

**EVALUACIÓN DE RIESGOS EN BIOSEGURIDAD (ERB)
COMITÉ DE ARTICULACIÓN INSTITUCIONAL (CAI)**

**GRUPO AD HOC SOBRE ORGANISMOS NO BLANCO
Talleres de Trabajo 2024**

El grupo *Ad hoc* de Organismos no Blanco está integrado por evaluadores de las siguientes instituciones: MGAP, INASE e INIA cuyos curriculum vitae se encuentran disponibles en la Secretaría del Sistema Nacional de Bioseguridad.

Se estudian los riesgos asociados a la autorización de uso para investigación del evento de Soja MON 94313

CARACTERÍSTICAS INTRODUCIDAS

Característica/s que se espera que presente el OVGM:

La soja con el evento MON 94313 fue modificada genéticamente para tolerar los herbicidas dicamba, glufosinato, 2,4-D y mesotriona.

La tolerancia a estos herbicidas se logra expresando las proteínas:

1. PAT (codificada por el gen de fosfinotricina N-acetiltransferasa (*pat*) de *Streptomyces viridochromogenes*) que confiere tolerancia a herbicidas a base de glufosinato de amonio;
2. dicamba monooxigenasa (DMO) (codificada por un gen de demetilasa (*dmo*) de *Stenotrophomonas maltophilia*) que confiere tolerancia al herbicida dicamba;
3. FT_T.1 (FOPs y 2,4-D dioxigenasa) (codificada por una versión modificada del gen R-2,4-diclorofenoxipropionato dioxigenasa (*RdpA*) de *Sphingobium herbicidavorans*) que confiere tolerancia al herbicida 2,4-D; y
4. tricetona dioxigenasa (TDO) (codificada por el gen *TDO* de *Oryza sativa*) que confiere tolerancia al herbicida mesotriona.

Modo de acción de las proteínas y análisis de riesgo sobre organismos no blanco

La proteína PAT ya ha sido autorizada en el Uruguay en varios eventos y se usa ampliamente a nivel nacional e internacional sin haberse constatado ningún efecto negativo o nueva información que modifique el riesgo para organismos no blanco oportunamente determinado.

La proteína DMO cataliza la desmetilación del dicamba, transformándolo en una forma menos activa que no es tóxica para la planta transgénica, permitiendo que las plantas que expresan el gen *dmo* toleren la aplicación de dicamba sin sufrir daños. *S. maltophilia* es una bacteria saprofita que se encuentra comúnmente en el suelo, donde juega un papel en la degradación de materia orgánica y compuestos químicos. La función de la DMO es altamente específica para el herbicida dicamba. No hay evidencia de que la DMO interactúe con otros compuestos presentes en el suelo o el agua, lo que reduce la probabilidad de

efectos no deseados en el ambiente. Además, la enzima DMO es una proteína intracelular y como tal se espera que se degrade rápidamente en el suelo y el agua por la acción de microorganismos y condiciones ambientales, lo que limita su persistencia ambiental.

La proteína FT_T.1 es producto de una versión modificada del gen que codifica la enzima RdpA de la bacteria *Sphingobium herbicidavorans*. Esta modificación permite que la proteína se exprese en plantas transgénicas y degrade más eficazmente el herbicida 2,4-D. La bacteria *S. herbicidavorans* se encuentra en el suelo y es conocida por su capacidad de degradar compuestos herbicidas, como el 2,4-D y otros fenoxiderivados. El gen que codifica esta enzima ya ha sido aprobado en Uruguay en otros eventos transgénicos y continúa considerándose que la proteína no tiene efectos adversos significativos en el ambiente.

La proteína TDO se expresa en este evento de soja a partir de la introducción de una versión modificada del gen *HIS1* (HPPD INHIBITOR SENSITIVE 1) presente constitutivamente en el arroz. La enzima TDO expresada en soja GM convierte rápidamente el mesotrione en compuestos no inhibitorios en el punto de aplicación, que luego se catabolizan en compuestos similares a clases conocidas de metabolitos secundarios de las plantas.

La evidencia disponible no indica que la expresión de estas proteínas en la soja GM provoque efectos adversos sobre organismos no blanco, como insectos benéficos o microorganismos del suelo. Dado el modo de acción específico de estas proteínas y su presencia en organismos ubicuos en la naturaleza (principalmente bacterias, o plantas en el caso de TDO), no hay evidencias de que este OGM genere impactos negativos en organismos no blanco. Por lo tanto, se considera que la caracterización del riesgo en este caso es: BAJO.