



*Ministerio de Agroindustria*  
*Secretaría de Alimentos y Bioeconomía*

ANEXO III

## **SEGUNDA FASE DE EVALUACIÓN DOCUMENTO DE DECISIÓN**

**Soja (*Glycine max* (L.) Merr) genéticamente modificada (GM) DBN-Ø9ØØ4-6, que confiere tolerancia a herbicidas formulados en base a glifosato y glufosinato de amonio. La solicitud fue presentada por el Instituto de Agrobiotecnología Rosario S.A. El presente Documento de Decisión incluye a la soja GM DBN-Ø9ØØ4-6, y a toda la progenie derivada de los cruzamientos de este material con cualquier soja no GM.**

A partir del análisis de la información presentada por el solicitante y del conocimiento científico disponible, los suscriptos, miembros de la Comisión Nacional Asesora de Biotecnología Agropecuaria (CONABIA) y de la Dirección de Biotecnología acuerdan en dar por finalizada la Segunda Fase de Evaluación de la soja GM DBN-Ø9ØØ4-6. De esta evaluación, se concluye que los riesgos de bioseguridad derivados de la liberación de la mencionada soja GM al agroecosistema, en cultivo a gran escala, no difieren significativamente de los inherentes al cultivo de soja no GM.

La soja GM DBN-Ø9ØØ4-6 ha sido ensayado a campo en Argentina desde 2013 hasta 2017 y para tal fin fueron evaluadas por la CONABIA 8 (ocho) solicitudes de permisos para experimentación y/o liberación confinada al agroecosistema que han cumplido con la normativa vigente para los Organismos Vegetales Genéticamente Modificados (OVGM), y han sido autorizadas por la Secretaría de Agricultura, Ganadería y Pesca (SAGyP) y por la Secretaría de Agregado de Valor.

El presente Documento de Decisión incluye a la soja GM DBN-Ø9ØØ4-6 y a toda la progenie derivada de los cruzamientos de este material con cualquier soja no GM.

### **I. CARACTERIZACIÓN DEL ORGANISMO VEGETAL GENÉTICAMENTE MODIFICADO (OVGM)**

- 1. Nombre común y científico:** Soja (*Glycine max* (L.) Merr.)
- 2. Denominación del evento:** DBN-Ø9ØØ4-6
- 3. Fenotipo aportado por las modificaciones genéticas introducidas**



*Ministerio de Agroindustria  
Secretaría de Alimentos y Bioeconomía*

El evento de soja DBN-Ø9ØØ4-6 confiere tolerancia a los herbicidas formulados en base a glifosato y glufosinato de amonio, otorgada por los productos de expresión de los genes *cp4 epsps* (CP4 EPSPS) y *pat* (PAT), respectivamente.

Las actividades biológicas de las proteínas CP4 EPSPS y PAT se comprobaron en ensayos a campo de dosis-respuesta (campañas 2012 y 2016 en tres localidades de China), aplicando los dos herbicidas por separado: uno formulado en base a glifosato y el otro a glufosinato de amonio. En ambos casos, se comparó el nivel de daño entre el evento DBN-Ø9ØØ4-6 y su contraparte convencional.

Asimismo en Argentina, dicho fenotipo quedó confirmado durante el estudio de composición centesimal (Sección II, 4.) y de comportamiento agrofenotípico (Sección II, 5.1.).

### **3.1. Modo de acción de los herbicidas**

El glufosinato de amonio inhibe la actividad de la enzima glutamino sintetasa, compitiendo con el glutamato (sustrato natural) por el sitio activo, lugar donde ocurre la condensación de glutamato con amoníaco para dar glutamina. Esta inhibición evita la síntesis de L-glutamina, que no sólo es un precursor químico importante para la síntesis de ácidos nucleicos y proteínas, sino que además funciona como mecanismo para la incorporación de amoníaco en plantas. El tratamiento con glufosinato de amonio provoca la acumulación de amoníaco y el cese de la fotosíntesis en las especies blanco.

El glifosato inhibe la enzima cloroplástica 5-enolpiruvil shikimato-3-fosfato sintasa (EPSPS), la cual se encuentra involucrada en la ruta bioquímica del corismato y compuestos derivados (aminoácidos aromáticos, entre otros). De esta manera, el tratamiento con glifosato priva a las plantas de aminoácidos esenciales y de metabolitos secundarios, como el tetrahidrofolato, la ubiquinona y la vitamina K, necesarios para el crecimiento y normal desarrollo de las especies blanco.

### **3.2. Mecanismo de acción de los productos de expresión**

La enzima fosfinotricina acetil transferasa (PAT) confiere tolerancia a los herbicidas formulados en base a glufosinato de amonio ya que cataliza específicamente la acetilación de este sustrato en su extremo N-terminal, transformándolo en una molécula inactiva como herbicida. Asimismo, es importante señalar que la enzima PAT es altamente específica, y por



*Ministerio de Agroindustria  
Secretaría de Alimentos y Bioeconomía*

tanto, no presenta afinidad por el glutamato, cuya estructura es similar al glufosinato de amonio.

La proteína CP4 EPSPS, aportada por el evento DBN-Ø9ØØ4-6, es homóloga a la EPSPS del maíz (y otras plantas y microorganismos). Sin embargo, a diferencia de la enzima endógena, posee mayor afinidad por el sustrato fosfoenolpiruvato que por el herbicida glifosato. De esta forma, su expresión en la soja permite que la síntesis de aminoácidos aromáticos y del corismato continúe en presencia del glifosato, confiriéndole tolerancia al herbicida.

#### 4. Modificaciones genéticas introducidas

##### 4.1. Método de obtención del OVGM

El evento DBN-Ø9ØØ4-6 ha sido obtenido por transformación mediada por *Agrobacterium tumefaciens*.

##### 4.2. Secuencias introducidas

A continuación, se detallan los elementos presentes en el inserto según su disposición en el evento DBN-Ø9ØØ4-6.

Elemento genético	Descripción	Función en el OVGM
<i>bNRB</i> : borde derecho	Secuencias requeridas por <i>Agrobacterium tumefaciens</i> para la transferencia de secuencias de ADN al genoma vegetal	Sin función
prGm17gTsf1	Promotor de la transcripción del factor de elongación EF1- $\alpha$	Promotor de la transcripción del gen cEPSPS
spAtCTP2	Secuencia que codifica para el péptido de tránsito a cloroplasto	Dirige la proteína CP4 EPSPS al cloroplasto
<i>cp4 EPSPS</i>	Secuencia codificante de la enzima 5-enolpiruvil shikimato-3-fosfato sintasa	Confiere tolerancia al glifosato
tPsE9	Secuencia de terminación transcripcional de la subunidad pequeña de Rubisco	Terminador de la transcripción de cEPSPS
pr35s	Promotor constitutivo del genoma del <i>Virus del Mosaico de la Coliflor</i>	Promotor de la transcripción de cPAT



Ministerio de Agroindustria  
Secretaría de Alimentos y Bioeconomía

<i>cPAT</i>	Secuencia codificante de la fosfinotricina-N-acetiltransferasa	Otorga tolerancia al glufosinato
t35s	Terminador de la transcripción del <i>Virus del Mosaico de la Coliflor</i>	Terminador de la transcripción de cPAT
<i>bNLB</i> : borde izquierdo	Secuencias requeridas por <i>Agrobacterium tumefaciens</i> para la transferencia de secuencias de ADN al genoma vegetal.	Sin función

#### 4.3. Número de copias, integridad y/o rearrreglos dentro de los insertos

La caracterización molecular confirmó que los genes y sus secuencias regulatorias, así como los elementos adicionales detallados en el punto 4.2., se encuentran formando parte de un único inserto, presente en una sola copia y que reside en un *locus* único en el genoma de la soja DBN-Ø9ØØ4-6. Su inserción e integridad fue verificada mediante análisis de *Southern blot*, así como también por técnicas clásicas de PCR (*Polymerase Chain Reaction*) y posterior secuenciación.

El alineamiento de las secuencias del inserto con las secuencias correspondientes en el plásmido de origen (*pSY4003*) mostró que éstas, así como también la organización y disposición de los elementos genéticos, se conservaron luego de la inserción. Además, se confirmó la ausencia de secuencias estructurales del vector por *Southern blot*.

#### 4.4. Regiones flanqueantes a los insertos

Con el objetivo de estudiar las secuencias de ADN flanqueantes a los extremos 5' y 3' del inserto en la soja DBN-Ø9ØØ4-6, se llevó a cabo un análisis bioinformático detallado. Para tal fin, se contrastó la secuencia nucleotídica flanqueante al sitio de inserción del genoma y la secuencia aminoacídica resultante de su traducción en los seis marcos de lectura posibles contra bases de datos públicas disponibles en el sitio *web* de NCBI, por medio de los programas BLAST-n y BLAST-x (versión 2.2.21), respectivamente. Los resultados evidenciaron que no se han interrumpido genes endógenos y/o elementos regulatorios en el genoma de la soja convencional producto de la inserción.

Asimismo, los alineamientos de las secuencias flanqueantes 5' y 3' con aquella del genoma de la soja convencional demuestran que el inserto se encuentra en el cromosoma



*Ministerio de Agroindustria*  
*Secretaría de Alimentos y Bioeconomía*

13. Además, revelan que, como consecuencia del proceso de integración, se produjo la delección de un fragmento de 1545 pb correspondiente a una región intergénica.

Por tanto, los resultados obtenidos indican que resulta improbable que la presencia del inserto en el genoma de la soja tenga consecuencias biológicas adversas para el huésped.

## **5. Métodos de detección**

La presencia del evento DBN-Ø9ØØ4-6 puede ser determinada molecularmente mediante la técnica de PCR utilizando secuencias de oligonucleótidos específicos para el evento y analizando cualquier tipo de muestra que contenga ADN de esta soja GM con un mínimo grado de integridad que permita su amplificación.

## **II. EVALUACIÓN DE RIESGO**

### **1. Estabilidad genética y fenotípica**

La estabilidad genética del ADN insertado en el evento DBN-Ø9ØØ4-6 se verificó mediante estudios de *Southern blot*, a lo largo de cuatro generaciones. Además, mediante una prueba de Chi-cuadrado, se comparó la proporción de segregantes positivos y negativos observadas con las esperadas de acuerdo con los principios mendelianos de herencia en dos generaciones (F2 y F3). Para tal fin, se identificaron las secuencias de los genes *cp4epsps* y *pat* por la técnica de PCR en ambas generaciones. Este análisis de segregación demostró que, de acuerdo a lo esperado para un inserto integrado en un único *locus* de forma estable, los genes *cp4epsps* y *pat* se transfieren a la progenie siguiendo un patrón mendeliano simple. La estabilidad fenotípica del evento DBN-Ø9ØØ4-6 se comprobó en los ensayos de dosis-respuesta (Sección I, 3.), de composición centesimal (Sección II, 4.) y de comportamiento agrofenotípico (Sección II, 5.1.).

### **2. Productos de expresión de las secuencias introducidas**

Durante las campañas 2016/2017, se llevaron a cabo ensayos a campo en tres localidades de Argentina que representan las principales áreas de producción de soja y las diversas condiciones ambientales bajo las cuales se siembra este cultivo, con el objetivo de



Ministerio de Agroindustria  
Secretaría de Alimentos y Bioeconomía

evaluar los niveles de expresión de las proteínas CP4 EPSPS y PAT en el evento DBN-Ø9ØØ4-6 (ver Tabla 1 y 2).

Se analizaron diferentes muestras provenientes del mencionado evento, en distintos estadios del ciclo del cultivo: semilla (R8) y hoja (R3/R4). La cuantificación de ambas proteínas se realizó mediante ensayos de inmunoabsorción ligado a enzimas (ELISA, del inglés *Enzyme-Linked Immunosorbent Assay*) y kits específicos disponibles comercialmente. Los resultados fueron expresados en microgramos ( $\mu\text{g}$ ) de proteína por gramo (g) de peso fresco y se indicaron como los valores promedio (y desvío estándar) a través de las tres localidades.

**Tabla 1.** Resumen de los niveles de expresión de la proteína PAT en la soja DBN-Ø9ØØ4-6.

Nivel de expresión de PAT en soja DBN-Ø9ØØ4-6 ( $\mu\text{g/g}$ PF $\pm$ EE)			
Sitio	Tratamiento	Tejido	
		Hoja	Semilla
RLD	1	0,14 $\pm$ 0,01	0,18 $\pm$ 0,02
	2	0,10 $\pm$ 0,00	0,36 $\pm$ 0,02
	3	0,14 $\pm$ 0,01	0,54 $\pm$ 0,01
	4	0,44 $\pm$ 0,01	0,31 $\pm$ 0,02
PNO	1	1,40 $\pm$ 0,05	0,44 $\pm$ 0,03
	2	1,10 $\pm$ 0,02	0,48 $\pm$ 0,04
	3	0,79 $\pm$ 0,10	0,61 $\pm$ 0,07
	4	1,38 $\pm$ 0,03	0,54 $\pm$ 0,04
RLA	1	0,82 $\pm$ 0,06	0,18 $\pm$ 0,01
	2	0,86 $\pm$ 0,09	0,42 $\pm$ 0,02
	3	0,78 $\pm$ 0,07	0,41 $\pm$ 0,04
	4	0,40 $\pm$ 0,04	0,26 $\pm$ 0,01

RLD: Roldán; PNO: Pergamino; RLA: Rafaela

1: Sin herbicida; 2: Glufosinato; 3: Glifosato; 4: Glufosinato + Glifosato

PF: Peso fresco; EE: Error Estándar

Fuente de la Tabla 1: Instituto de Agrobiotecnología Rosario S.A. (INDEAR)



Ministerio de Agroindustria  
Secretaría de Alimentos y Bioeconomía

**Tabla 2.** Resumen de los niveles de expresión de la proteína CP4 EPSPS en la soja DBN-Ø9ØØ4-6.

Nivel de expresión de CP4 EPSPS en soja DBN-Ø9ØØ4-6 (µg/g PF ± EE)			
Sitio	Tratamiento	Tejido	
		Hoja	Semilla
PNO	1	104,0 ± 4,2	170,3 ± 3,2
	2	117,3 ± 2,1	167,8 ± 5,4
	3	111,9 ± 1,0	174,0 ± 3,6
	4	108,5 ± 1,7	206,0 ± 3,2
ARS	1	126,6 ± 2,1	239,8 ± 3,4
	2	132,3 ± 2,6	95,4 ± 1,0
	3	120,8 ± 2,6	214,9 ± 3,7
	4	126,0 ± 4,0	88,7 ± 2,8
RLD	1	119,7 ± 1,9	111,2 ± 3,2
	2	108,3 ± 3,1	118,3 ± 4,1
	3	119,9 ± 4,1	133,2 ± 6,6
	4	129,9 ± 4,9	119,9 ± 5,2

PNO: Pergamino; ARS: Arias; RLD: Roldán  
1: Sin herbicida; 2: Glufosinato; 3: Glifosato; 4: Glufosinato + Glifosato  
PF: Peso fresco; EE: Error Estándar

Fuente de la Tabla 2: Instituto de Agrobiotecnología Rosario S.A. (INDEAR)

El valor más alto de la expresión de la proteína PAT en el evento DBN-Ø9ØØ4-6 medido en semilla fue de 0,61 µg/g de peso fresco (PF) y en hoja 1,40 µg/g PF (Tabla 1). Por otro lado, el mayor nivel de expresión de CP4 EPSPS en el evento DBN-Ø9ØØ4-6 fue de 239,8 µg/g PF en semilla, y 132,3 µg/g PF en hoja (Tabla 2). Los estudios confirman, además, la expresión de ambas proteínas en hojas y semillas y en niveles independientes del tratamiento que se decida utilizar.



*Ministerio de Agroindustria*  
*Secretaría de Alimentos y Bioeconomía*

### **3. Análisis del potencial tóxico o alergénico**

#### **3.1. Productos de expresión**

##### **PAT**

La proteína PAT presente en el evento DBN-Ø9ØØ4-6, es homóloga a aquella expresada en la acumulación de eventos IND-10003-4 x IND-10015-7, que ha sido aprobada en diciembre del 2017 para su liberación comercial. A partir del análisis bioinformático presentado en su evaluación de riesgo, se concluyó que no hay homología entre la secuencia de la proteína PAT con alérgenos y toxinas conocidas.

##### **CP4 EPSPS**

La proteína CP4 EPSPS presente en el evento DBN-Ø9ØØ4-6, es homóloga a aquella expresada en la acumulación de eventos MON-ØØ179-5 x MON-ØØ1Ø1-8, que ha sido aprobada en junio del 2018 para su liberación comercial. A partir del análisis bioinformático presentado en su evaluación de riesgo, se concluyó que no hay homología entre la secuencia de la proteína CP4 EPSPS con alérgenos y toxinas conocidas.

#### **3.2. Nuevos péptidos hipotéticos**

Se estudió la presencia de nuevos marcos abiertos de lectura y/o péptidos hipotéticos que se hubiesen generado como consecuencia del proceso de integración en el evento DBN-Ø9ØØ4-6 y se evaluó su potencial de alergenicidad y toxicidad. Para tal fin, se realizó el análisis bioinformático sobre una secuencia que comprende el inserto y 200 pb en las regiones flanqueantes 5' y 3'. Para detectar marcos de lectura abiertos, se examinó la presencia de codones de inicio y terminación de la transcripción, usando un *script* local desarrollado usando las herramientas BioPython. Se consideraron para el análisis todos los péptidos de ocho o más aminoácidos.

El análisis bioinformático indicó la existencia de 78 péptidos putativos con longitudes de ocho hasta 531 aminoácidos. Sin embargo, no se encontraron similitudes significativas entre la secuencia de aminoácidos de los péptidos hipotéticos con alérgenos y toxinas conocidas presentes en las bases de datos FARRP, versión 16 (AllergenOnLine), y ATDB (Animal Toxin Data Base), respectivamente.





*Ministerio de Agroindustria  
Secretaría de Alimentos y Bioeconomía*

Los resultados del análisis bioinformático señalan que aún en el improbable caso de que cualquiera de los polipéptidos hipotéticos codificados por la secuencia de los insertos y la secuencia del ADN genómico flanqueante de la soja GM resultaran traducidos, éstos no poseen similitud o identidad de secuencias con alérgenos o toxinas. Por ende, no existen evidencias para inferir que éstos puedan resultar alergénicos o tóxicos.

#### **4. Composición centesimal del OVG**

Se realizaron estudios composicionales comparativos a partir de muestras del evento DBN-Ø9ØØ4-6 (con y sin aplicación de herbicidas) y de su contraparte convencional obtenidas de ensayos a campo realizados en tres localidades de Argentina durante campaña 2015-2016. Además, con el objeto de analizar los resultados en el contexto de la variabilidad natural del cultivo de soja, se incluyeron cinco variedades comerciales como material de referencia. Se determinaron los niveles de proximales (humedad, lípidos totales, proteínas, carbohidratos y cenizas), fibras (fibra cruda, fibra detergente ácida, fibra detergente neutra), aminoácidos, ácidos grasos, minerales, vitaminas, antinutrientes (ácido fítico, inhibidor de tripsina, rafinosa y estaquiosa) e isoflavonas (genisteína, daiceína y gliciteína) en grano (R8) y proximales, fibras, calcio y fósforo en forraje (R3).

Se efectuó un análisis estadístico interlocalidades e intralocalidades. Por un lado, para aquellas características que denotaron interacción genotipo-ambiente (ácido aspártico, cisteína, lisina, fenilalanina y proteína), sólo se consideró el análisis intralocalidades. Por otro lado, para los parámetros restantes que no mostraron dicha interacción, se consideró también el análisis interlocalidades.

Se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre DBN-Ø9ØØ4-6 (con y sin aplicación de herbicidas) y su contraparte convencional para algunos analitos en muestras de grano. Los valores promedios de DBN-Ø9ØØ4-6 estuvieron dentro del rango de variedades de referencia y/o de la literatura científica a excepción de los de la fenilalanina que se encontraron levemente por debajo del límite inferior. Sin embargo, este último caso no derivó en ninguna hipótesis de riesgo ambiental. Por lo tanto, se concluye que las diferencias observadas no son biológicamente relevantes. Asimismo, no se observaron diferencias estadísticamente significativas para los componentes analizados en las muestras de forraje. Estos resultados se consideran indicativos de la ausencia de efectos no esperados producto de la transformación genética.



Ministerio de Agroindustria  
Secretaría de Alimentos y Bioeconomía

## 5. Potencial para producir impactos en el agroecosistema

### 5.1. Comportamiento agrofenotípico

Se realizaron estudios agrofenotípicos comparativos entre el evento DBN-Ø9ØØ4-6 (con y sin aplicación de herbicidas) y su contraparte convencional en cinco localidades de Argentina durante la campaña 2015-2016, bajo diversas condiciones ambientales. Además, con el objeto de analizar los resultados en el contexto de la variabilidad natural del cultivo de soja, se incluyeron 10 variedades comerciales como material de referencia. Los parámetros evaluados fueron: días al 50% de emergencia, stand inicial y final de plantas, vigor de plántulas, altura de plántula en V2-V3, altura final en R8, días a 50% de floración, días a 50% de madurez, vuelco de plantas, dehiscencia de vainas, humedad del grano, peso de 1000 semillas, rendimiento, susceptibilidad a plagas y enfermedades.

Se efectuó un análisis estadístico interlocalidades e intralocalidades. Por un lado, para aquellas características que denotaron interacción genotipo-ambiente (stand inicial, vigor de plántulas, altura de plántula en V2-V3, altura final en R8, días al 50% de floración, vuelco de plantas, humedad del grano y rendimiento), sólo se consideró el análisis intralocalidad. Por otro lado, para los parámetros que no mostraron dicha interacción (días a 50% de emergencia, días al 50% madurez, dehiscencia de las vainas, peso de 1000 semillas y stand final), se consideró también el análisis interlocalidades.

En el análisis estadístico interlocalidades, no se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre el evento DBN-Ø9ØØ4-6 y su contraparte convencional. A su vez, en el análisis intralocalidades, se puede observar que ocho de los parámetros contemplados en él mostraron diferencias estadísticamente significativas, aunque las mismas no estuvieron presentes en todas las localidades, y, además, se encontraron dentro de la variabilidad natural del cultivo de soja.

Por otro lado, el estudio sobre la interacción simbiótica con *Bradyrhizobium japonicum*, en el que se midió número de nódulos, peso seco de nódulos, peso seco del vástago y total biomasa seca, indicó que el evento DBN-Ø9ØØ4-6 se comporta de manera equivalente a la contraparte convencional.

Por lo expuesto, se concluye que el evento DBN-Ø9ØØ4-6 presenta un comportamiento agrofenotípico esperado. Por lo tanto, no hay evidencias que sugieran que existen efectos no intencionales que puedan resultar en un riesgo para el agroecosistema.



*Ministerio de Agroindustria  
Secretaría de Alimentos y Bioeconomía*

## **5.2. Capacidad de supervivencia, establecimiento y diseminación**

Se llevó a cabo un estudio de poder germinativo sobre las semillas del evento DBN-Ø9ØØ4-6 (provenientes de dos localidades de Argentina) utilizando el protocolo de la Asociación de Analistas Oficiales de Semillas (AOSA), el cual recomienda una alternancia de temperaturas 20°C/30°C (20°C por 16 hs y 30°C por 8 hs).

Si bien se encontraron diferencias estadísticamente significativas para las categorías "duras" e "imbibidas y firmes", entre los porcentajes de semillas del evento DBN-Ø9ØØ4-6 y los de su contraparte convencional, las mismas no fueron consistentes entre tratamientos y localidades. A su vez, los valores medios del evento DBN-Ø9ØØ4-6 se encontraron dentro de la variabilidad natural del cultivo de soja.

Por lo tanto, se concluye que los genes cuya expresión determinan el fenotipo de tolerancia a herbicidas formulado en base a glifosato y a glufosinato de amonio sólo confieren una ventaja selectiva a la soja GM cuando se la expone a los herbicidas ya mencionados, pero ello no es suficiente para que la planta adquiera características de maleza.

## **5.3. Potencial para la transferencia horizontal o intercambio de genes del OVGM con otros organismos**

La biología reproductiva del evento DBN-Ø9ØØ4-6 no es diferente a la de la soja no GM; además no existen en el país especies cultivables ni silvestres sexualmente compatibles con este cultivo.

A partir de la literatura científica disponible hasta el momento, se sabe que no existen casos de transferencia horizontal desde soja hacia microorganismos, vectores virales o insectos. Por lo tanto, no existen razones para suponer que esta característica haya cambiado en el evento DBN-Ø9ØØ4-6.

Por otro lado, las características del evento DBN-Ø9ØØ4-6, al igual que cualquier otra soja no GM, determinan que es improbable que pueda transferirse material genético desde los alimentos hacia los consumidores o los microorganismos presentes en su tracto digestivo, como consecuencia de su ingesta. Asimismo, la acción degradadora de las enzimas digestivas sobre los ácidos nucleicos ingeridos con los alimentos y fundamentalmente la ausencia de elementos de conjugación, transposición u otras formas de movilización que



*Ministerio de Agroindustria*  
*Secretaría de Alimentos y Bioeconomía*

favorezcan la transferencia de genes desde el organismo en cuestión hacia otros organismos, hace que esto sea aún menos probable.

#### **5.4. Patogenicidad para otros organismos**

La soja es reconocida como una planta no patógena para otros organismos, esta característica no se encuentra alterada en la soja GM presente en este documento.

Por otro lado, si bien algunos de los elementos genéticos contenidos en el evento de soja DBN-Ø9ØØ4-6 provienen de fitopatógenos, no se encuentran presentes en dicho evento secuencias que confieran las correspondientes características patogénicas de los organismos de los que provienen, careciendo por lo tanto este evento de riesgos de patogenicidad.



República Argentina - Poder Ejecutivo Nacional  
2018 - Año del Centenario de la Reforma Universitaria

**Hoja Adicional de Firmas**  
**Informe gráfico**

**Número:**

**Referencia:** DD CONABIA SOJA Ø9ØØ4-6

---

El documento fue importado por el sistema GEDO con un total de 12 pagina/s.