sp</i>	Bumunang et al, 2013; Vital-Lopez et al, 2015
Florescencia	<i>Proteobacteria</i> <i>Acidobacteria</i> <i>Verrucomicrobia</i>	<i>Proteobacteria</i> , <i>Acidobacteria</i> <i>Verrucomicrobia</i>	Zhou et al, 2020; Bai et al, 2019; Liang et al, 2018
Llenado	<i>Proteobacteria</i> . <i>Actinobacteria</i> . Bacteroides Verrucomicrobia Acidobacteria	Proteobacteria. Actinobacteria. Bacteroides Verrucomicrobia Acidobacteria	Zhou et al, 2020;Liang et al, 2018
Post-cosecha	<i>B. cepacia</i> <i>A. denitrificans</i>	<i>B. cepacia</i> <i>A. denitrificans</i>	Bumunang et al, 2013

Tabla 2. Filo y género de los microorganismos de maíz transgénico y no transgénico en relación con la etapa de desarrollo de la planta.

La identificación de las comunidades microbianas representa un reto para determinar alguna variación en la diversidad de las comunidades microbianas, por lo que se debe escoger una técnica donde se puedan detectar pequeños cambios en la estructura de grupos funcionales del suelo. Las técnicas utilizadas se representan en la tabla 3, se encontró que secuenciación de alto rendimiento (HTS) y PCR acoplada con electroforesis en gel con gradiente desnaturizante (PCR DGGE) son las más utilizadas, seguidas de el polimorfismo de longitud de fragmento de restricción terminal (T-RFLP), la técnica de Polimorfismo de Conformación de Cadena Sencilla (SSCP), PCR amplicons y el sistema de identificación API. Sin duda las técnicas moleculares son las más útiles para identificar gran parte de las poblaciones, no obstante, se debe tener en cuenta que los resultados pueden verse afectados por errores durante la toma de la muestra, su transporte y en la extracción de ADN.

Técnica de identificación	Referencias
Polimorfismo de longitud de fragmento de restricción terminal (T-RFLP)	de Becker et al, 2014; Zeng et al, 2015; Vital-López et al, 2015
Secuenciación de alto rendimiento (HTS)	Zhou et al, 2020; Bai et al, 2019; Szoboszlay et al, 2019; Mashiane et al, 2017
PCR acoplada con electroforesis en gel con gradiente desnaturizante (PCR DGGE)	Cotta et al, 2014; Cotta et al, 2013; Ferreira et al, 2014; Mashiane et al, 2017
PCR amplicons	Liang et al, 2018
Sistema de identificación API	Bumunang et al, 2013
técnica de Polimorfismo de Conformación de Cadena Sencilla (SSCP)	Vital-Lopez et al, 2016

Tabla 3. Técnicas de identificación utilizadas para la identificación de comunidades microbianas

Microorganismos endófitos

Dentro de los microorganismos que tienen una relación directa con las plantas se encuentran los endófitos, los cuales son aquellos que colonizan un tejido vegetal sin causarle daño al mismo, estos microorganismos están relacionados al ciclo fenológico de la planta así como a factores bióticos y abióticos, del mismo modo, se han descrito los beneficios que estos ofrecen para la salud vegetal como mejorar la biodisponibilidad de nutrientes, el aumento en la tolerancia al estrés abiótico y el mejoramiento en el rendimiento y calidad en los cultivos (Ferreira Da Silva et al., 2014).

Para el caso del maíz se ha observado que existe diferencias en la diversidad de las microorganismos endófitos entre las plantas transgénicas y no transgénicas, además de diferencias entre los diferentes tipos de plantas transgénicas, pero estas diferencias no se consideran significativas ya que en estos mismos estudios se observa que existe una mayor variabilidad en la diversidad de endófitos entre los diferentes estadios de crecimiento de la planta que entre las especies de las misma (Ferreira Da Silva et al., 2014; Mashiane et al., 2017), a pesar de estos resultados, las diferentes entre las comunidades endófitas de maíz transgénico y no transgénico se deben seguir estudiando para obtener una mayor comprensión de estos; Por otro lado, en Colombia no se han realizados estudios sobre este tema, por lo tanto no se cuenta con datos disponibles.

Impacto en plantas

Otro factor que genera preocupación frente a los cultivos de plantas transgénicas es el impacto que tienen esta sobre las plantas, en especial en dos aspectos, el primero es la generación no deseada de híbridos causada por la polinización entre estas y las especies silvestres y el segundo es la transferencia de genes de resistencia a herbicidas de las plantas transgénicas hacia malezas.

Híbridos no deseados

La generación no deseada de híbridos causada por la polinización entre las plantas transgénicas y las especies silvestres, es muy importante, ya que existen factores como el viento, la fisiología del polen y la geografía de la zona que son imposibles de controlar y debido a que el principal método de polinización de la planta de maíz es la anemofilia, es decir, la polinización mediante el viento, es necesario la separación y utilización de barreras entre los cultivos genéticamente modificados y las especies silvestre, así como una adecuada distancia entre los mismo, como se ha demostrado en diferentes estudios, en donde se reitera la problemática que representa no establecer medidas para garantizar el cuidado de las plantas nativas al introducir transgénicos en el campo y una de estas medidas es la distancia que existe entre dichos cultivos (Carreón-Herrera et al., 2011; Guzmán H et al., 2008).

Por lo anterior, el Instituto Colombiano Agropecuario ha tomado medidas respecto a este tema y ha establecido algunas recomendaciones dentro las cuales se encuentra que la distancia óptima es de 300 metros entre el cultivo transgénico y el no transgénico, no obstante, las evidencias obtenidas en campo, muestra que esta

distancia no se ha aplicado correctamente, ya que se han encontrado secuencias de transgenes en plantas silvestre, como se corrobora en el estudio realizado en El valle de San Juan (Colombia) donde se evidencio que +/- 88% de las parcelas presentaban flujo de genes (Chaparro-Giraldo et al., 2015).

Para concluir, no se ha encontrado un evidente impacto sobre las comunidades microbianas del suelo y los cambios encontrados en las poblaciones de endófitos y en la rizosfera no son significativos, sin embargo estos cambios se deben a la adaptación de los microorganismos a la planta y podrían llegar afectar directamente la absorción y disponibilidad de nutrientes para la misma. Por este motivo, es importante seguir estudiando las interacciones planta transgénica y microorganismos. Por otro lado, se debe ser consciente de la posibilidad de un cruce y posterior generación de híbridos entre el maíz GM y el maíz salvaje, el cual se puede generar por el tipo de polinización del maíz, por lo tanto se deben seguir las recomendaciones establecidas por los expertos y autoridades para proteger el maíz que no ha sido modificado genéticamente y que hace parte de la riqueza, diversidad y patrimonio de los diferentes países.

REFERENCIAS

- Andow, D. A. (2009). Genetically Modified Plants. In V. H. Resh & R. T. Cardé (Eds.), *Encyclopedia of Insects* (Second Edition, pp. 406–410). Elsevier Inc. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-374144-8.00116-8>
- Bai, X., Zeng, X., Huang, S., Liang, J., Dong, L., Wei, Y., Li, Y., Qu, J., & Wang, Z. (2019). Marginal impact of cropping BADH transgenic maize BZ-136 on chemical property, enzyme activity, and bacterial community diversity of rhizosphere soil. *Plant and Soil*, 436(1–2), 527–541. <https://doi.org/10.1007/s11104-019-03941-1>
- Becker, R., Bubner, B., Remus, R., Wirth, S., & Ulrich, A. (2014). Impact of multi-resistant transgenic Bt maize on straw decomposition and the involved microbial communities. *Applied Soil Ecology*, 73, 9–18. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2013.08.002>
- Bumunang, E. W., Babalola, O. O., & Barros, E. (2013). *Bacterial community profiling in the rhizosphere of field grown GM and non-GM maize*. Oriental Scientific Publishing. <https://researchspace.csir.co.za/dspace/handle/10204/6754>
- Carreón-Herrera, N. I., López-Sánchez, H., Gil-Muñoz, A., López, P. A., Gutiérrez-Espinosa, M. A., & Valadez-Moctezuma, E. (2011). Flujo génico entre maíces comercializados por Diconsa y poblaciones nativas en la Mixteca Poblana TT - Gene flow between maize commercialized by Diconsa and native populatios at the Mixteca of Puebla. *Revista mexicana de ciencias*

- agricolas*, 2(6), 939–953. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-09342011000600011&lang=es
- Chaparro-Giraldo, A., Blanco M., J. T., & López-Pazos, S. A. (2015). Evidence of gene flow between transgenic and non-transgenic maize in Colombia TT - Evidencia de flujo de genes entre maíces transgénicos y no transgénicos en Colombia. *Agronomía Colombiana*, 33(3), 297–304. <https://doi.org/10.15446/agron.colomb.v33n3.51505>
- Cotta, S. R., Dias, A. C. F., Marriel, I. E., Gomes, E. A., Van Elsas, J. D., & Seldin, L. (2013). Temporal dynamics of microbial communities in the rhizosphere of two genetically modified (GM) maize hybrids in tropical agrosystems. *Antonie van Leeuwenhoek, International Journal of General and Molecular Microbiology*, 103(3), 589–601. <https://doi.org/10.1007/s10482-012-9843-7>
- Cotta, S. R., Franco Dias, A. C., Marriel, I. E., Andreote, F. D., Seldin, L., & van Elsas, J. D. (2014). Different effects of transgenic maize and nontransgenic maize on nitrogen-transforming archaea and bacteria in tropical soils. *Applied and Environmental Microbiology*, 80(20), 6437–6445. <https://doi.org/10.1128/AEM.01778-14>
- Ferreira Da Silva, D. A., Cotta, S. R., Vollú, R. E., De Jurelevicius, D. A., Marques, J. M., Marriel, I. E., & Seldin, L. (2014). Endophytic microbial community in two transgenic maize genotypes and in their near-isogenic non-transgenic maize genotype. *BMC Microbiology*, 14(1). <https://doi.org/10.1186/s12866-014-0332-1>
- Guzmán H, M., San Vicente G, F., & Díaz M, D. (2008). Flujo de polen entre híbridos tropicales de Maíz de diferente color de endospermo TT - Gene flow between tropical maize hybrids with different endosperm color. *Bioagro*, 20(3), 159–166. http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1316-33612008000300002&lang=es
- Instituto Colombiano Agropecuario - ICA. (2020). <https://www.ica.gov.co/home>
- International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications - ISAAA.org. (2020). <http://www.isaaa.org/>
- Jiménez-Barreto, J., Chaparro-Giraldo, A., Mora-Oberlaender, J., & Vargas-Sánchez, J. E. (2016). Molecular characterization and Freedom to Operate analysis of maize hybrids from genetically modified and Colombian varieties TT - Caracterización molecular y análisis de libertad de operación de híbridos de maíz de variedades colombianas y genéticamente. *Agronomía Colombiana*, 34(3), 309–316. <https://doi.org/10.15446/agron.colomb.v34n3.60350>
- Lee, Y.-E., Yang, S.-H., Bae, T.-W., Kang, H.-G., Lim, P.-O., & Lee, H.-Y. (2011, April). Effects of field-grown genetically modified Zoysia grass on bacterial community structure - PubMed. *J Microbiol Biotechnol*, 333–340. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21532315/>
- Lu, G. H., Zhu, Y. L., Kong, L. R., Cheng, J., Tang, C. Y., Hua, X. M., Meng, F. F., Pang, Y. J., Yang, R. W., Qi, J. L., & Yang, Y. H. (2017). Impact of a glyphosate-tolerant soybean line on the rhizobacteria, revealed by illumina Miseq. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, 27(3), 561–572. <https://doi.org/10.4014/jmb.1609.09008>
- Mandal, A., Sarkar, B., Owens, G., Thakur, J. K., Manna, M. C., Niazi, N. K., Jayaraman, S., & Patra, A. K. (2020). Impact of genetically modified crops on rhizosphere microorganisms and processes: A review focusing on Bt cotton. *Applied Soil Ecology*, 148, 1–12. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2019.103492>
- Mashiane, R. A., Ezeokoli, O. T., Adeleke, R. A., & Bezuidenhout, C. C. (2017). Metagenomic analyses of bacterial endophytes associated with the phyllosphere of a Bt maize cultivar and its isogenic parental line from South Africa. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 33(4), 1–12. <https://doi.org/10.1007/s11274-017-2249-y>
- Passricha, N., Saifi, S. K., Negi, H., Tuteja, R., & Tuteja, N. (2020). Transgenic approach in crop improvement. In N. Tuteja, N. Passricha, R. Tuteja, & S. K. Saifi (Eds.), *Advancement in Crop Improvement Techniques* (pp. 329–350). Elsevier Inc. . <https://doi.org/10.1016/b978-0-12-818581-0.00020-6>
- Szoboszlai, M., Näther, A., Mullins, E., & Tebbe, C. C. (2019). Annual replication is essential in evaluating the response of the soil microbiome to the genetic modification of maize in different biogeographical regions. *PLoS ONE*, 14(12). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0222737>
- Tenoury, P., Laich, F., Porcuna, J., & Jaizme-Vega, M. (2012). *Efecto del cultivo de maíz transgénico sobre la actividad microbiológica del suelo*. <https://www.agroecologia.net/recursos/publicaciones/actas/cd-actas-xcongresoseae/actas/comunicaciones/71-maiz-jaizme.pdf>
- Vital-López, L., Cruz-Hernández, M. A., Fernández-Dávila, S., & Mendoza-Herrera, A. (2016).

- Bacterial diversity in the rhizosphere of a transgenic versus a conventional maize (*Zea mays*) - Diversidad bacteriana en la rizosfera de un maíz (*Zea mays*) transgénico versus otro convencional. *Phyton (Buenos Aires)*, 85(2), 210–217. http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1851-56572016000200006&lang=es
- Vital-Lopez, L., Cruz-Hernandez, M., Fernandez-Davila, S., & Mendoza-Herrera, A. (2015). Diversidad bacteriana en raíces de maíz híbrido convencional y genéticamente modificado. *Phyton (Buenos Aires)*, 84(1), 233–243. http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1851-56572015000100030&lng=es/
- Xie, M., Zhang, Y.-J., Peng, D.-L., Li, Q., Hu, X.-P., & Zhang, Z.-R. (2017). No Significant Impact of Transgenic Cry1Ab/1Ac Cotton on Rhizosphere-Soil Enzyme Activities and Bacterial Communities. *Agronomy Journal*, 109(4), 1271–1279. <https://doi.org/10.2134/agronj2016.10.0618>
- Zeng, H., Tan, F., Shu, Y., Zhang, Y., Feng, Y., & Wang, J. (2015). The Cry1Ab Protein Has Minor Effects on the Arbuscular Mycorrhizal Fungal Communities after Five Seasons of Continuous Bt Maize Cultivation. *PLOS ONE*, 10(12), e0146041. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0146041>
- Zhou, X., Liang, J., Luan, Y., Song, X., & Zhang, Z. (2020). The influence of genetically modified glyphosate-tolerant maize CC-2 on rhizosphere bacterial communities revealed by miseq sequencing. *Plant, Soil and Environment*, 66(8), 387–394. <https://doi.org/10.17221/216/2020-PSE>