

**SEGUNDA FASE DE EVALUACIÓN**  
**DOCUMENTO DE DECISIÓN**  
**ANÁLISIS DE RIESGO SOBRE EL AGROECOSISTEMA**

Maíz (*Zea mays* L.) genéticamente modificado (GM) DP-91Ø521-2, que confiere protección frente a ciertos insectos lepidópteros y tolerancia al herbicida glufosinato de amonio. La solicitud fue presentada por Corteva Agriscience Argentina S.R.L.

A partir del análisis de la información presentada por la entidad solicitante y del conocimiento científico disponible, quienes suscriben, integrantes de la Comisión Nacional Asesora de Biotecnología Agropecuaria (CONABIA) y la Coordinación de Innovación y Biotecnología, acuerdan en dar por finalizado el Análisis de Riesgo (Segunda Fase de Evaluación) del maíz DP-91Ø521-2.

El presente Documento de Decisión incluye al maíz DP-91Ø521-2 y a toda la progenie derivada de los cruzamientos de este material con cualquier maíz no GM.

**Sección I. CARACTERIZACIÓN DEL ORGANISMO GENÉTICAMENTE MODIFICADO VEGETAL**

- 1. Nombre común y científico:** Maíz (*Zea mays* L.)
- 2. Denominación del evento:** DP-91Ø521-2
- 3. Fenotipo aportado por las modificaciones genéticas introducidas**

El evento DP-91Ø521-2 confiere protección frente a ciertos insectos lepidópteros otorgada por el producto de expresión del gen *cry1B.34* y tolerancia al herbicida glufosinato de amonio otorgada por el producto de expresión del gen *mo-pat*. También está presente el gen *pmi*, utilizado para la selección del evento durante su desarrollo.

### 3.1. Mecanismo de acción del producto de expresión

La proteína Cry1B.34 está codificada por el gen *cry1B.34*, un gen quimérico compuesto por secuencias de un gen de clase *cry1B*, el gen *cry1Ca1* y el gen *cry9Db1*, todos derivados de *Bacillus thuringiensis*.

La proteína Cry1B.34 pertenece a la familia de proteínas Cry (cristal) que poseen una estructura de tres dominios completamente conservada que demuestran una toxicidad específica para los insectos y los nematodos. Una vez ingeridos, estos cristales se solubilizan en el intestino medio, las toxinas se activan proteolíticamente y se unen a receptores específicos ubicados en la membrana de la célula intestinal del nematodo o del insecto, lo que conduce a la ruptura de las células y posterior muerte. La superficie epitelial del tracto gastrointestinal de los mamíferos, incluidos los humanos, carecen de receptores específicos de proteínas Cry.

La proteína PAT confiere tolerancia al ingrediente activo del herbicida glufosinato de amonio. El glufosinato se asemeja químicamente al aminoácido glutamato y actúa para inhibir una enzima llamada glutamina sintetasa, que participa en la síntesis de glutamina. Asimismo, la glutamina sintetasa también está involucrada en la desintoxicación de amoníaco. Debido a su similitud con el glutamato, el glufosinato bloquea la actividad de la glutamina sintetasa, lo que da como resultado una reducción de los niveles de glutamina y un aumento correspondiente en las concentraciones de amoníaco en los tejidos de las plantas, lo que provoca la alteración de la membrana celular y el cese de la fotosíntesis, lo que conduce a la muerte de la planta. La proteína PAT confiere tolerancia a los herbicidas a base de glufosinato de amonio al acetilar la fosfotricina, un isómero del glufosinato de amonio, detoxificando así el herbicida.

La proteína PMI cataliza la interconversión reversible entre manosa-6-fosfato y fructosa-6-fosfato. La manosa es fosforilada por la hexocinasa a manosa-6-fosfato y, en presencia de PMI, entra en la vía glucolítica luego de la isomerización a fructosa 6-fosfato. En ausencia de PMI, la manosa-6-fosfato es acumulada en las células vegetales e inhibe la glucólisis; además, los altos niveles de manosa pueden generar otros impactos en la fotosíntesis y la producción de ATP. Sin embargo, en presencia de PMI, las células vegetales pueden sobrevivir en medios que contienen manosa como fuente de carbono, lo que permite utilizar PMI como marcador de selección

## 4. Modificaciones genéticas introducidas

### 4.1. Método de obtención del OGM VEGETAL

El evento DP-91Ø521-2 fue desarrollado por integración específica del sitio (SSI) usando dos pasos de transformación secuencial para (1) insertar una secuencia de sitio de integración (denominada secuencia de "plataforma de aterrizaje" (*landing pad*) en una ubicación específica del genoma del maíz usando biolística (bombardeo con microproyectiles), y (2) insertar los cassettes de expresión pretendidos de la región del fragmento de recombinación del plásmido PHP79620 en la plataforma de aterrizaje del genoma del maíz usando nuevamente el método de transformación de bombardeo con microproyectiles. Después de cada paso de transformación, se seleccionó una línea que contenía solo la inserción prevista sin secuencias no deseadas.

### 4.2. Secuencias introducidas

A continuación, se detallan los elementos presentes en el inserto según su disposición en el evento DP-91Ø521-2

Elemento genético	Descripción / Función en el OGM VEGETAL
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
loxP	Sitio de recombinación bacteriófago P1 reconocido por Cre recombinasa
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
Promotor ubiZM1	Región promotora del gen <i>ubiquitina 1</i> de <i>Zea mays</i> (maíz)
ubiZM1 5'UTR	Región 5'no traducible del gen <i>ubiquitina 1</i> de <i>Zea mays</i>
Intrón ubiZM1	Región intrón del gen <i>ubiquitina 1</i> de <i>Zea mays</i>
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
FRT1	Sitio objetivo de recombinación de la flipasa de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
pmi	Gen fosfomanosa isomerasa de <i>Escherichia coli</i> incluyendo las regiones no traducidas 5' y 3' (UTR)
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
Terminador pinII	Región terminadora del gen proteínasa inhibidor II de <i>Solanum tuberosum</i> (papa)

Terminador Z19	Región terminadora del gen <i>zein</i> de 19-kDa de <i>Zea mays</i>
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
Promotor actina os	Región promotora del gen <i>actina</i> de <i>Oryza sativa</i> (arroz)
Intrón actina os	Región intron del gen <i>actina</i> de <i>Oryza sativa</i> (arroz)
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
mo-pat	Gen <i>fosfinotricin acetiltransferasa</i> optimizado para maíz de <i>Streptomyces viridochromogenes</i>
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
Terminador CaMV 35S	Región terminadora del genoma del virus del mosaico de la coliflor 35S
Intervening Sequence	Secuencia de ADN para clonación
loxP	Sitio de recombinación bacteriófago P1 reconocido por la recombinasa Cre
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
Terminador sb-ubi	Región terminadora del gen de <i>ubiquitina</i> de <i>Sorghum bicolor</i> (sorgo)
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
Terminador sb-gkaf	Región terminadora del gen de <i>ubiquitina</i> de <i>Sorghum bicolor</i> (sorgo)
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
attB1	Sitio de recombinación de la integrasa bacteriófago lambda del sistema de clonación Invitrogen Gateway
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
Enhancer MMV	Región potenciadora del genoma del virus del mosaico <i>mirabilis</i>
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
Enhancer MMV	Región potenciadora del genoma del virus del mosaico <i>mirabilis</i>
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
Promotor LLDV	Región promotora del genoma del virus asociado a la distorsión de la hoja de <i>lamium</i>
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
intrón zm-i6 Intron	Región intrón del gen de iniciación de la traducción factor 6 de <i>Zea mays</i>
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
zmextensina 5'UTR	Región no traducida 5' de un gen <i>extensina</i> de <i>Zea mays</i>
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
cry1B.34	Gen quimérico compuesto por secuencias de un gen de clase <i>cry1B</i> ,

	por el gen <i>cry1Ca1</i> , y el gen <i>cry9Db1</i> , todos derivados de <i>Bacillus thuringiensis</i>
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
Terminador os-ubi	Región terminadora del gen de ubiquitina de <i>Oryza sativa</i> (arroz)
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
attB3	Sitio de recombinación de la integrasa bacteriófaga <i>lambda B</i>
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
FRT87	Sitio de recombinación de la flipasa modificado derivado de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>
Secuencia intermedia	Secuencia de ADN para clonación
3' Border: zm-SEQ139	Secuencia derivada del genoma del maíz utilizada para facilitar la reparación dirigida por homología después de una ruptura de doble cadena mediada por endonucleasa Cas9

#### 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 anteriormente (Sección I, punto 4.2.), se encuentran formando parte de un único inserto, que consiste en una sola copia de ADN-T. Su inserción e integridad fueron verificadas a través de una secuenciación de nueva generación (NGS, del inglés *Next Generation Sequencing*).

El alineamiento de las secuencias del inserto con los elementos genéticos correspondientes en los plásmidos de origen mostró que éstos, así como también su organización y disposición, se conservaron luego de la inserción.

#### 4.4. Regiones flanqueantes a los insertos

Si bien la transformación genética puede originar efectos no intencionales a través de la inserción de la construcción, incluyendo la posible interrupción de genes o elementos regulatorios del genoma vegetal, y la posible expresión a partir de nuevos marcos de lectura abiertos (ORF), estos efectos se van descartando durante el proceso de selección de los diferentes eventos. La ausencia de efectos no intencionales que pudieran suponer un riesgo para el agroecosistema, finalmente se confirma en los estudios de caracterización agrofenotípica (Sección I, punto 5.1).

De la evaluación de riesgo realizada, no se espera que la presencia del inserto tenga consecuencias biológicas adversas para el agroecosistema respecto del mencionado cultivo.

## **5. Métodos de detección**

La presencia del evento DP-91Ø521-2 puede ser determinada experimentalmente de manera específica mediante la técnica molecular de PCR, utilizando secuencias de oligonucleótidos específicos. De esta forma se puede analizar cualquier tipo de muestra que contenga ADN de este maíz GM con un mínimo grado de integridad que permita su amplificación.

## **Sección II. EVALUACIÓN DE RIESGO**

### **1. Estabilidad genética**

Se realizó un análisis de segregación en cinco generaciones de maíz DP-91Ø521-2 (F1, F2, BC1, BC1S1 y BC1S3) para confirmar el patrón de herencia mendeliana del ADN insertado.

Los resultados del análisis de segregación multigeneracional demostraron que el ADN insertado segregó como un solo locus de acuerdo con las proporciones mendelianas esperadas para la herencia de un solo locus, lo que indica una integración estable del inserto en el genoma del maíz y un patrón de transmisión genética estable a través de las generaciones.

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

Para evaluar los niveles de expresión, se consideró un estudio donde se recolectaron muestras de tejido durante la campaña 2020 en seis sitios en las regiones comerciales de cultivo de maíz de los Estados Unidos y Canadá. Se utilizó un diseño de bloques completos al azar con cuatro bloques en cada sitio. Se recolectaron las siguientes muestras de tejido: hoja (etapas de crecimiento V6, V9, R1 y R4), raíz (etapas de crecimiento V9, R1 y R4), polen (etapa de crecimiento R1), tallo (etapa de crecimiento R1), forraje (etapa de crecimiento R4 etapa de crecimiento) y grano (etapa de crecimiento R6). Se determinaron las concentraciones de las proteínas Cry1B.34, PAT y PMI utilizando ensayos de inmunoabsorción ligado a enzimas (ELISA) cuantitativos.

Para la proteína Cry1B.34, los niveles de expresión fueron mayores en hoja durante los estadios vegetativos y reproductivos. En el 87,5 % de las muestras de polen la proteína Cry1B.34 resultó indetectable (valores por debajo del límite mínimo de cuantificación).

Los valores medios de niveles de expresión para PAT presentan un comportamiento estable a lo largo de todo el ciclo de cultivo, siendo mayores en hoja que en raíces, polen y grano.

### 3. Análisis del potencial tóxico o alergénico

**3.1. Productos de expresión:** se llevó a cabo una evaluación bioinformática de la secuencia de la proteína Cry1B.34 para detectar potenciales reactividades cruzadas con alérgenos conocidos o putativos. Se realizaron dos búsquedas independientes de la secuencia de la proteína Cry1B.34 utilizando la base de datos *Comprehensive Protein Allergen Resource* (COMPARE) 2021 (enero de 2021) disponible en <http://comparedatabase.org>. La primera búsqueda usó la secuencia de proteína Cry1B.34 como consulta en una búsqueda FASTA v35.4.4 (Pearson y Lipman, 1988) contra las secuencias de alérgenos. La búsqueda se realizó utilizando parámetros predeterminados, excepto que el umbral de puntuación E se estableció en  $10^{-4}$ . Los alineamientos generados fueron examinados para identificar cualquiera que tuviera 80 residuos o más y tuviera una identidad de secuencia superior al 35%. La segunda búsqueda utilizó el programa FUZZPRO (Emboss Package v6.4.0) para identificar cualquier coincidencia idéntica de 8 residuos contiguos entre la secuencia de la proteína Cry1B.34 y las secuencias del alérgeno. No encontraron alineaciones de 80 residuos o más con una identidad de secuencia superior al 35%. En la segunda búsqueda no se identificaron coincidencias de 8 residuos contiguos entre la secuencia de la proteína Cry1B.34 y las secuencias del alérgeno. En conjunto, estos datos indican que no surgió ningún indicio de alergenicidad a partir de la evaluación bioinformática de la proteína Cry1B.34.

Se evaluó la toxicidad potencial de la proteína Cry1B.34 comparando su secuencia con las secuencias de una base de datos interna de toxinas. La base de datos interna de toxinas es un subconjunto de secuencias que se encuentran en *UniProtKB/Swiss-Prot* (<https://www.uniprot.org/>). La búsqueda entre la secuencia de proteína Cry1B.34 y las secuencias de proteína en la base de datos interna de toxinas se realizó con BLASTP. No se devolvieron alineaciones con un valor  $E \leq 10^{-4}$  entre la secuencia de proteína Cry1B.34 y

ninguna secuencia de proteína en la base de datos interna de toxinas. Por lo tanto, no surgió ningún indicio de toxicidad a partir de la evaluación bioinformática de la proteína Cry1B.34, excepto para las especies lepidóptero que son blanco de acción de las proteínas Cry expresadas

El gen que codifica la proteína PAT en el maíz DP-91Ø521-2, denominado gen *mo-pat*, es un gen derivado *Streptomyces viridochromogenes* con optimización de codones para expresión en maíz. La secuencia de aminoácidos deducida de la traducción del gen *mo-pat* es idéntica a la secuencia de aminoácidos deducida de la traducción del gen *pat*. La seguridad de la proteína PAT ha sido revisada y autorizada para uso en alimento humano y animal por agencias regulatorias en 20 países y/o regiones diferentes. Hay más de 450 aprobaciones regulatorias en estos países, que representan 7 especies de plantas y más de 110 eventos de transformación. La historia del uso seguro de la proteína PAT expresada en el maíz DP-91Ø521-2 respalda la evidencia de que es improbable que la proteína PAT sea un alérgeno o una toxina.

La proteína PMI codificada por el gen *pmi* en el maíz DP-91Ø521-2 es idéntica a la proteína PMI codificada por el gen *pmi* que se encuentra en varios eventos GM autorizados que se comercializan actualmente y tienen una historia de uso seguro. Las plantas genéticamente modificadas que expresan la proteína PMI han sido autorizadas para su uso en alimentos y piensos por las autoridades reguladoras en más de 25 países y/o regiones diferentes. Hay más de 275 aprobaciones regulatorias en estos países, que representan dos especies de plantas y más de 60 eventos de transformación.

La historia de uso seguro de la proteína PMI expresada en el maíz DP-91Ø521-2 respalda la evidencia de que es improbable que la proteína PMI presente riesgos significativos para el medio ambiente.

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

Un producto hipotético como consecuencia del proceso de obtención del OGM vegetal, que sería un producto no esperado, constituiría un efecto no intencional de la inserción. Si hubiera habido algún efecto no intencional de la inserción el evento hubiera sido descartado, ya que durante el proceso de selección de los diferentes eventos se estudia si los eventos tienen efectos no intencionales que generen un impacto adverso al agroecosistema, tanto a campo, como en invernáculo o laboratorio.



La ausencia de efectos no intencionales en el maíz DP-91Ø521-2 que pudieran suponer un riesgo para el agroecosistema, finalmente fue confirmada en los estudios de caracterización agrofenotípica, en los que se analizaron diversos parámetros, como poder germinativo, dormancia de semillas, fenología, fenotipo, comportamiento frente a estreses bióticos y abióticos, determinados en múltiples sitios distribuidos en una amplia variabilidad de condiciones agroclimáticas.

#### **4. Composición centesimal del OGM vegetal**

Se evaluaron estudios composicionales comparativos a partir de muestras de grano y forraje (estadio R4) del evento DP-91Ø521-2 y de su contraparte convencional, obtenidas de ensayos a campo realizados en Estados Unidos y Canadá durante la campaña de 2020. En el mismo se midieron 75 componentes diferentes. Se observó una diferencia estadísticamente significativa, antes del ajuste de FDR, en el análisis a través de sitios entre el maíz DP-91Ø521-2 y el maíz control para dos analitos (humedad en grano, y ácido fítico). Sin embargo, todos los valores individuales para estos analitos estuvieron dentro del intervalo de tolerancia, el rango de la literatura y/o el rango de referencia del estudio, lo que indica que el maíz DP-91Ø521-2 está dentro del rango de variación biológica del maíz para estos analitos y las diferencias estadísticas encontradas no son biológicamente significativas.

Por lo tanto, se concluye que es improbable que la modificación genética y los productos de expresión resultantes tengan efectos biológicamente relevantes en la composición centesimal de DP-91Ø521-2 respecto al maíz convencional y que éstos presenten un riesgo para el agroecosistema.

#### **5. Análisis de potenciales efectos adversos sobre el agroecosistema**

##### **5.1. Comportamiento agrofenotípico**

Se realizaron estudios agrofenotípicos comparativos entre el evento DP-91Ø521-2 y su contraparte convencional en doce sitios de regiones productoras de maíz representativas del cultivo comercial en Estados Unidos y Canadá durante la campaña de 2020. Se utilizó un diseño de bloques completos al azar con cuatro bloques en cada sitio. Además, con el objetivo de analizar los resultados en el contexto de la variabilidad natural del cultivo de maíz, cada bloque incluyó maíz DP-91Ø521-2, maíz control isohíbrido convencional y cuatro híbridos de referencia de maíz comercial convencional. Los parámetros evaluados fueron: stand inicial y final de plantas, días a la floración, viabilidad del polen (forma y color a los 0, 30, 60 y 120 minutos), altura de la planta, días a madurez, vuelco, mazorcas caídas,

rendimiento, humedad del grano cosechado y peso de 100 granos y evaluaciones de factores bióticos y abióticos.

No se observaron diferencias estadísticamente significativas entre el maíz DP-91Ø521-2 y el maíz de control para 12 de los puntos finales sometidos a análisis entre sitios a través de análisis de modelo mixto. Se observó una diferencia estadísticamente significativa, en el análisis entre sitios entre el maíz DP-91Ø521-2 y el maíz control para tres criterios de valoración: stand inicial de plantas, días a floración y altura de la planta. Después del ajuste FDR de los valores P, los valores P ajustados por FDR para el stand inicial de plantas no fueron significativos, lo que indica que las diferencias observadas probablemente fueron falsos positivos.

Además, para el stand inicial de plantas, días a floración y altura de la planta, todos los valores individuales estuvieron dentro del rango de referencia del estudio, lo que indica que el maíz DP-91Ø521-2 está dentro del rango de variación biológico para estos puntos finales y las diferencias estadísticas no son biológicamente significativas.

Las tres características agronómicas restantes no cumplieron con los criterios de niveles mínimos de falta de uniformidad y, por lo tanto, no fueron sometidas a análisis comparativos (viabilidad del polen, forma y color a los 120 minutos y mazorcas caídas)

Por lo expuesto, se concluye que el evento DP-91Ø521-2 presenta un comportamiento agrofenotípico esperado para el cultivo de maíz y no hay evidencias que sugieran que existen efectos no intencionales que puedan resultar en un riesgo para el agroecosistema.

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

Se llevó a cabo un estudio de poder germinativo y dormición sobre las semillas del evento DP-91Ø521-2 (ISTA 2021). En el ensayo de germinación en calor se analizaron 400 semillas por genotipo, con 8 réplicas en un ambiente con luz controlada durante 24 horas a una temperatura continua de 25°C y 100% de humedad por aproximadamente 7 días. En la germinación en frío se analizaron 400 semillas por genotipo, con 4 réplicas y un ambiente con luz controlada durante 24 horas a una temperatura continua de 10°C y 100% de humedad relativa durante 7 días, seguido de 5 días a una temperatura continua de 25°C y 100% de humedad relativa (ISU Seed Laboratory, 2021). Al final de cada prueba de germinación, se clasificó cada semilla como germinada (normal o anormal) o no germinadas (dura, viva o muerta). Las semillas germinadas fueron consideradas viables y las no germinadas fueron evaluadas para determinar su viabilidad usando una prueba subjetiva de cloruro de tetrazolio de color (TZ) (AOSA/SCST, 2010). No se encontraron diferencias estadísticamente significativas para los parámetros evaluados entre el evento DP-91Ø521-2 y su contraparte convencional.

En base a la información analizada, se concluye que el evento DP-91Ø521-2 posee un comportamiento equivalente en relación a germinación y dormancia respecto a su contraparte convencional. Por lo tanto, no se evidencian riesgos nuevos o incrementados para que la planta adquiera características de maleza.

### **5.3. Organismos no blanco**

La evaluación de posibles efectos adversos de la proteína Cry1B.34 sobre organismos no blanco, pertenecientes a distintos grupos funcionales relevantes para el agroecosistema local, fue realizada en el contexto de la evaluación de riesgo para la liberación al agroecosistema del evento DP-91Ø521-2. Se utilizaron como referencia ensayos de laboratorio en los cuales las especies sustitutas fueron expuestas a distintas concentraciones de proteína Cry1B.34. Las mismas fueron: abejas melíferas adultas y larvas (*Apis mellifera*) como polinizador, collembola (*Folsomia candida*) como organismo del suelo, crisopa verde (*Chrysoperla rufilabris*), mariquita rosada (*Coleomegilla maculata*) e himenópteros parásitos (*Pediobius foveolatus*) como organismos depredadores y parasitoides, codorniz cotuí norteña (*Colinus virginianus*) como ave insectívora y ratones (*Mus musculus*) como mamífero granívoro. Sus resultados confirmaron la ausencia de efectos adversos de la proteína Cry1B.34 sobre organismos que cumplen diferentes servicios ecosistémicos.

Tomando como sustento la información presentada, no se identificaron nuevas hipótesis de riesgo asociadas a los organismos que se hallan presentes en el agroecosistema local.

### **6. Manejo de Resistencia de Insectos (PMRI)**

Debido a la característica introducida y en cumplimiento de la Res. 49/21, el solicitante deberá presentar un Plan de Manejo de Resistencia de Insectos para su evaluación por la Coordinación de Innovación y Biotecnología (ClyB) y la CONABIA previamente a la inscripción de cultivares de maíz que contengan al evento DP-91Ø521-2 en el Registro Nacional de Cultivares (RNC) del Instituto Nacional de Semillas (INASE). La inscripción de los mencionados cultivares quedará supeditada a la evaluación favorable del PMR por parte de la ClyB y la CONABIA.

## **CONCLUSIÓN**

Del análisis de la información presentada en relación al evento DP-91Ø521-2, se evidencia que este maíz GM no presenta nuevos riesgos o riesgos incrementados respecto del cultivo convencional y, por lo tanto, se concluye que su liberación al agroecosistema es tan segura como la de cualquier maíz convencional.

Esta conclusión de la CONABIA es sobre la bioseguridad agroambiental del evento DP-91Ø521-2, sin perjuicio del cumplimiento de normativas y del buen manejo de la tecnología para la prevención de resistencia en las malezas blanco de los herbicidas vinculados.