

## 유전자재조합 식품의 검사방법

신 원 선

식품기능연구본부

유전자재조합 기술은 어떤 생물의 유전자 중 유용한 유전자(예: 추위, 병충해, 살충제, 제초제 등에 강한 성질)만을 취하여 다른 생물체에 삽입하여 새로운 품종을 만드는 것이며, 이러한 유전자 재조합 기술을 이용하여 만든 새로운 농·축·수산물 중 안전성이 확인되어 식품 또는 식품첨가물로 이용할 수 있는 것을 유전자재조합 식품이라 한다.

1980년대 이전에는 고전적인 육종방법에 의한 새로운 품종개발이 이루어져 왔으나, 최근 유전공학기술을 이용한 신기술이 식품 수요의 증가에 대응하는 중요한 수단으로 인식되고 있다. ISAAA에 의하면 2001년 현재 전 세계적으로 5,500만 명이 1억 3000만 에이커에서 유전자변형작물을 재배하고 있으며, 유전자변형 대두의 경우 전 세계 대두 생산량의 46%를 차지할 만큼 그 비중이 크게 증가하고 있다. 우리나라의 경우, 식품소비량의 절대부분을 차지하고 있는 대두 및 옥수수 등은 수입 의존도가 매우 높아 2001년 7월 13일부터 2002년 5월 31일까지 외국에서 수입한 식용 대두, 옥수수 및 가공식품은 총 3,146천톤으로 이중 GMD(유전

자변형농산물)로 표시된 식품은 1,413천톤을 차지하여 수입식품의 45%를 차지하였다. 또한 GMD로 표시된 전체 식품중 농산물이 1,409천톤으로 99.7%를 차지하고, 가공식품은 3,500톤이었다. GMD표시 농산물중 대두는 858천톤으로 60.9%였으며, 옥수수는 550천톤으로 39.1%를 차지하였다. GMD표시 대두의 수입국으로는 미국, 브라질, 중국이며, GMD표시 옥수수의 수입국은 브라질, 아르헨티나, 미국 등이었다. 한편 표시의무제에 포함되지 않은 작물로 GMD표시 면실로부터 채취된 면실유는 2000년까지 매년 수입되었으나 (2000년 수입량 60톤), 그 이후 2001년 9월까지 수입되지 않았던 것으로 추정된다. 유채의 경우 2000년 10월까지 (10개월) 총수입량 9,850톤중 GMD표시 유채는 50% 수준인 4,920톤이었다. 한편 우리 나라에서 판매되는 두부는 정상적인 대두(GMD가 아닌)를 원료로 하여 제조하는 것으로 조사되고 있다. 수입된 GMD표시 대두는 전량 식용유제조에 이용되고, 대두박은 사료용을 공급된다. 한편 수입되는 GMD표시 옥수수는 전분, 당류제조용 등으로 사용되는 것으로 보고되어 있다(식품의약품안전

청, 2002).

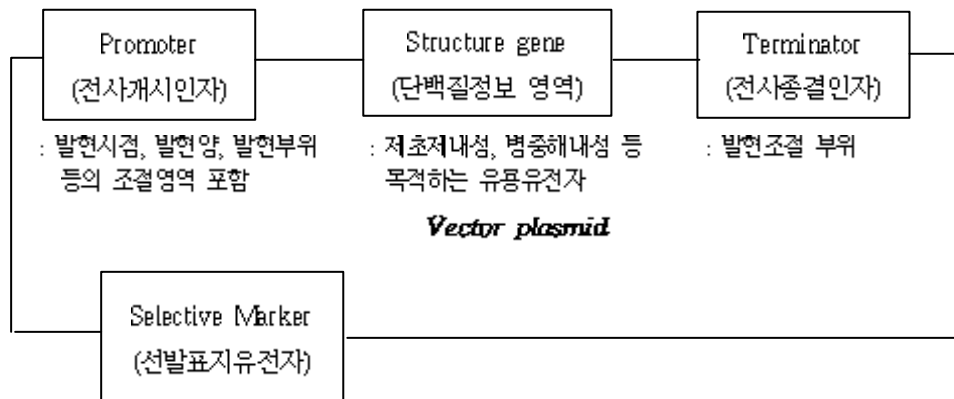
전세계적으로 유전자재조합 생물체를 원료로 하여 생산되는 식품 또는 식품 첨가물의 안전성에 대한 논란이 일면서 유전자재조합 기술을 이용하여 생산된 농산물과 이를 가공한 가공식품에서 유전자 재조합 여부를 검출하고자 하는 노력이 계속되어 왔으며, 정확한 검출방법의 개발 및 검출결과에 대한 표시는 우리나라를 포함하여 의무적 표시제를 실시하고 있는 국가들간의 국제교역에서 중요한 역할을 담당하게 되었다. 유럽연합(EU)은 대두나 옥수수를 원료로 하는 식품에서 유전자변형생물체의 함량이 1%를 초과할 경우 “유전자변형”라는 표시를 의무적으로 하도록 하였다. 일본의 경우, 타기 수정의 특성을 가진 옥수수를 제외하고 유전자변형생물체의 함량이 5%를 초과할 때 식품에 표시하도록 규정하고 있으며, 우리나라는 유전자재조합 원료 농산물에 대해서는 농산물품질 관리법에 의하여 콩, 콩나물 및 옥수수는 2001년 3월부터 표시제도를 실시하고 있으며 감자는 2002년 3월부터 표시하도록 규정했다(비의도적 혼입허용치 3%). 그리고 식품의약품안전청은 콩, 콩나물 및 옥수수를 가공한 가공식품에 대하여 식품위생법에 따라 27개 품목의 가공식품을 대상으로 2001년 7월부터 표시하도록 규정하고 있으며 원료농산

물에서 적용하고 있는 3% 비의도적 혼입허용치이론은 적용하고 있지 않다. 유전자재조합 식품의 표시방법은 주표시면에 「유전자재조합식품」, 「유전자재조합○○포함식품」으로 표기하거나 원재료명 괄호내에 「유전자재조합」 「유전자재조합된○○」으로 표시하며 확인할 수 없는 경우에는 「유전자재조합○○포함가능성있음」으로 표시할 수 있다.

### I. 유전자재조합체의 유전자 유래

형질전환 과정에서 사용되어 작물로 도입되는 DNA의 염기서열은 크게 세 가지 요소로 나누어 볼 수 있다. 그것은 도입 유전자의 전사개시를 위한 Promoter, 발현 단백질을 암호화하고 있는 Coding region, 전사의 정지신호로서 기능을 하는 Terminator로 구성되어 있다<그림>.

형질전환된 곡물이나 그 외 식품의 원료로 사용되는 유전자변형생물체를 분석, 검출하는 방법은 형질전환 과정에서 도입되어 비유전자변형작물이 가지고 있지 않은 이들 유전자(DNA)와 이로부터 발현되는 단백질(재조합 단백질)을 확인하는 것이다.



<그림> 형질전환시 도입되는 DNA 염기서열의 요소

## II. 유전자재조합체를 검출하기 위해 필요한 정보

식품원료, 가공식품 중의 유전자재조합체의 검출에는 수입가능한 농작물의 종류와 도입된 재조합유전자의 정보(염기서열, 검출용 primer)나 시료(재조합단백질의 항체), 대상이 되는 유전자재조합 농작물(GM)의 순수한 종자와 유전자재조합 되지 않은(non-GM) 농작물의 종자를 입수할 필요가 있다. 그러나 수입가능한 농작물의 종류와 도입된 재조합유전자의 정보(염기서열, 검출용 primer)를 얻기 위해서는 DNA 데이터베이스의 검색이나 안전성 평가자료를 열람할 필요가 있어, PCR법에 사용하는 검출용 primer의 종류에 따라 검출결과도 영향을 받는다. 또한 표준물질로서 필요한 시료(재조합단백질의 항체), 대상이 되는 GM농작물의 순수한 종자와 non-GM농작물의 종자를 입수하는 것은 매우 어려우며, 같은 계통의 재조합체라고 해도 그 품종이 다양하기 때문에 어느 품종의 종자를 사용하는가에 따라 측정된 결과가 달라질 수도 있다. 또한 옥수수에 대해서는 통상 입수 가능한 종자는 순도가 90%정도의 것이므로 단일 품종의 종자를 입수했다고 해도 정량에 영향을 미치는 다른 품종의 종자가 혼입되고 있지 않는지 정밀 검사할 필요가 있다.

## III. PCR용 표준물질

농작물과 그 가공식품에서 유전자재조합체를 PCR법에 의해 정량하기 위해서는 분석용의 표준물질로서 각 GM농작물계통을 일정량만 함유한 non-GM 농작물의 종자 분쇄물 또는 그 계통 DNA가 필요하게 된다. GM농작물의 혼입율은 복수의 혼입율의 표준물질에서 측정된 정량치로부터 계산하게 된다. 그러나 1개의 GM계통에는 다수의 품종이 있고, non-GM 농작물의 품종도 다수 있기 때문에 측정결과는 표준물질의 조제에 사용한 품종의 영향을 받게 된다. 동일기관 등이 동일품종

의 종자로부터 표준물질을 조제한 경우에도 농작물이기 때문에 늘 일정한 품질의 것을 입수하는 것이 어렵다.

## IV. 식품으로부터 DNA의 분리단계의 중요성

원료 및 가공식품으로부터 유전자재조합체가 혼입되어 있는지 여부를 확인하기 위하여 실시하는 PCR분석법에는 DNA를 추출·정제해야 하는 선행과제가 있다. 특히, 가공식품은 원료와는 달리 matrix가 복잡하고 가공공정의 영향으로 인하여 유전자가 손상되는 경우가 있다. 따라서 PCR을 이용하여 목적유전자를 검출하기 위해서는 순도가 높고 충분한 양의 genomic DNA를 추출할 필요가 있다. 많은 가공식품들은 첨가물로서 상당량의 지방, 염분, 수분을 함유하고 있어 추출과정에서 방해요인으로 작용하거나 가공공정에서의 열처리, 압력처리 및 산·알칼리처리 등의 물리화학적 영향으로 식품의 종류에 따라 추출결과의 효율(extraction efficiency)이 상당히 차이가 나게 된다. 따라서, 원료수준에서와는 달리 모든 가공식품에 한가지 추출방법이 적용될 수 없으며 식품의 특성에 따라 DNA추출방법을 최적화시켜야 하는 번거로움도 존재하게 된다. DNA추출방법이 적절하지 않을 경우, 음성성 혹은 의양성의 결과를 초래하게 될 수 있다. 또한 모든 분석에서 중요한 것은 분석하려고 하는 시료의 초기 채취량이다. 일반적으로 분석자들은 시료를 최대한 균질하게 분쇄하거나 혼합하려고 노력하지만 통계적으로는 시료를 완벽하게 균질화시킨다는 것은 불가능하다고 알려져 있다. 따라서 이러한 한계를 극복하기 위해서는 균질하게 분쇄하거나 혼입한 시료를 될 수 있는 한 많은 양을 채취하는 것이 좋다. 현재 상업적으로 판매되는 DNA 추출kit는 일반적으로 요구하는 초기 시료량이 100 mg에서 수백 mg에 이르고 있어 본연적으로 시료의 균질화 의미를 기

대하기는 어렵다. 따라서 초기에 취하는 시료량을 수 g 정도로 scale-up시키면 시료채취단계에서의 오류발생 가능성이 상당부분 배제될 수 있다. 영국의 central science laboratory에서 실시하고 있는 GMD 식품의 정도관리 시스템에서도 최소한의 시료채취량을 1g으로 한정하고 있다. 일반적으로 PCR 증폭실험을 위하여 요구되는 template DNA의 양은 100 ng에서 500ng이다. Template DNA으로 이용되는 DNA의 양은 DNA의 순도 등에 따라 크게 영향을 받게 되는데 500ng 이상의 DNA를 첨가할 경우 DNA간의 "자가저해 효과"를 일으킬 가능성이 크다. 실질적으로 PCR 정량한계치는 식물이 지니고 있는 genome의 크기와 밀접한 관계가 있는데, genome 크기가 커질수록 정량 1%를 위하여 요구되는 DNA의 양은 증가하게 되어 결국 추출된 DNA의 yield가 검출한계치에 영향을 주게 된다. 따라서, DNA 추출 yield가 20ng 이하가 되면 실질적으로 정량한계치가 1% 이상으로 쉽게 상승하게 된다. 따라서, 실제로 추출한 DNA의 양이 수 ng 정도로 너무 적을 경우 검출한계치가 높아지게 되고 가공식품에서 추출한 DNA를 이용해서는 정량이 어렵게 된다. 아울러 가공공정에 따라 DNA는 손상을 받아 300 bp 이하로 단편화(fragmentation)될 수 있다. 또한 가공식품은 수많은 식품첨가물과 혼합되어 있는 형태로서 실제로 전체 양에서 차지하는 DNA는 상당히 적은 양이 되므로, 단편화된 유전자의 크기에 따라 추출 효율이 크게 달라질 수 있다.

## V. 재조합단백질의 검출방법

유전자변형생물체에 도입된 유전자들은 세포 내에서 단백질의 형태로 발현되어 의도한 형질을 보여주기 때문에 DNA로 구성된 도입 유전자의 검출보다 최종적으로 발현되는 단백질을 검출하는 방법이다. 유전자재조합 생물체의 도입 유전자로부터 발현되는 단백질을 검출하는 면역학적 검출

방법(Immunoassay)은 곡물 및 식품에서 이들의 혼입 여부를 가장 신속하게 확인할 수 있는 방법으로 현장에서 직접 그 결과를 볼 수 있는 Quick Stick이나 Lateral Flow Strip 등의 형태로 상용화되어 판매되고 있다.

이러한 면역학적인 방법은 현장에서 신속하고 고감도로 유전자변형생물체의 포함 여부를 판단할 수 있다는 장점을 지닌다. 그러나 검출대상의 단백질이 고온, 산 등에 의해 변성하면 항체와의 특이성이 없어지므로 가공과정을 거친 식품 중의 단백질을 검출하는 것은 어렵다. 이와같이 항원 항체반응을 이용하는 면역학적 검출방법은 시료의 분쇄방법에 따라 단백질의 추출효율이 달라지므로 검출을 위한 전처리 단계에서 표준물질과 같은 정도의 입자크기로 시료를 균질하게 분쇄할 필요가 있다. 또한 해충저항성 옥수수에서는 같은 유전자가 복수계통으로 이용되어 각 계통에서 단백질의 발현량이 다르기 때문에 복수의 해충저항성 옥수수가 혼합된 시료에서는 면역학적 검출방법으로는 정확한 해충저항성 옥수수의 혼입율은 정량할 수 없다. 따라서 재조합 단백질의 검출기술을 응용할 수 있는 영역은 상당히 제한되어 있다고 볼 수 있다.

## VI. ELISA(효소면역측정)법

1960년대에 개발되어 현재에 이르기까지 여러 가지 형태로 발전되어 온 Enzyme Linked Immuno Sorbent Assay(ELISA : 효소면역측정법)는 특정 단백질의 정성 검출 뿐만 아니라 대략적인 정량분석도 가능하다.

ELISA는 짧은 시간에 많은 수의 생물학적인 시료를 분석할 수 있어 단백질 검출법으로 가장 널리 사용되어 왔다. 대량 유통되는 곡물에서 유전자재조합체의 정성분석을 위하여 Lateral Flow Strip 등과 같은 현장에서 사용할 수 있는 형태의 분석법을 이용하고 있다. Direct ELISA는 가장

기본적인 ELISA법으로 시료에 존재하는 모든 단백질을 Polystyrene 등의 표면에 고정시킨 후 Alkaline phosphatase(AP) 또는 Horse Raddish peroxidase(HRP)등 기질과 반응하여 색을 나타내는 효소가 부착된 항체와 반응시켜 시료에 특정 단백질의 포함여부를 알아볼 수 있다. 이 항체는 표면에 고정된 여러 가지 단백질 가운데 검출하고자 하는 단백질에 특이적으로 결합하므로 시료의 검출 단백질 포함 여부를 확인할 수 있다. 현장에서 편리하고 신속한 판정을 위하여 개발된 field-portable 형태로 Lateral Flow Strip은 1회용 strip위에 특이단백질에 대한 항체를 도포시켜 전처리한 단백질 용액에 담그어(dip) 반응시킨 다음 지표가 되는 색의 변화로 재조합 단백질을 감지하는 방법이다. 이 Lateral Flow Strip법은 ELISA와 검출 원리는 같으나 현장에서 훈련된 연구자가 아니더라도 곡물이나 식품에 포함된 유전자재조합체를 정성검출할 수 있다. 또한 0.1% 정도의 낮은 농도의 유전자재조합체를 포함하고 있어도 검출이 가능하고, 손쉽게 사용할 수 있으며 검출에 투입되는 비용이 ELISA, PCR 등과 비교할 때 매우 낮아 널리 사용된다. 그밖에 Western blotting법은 ELISA, Lateral Flow Strip과 마찬가지로 면역학적 방법으로 단백질을 검출하는 방법이나, 시료에 포함된 단백질을 polyacrylamide Gel에서 크기에 따라 분리한 다음 blotting membrane과 같은 표면에 부착시켜 검출할 단백질에 특이적인 항체를 이용하여 단백질을 검출하는 방법이다.

## VII. PCR(유전자증폭반응법)을 이용한 DNA 검출법

### 1. 검출 DNA의 수에 따른 PCR

Monoplex PCR 검출법은 곡물, 가공식품에 유전자재조합 생물체의 포함여부를 PCR 방법으로

확인할 때 도입 유전자의 염기서열 일부를 증폭시켜 한 종의 DNA를 검출하는 정성 PCR법이다. 이 방법은 여러 종류의 DNA를 한번의 반응으로 검출하는 Multiplex PCR에 비해 10배 이상의 높은 검출감도를 나타낸다. 따라서 가공된 식품 등에서 추출되어 상대적으로 순도가 낮은 DNA의 주형사용에 의하여 증폭효율이 떨어질 우려가 있을 때 채택 가능한 PCR 방법이다. 이에 비해, multiplex PCR 검출법은 한 번의 PCR 반응으로 여러 종의 DNA를 증폭할 수 있는 방법으로 유전자재조합 생물체에 도입된 유전자를 검출한다. Multiplex PCR 검출법은 여러 쌍의 primer를 PCR 반응에 첨가하는 것 외의 모든 과정이 Monoplex PCR과 동일하며, DNA의 검출감도가 낮은 단점이 있으나, 유전자재조합 생물체가 시료에 포함되었는지의 여부 및 여러 종류의 유전자재조합체를 동시에 분석할 수 있어 시간, 비용 등의 측면에서 효율적이다. 또한 유전자재조합 생물체의 내재 유전자 염기서열을 동일한 반응 튜브에서 증폭할 수 있기 때문에 PCR에 사용된 DNA 시료의 추출을 위하여 사용된 유전자재조합 생물체의 종류를 한번의 반응으로 판단할 수 있다.

### 2. 검출 DNA의 종류에 따른 PCR

PCR에 의한 유전자재조합 생물체의 검색(general screening)은 일차적으로 유전자재조합 생물체의 포함 여부만을 판단하기 위해 주로 사용된다. 따라서 서로 다른 유전자재조합 생물체가 시료에 포함되어 있더라도 이들이 가지는 특이적인 공통염기서열 부분을 증폭함으로써 가능한 최소의 반응으로 목적을 달성할 수 있다. 모든 유전자재조합 생물체가 가지고 있는 도입 유전자의 구성 요소들 중에서 공통적으로 가진 요소는 전사를 위해 필수적인 promoter 또는 terminator인 경우가 대부분이다. 예를 들어, 유전자변형작물의 경우 CaMV 35S promoter와 NOS terminator 모두를 가

지고 있거나, 두 요소 중 하나를 가진 경우가 대부분이다. 그러므로 이들의 염기서열을 증폭하여 검출함으로써 유전자재조합 생물체의 종류에 상관 없이 시료에 유전자재조합체의 존재 여부를 결정할 수 있다. 즉, 유전자재조합 생물체의 정량분석을 위해 선행되는 정성분석방법 중에서 실제로 가장 많이 채택되는 PCR 법으로, 상용화되어 판매 및 사용되는 유전자변형생물체의 정성분석용 kit의 대부분이 이 방법을 기초로 하고 있다.

유전자특이적 검색(gene specific screening)은 몇몇 내재 유전자의 발현을 억제하는 경우를 제외하고, 각각의 유전자재조합 생물체는 외래 유전자를 도입함으로써 이 유전자의 산물에 의해 직접 또는 간접적으로 특정 형질을 발현한다. 유전자재조합 생물체가 가지고 있는 특정 형질에 대한 정보를 토대로, 이런 형질을 암호화하고 있는 염기서열 일부를 증폭하여 1차 검색단계에서 나온 결과보다 좀 더 특이성이 높은 결과를 얻을 수 있다.

Construct Specific는 외래 유전자를 식물 또는 미생물에 도입시켜 형질 전환된 유전자재조합 생물체를 얻기 위해 promoter, signal sequence, coding region, terminator 등을 연결하여 기능을 할 수 있는 유전자를 벡터 운반체(vector)에 삽입하는 과정을 거쳐야 한다. 각 유전자변형생물체는 이러한 연결부위에 서로 다른 요소들로 연결되어 있다. 따라서 이 연결부위의 염기서열을 증폭하여 시료에 유전자재조합 생물체의 존재 여부만 아니라, 어떤 종류의 유전자재조합 생물체가 포함되어 있는지 알 수 있다.

Event Specific는 도입 유전자가 유전자재조합 생물체의 염색체로 삽입될 때 염색체의 특정부위에 삽입되는 것이 아니라, 무작위적으로 염색체의 어떤 부위에나 삽입될 수 있다. 그 때문에 동종의 유전자재조합 생물체(동일한 수용체 및 동일한 도입 유전자를 가진)일지라도 형질전환 과정에서 이들이 도입 유전자를 가지는 염색체 상의 위치는 서로 다르다. 물론, 동종 형질전환(homologous recombination)의 경우 삽입 부위가 동일한 가능

성이 매우 높다. 그러나 외래 유전자를 발현하는 유전자재조합 생물체의 경우 도입 유전자의 삽입 위치는 확률적으로 볼 때 동일할 가능성이 거의 없다. 따라서 도입 유전자가 삽입된 염색체 상의 위치 확인이 가능하다면 모든 다른 조건이 완전히 동일해도 어떤 종류의 유전자재조합 생물체인지 판별할 수 있다. 따라서, 이 삽입 위치를 확인하는 방법으로 쓰이는 PCR법은 Inverse PCR 또는 Tail PCR 등이 있다.

### 3. 유전자재조합체 검출을 위한 정성분석 P

재조합유전자의 검출법으로서 PCR법을 이용하는데, PCR법은 DNA 증폭기술을 바탕으로 하는 분자생물학의 기초적 연구분야이다. 우선, 재조합 유전자를 검출하기 위해서는 주형(template)이 되는 DNA의 추출이 잘 되지 않으면 PCR반응은 저해되어, 양호한 결과를 얻을 수 없게 된다. 일반적으로 주형 DNA를 분리하기 위해서는 Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide (CTAB)방법, 시판의 DNA추출용의 kit(silica membrane법, magnetic bead법 등)가 있어, 가공공정에서 DNA가 분해되어 있어도 비교적 쉽게 추출할 수 있다. 그러나 곡물이나 식품에서 이들 방법을 이용하여 얻은 DNA 용액 중에는 PCR의 저해 또는 촉진 물질이 혼입되어 있는 경우도 있다. 가공식품에서 특정 DNA를 검출하는 것은 일정한 DNA가 남아 있으면 가능하나, DNA가 남아있다고 생각하기 어려운 정제식용유나 장류, 당류 등을 제외하면, 가공공정의 조건에 따라 DNA의 상태가 달라 추출법에 좌우될 수 있다.

가공이 진행되면 물리적 작용이나 열에 의해 짧게 절단되므로 검출용 primer도 짧은 DNA서열을 검출할 수 있도록 설계하지 않으면 안된다. 따라서, 설계한 primer에 의한 산물과 일치하는 크기의 DNA band가 검출되면 해당하는 DNA가 함유되고 있다고 판단한다. 증폭 DNA산물이 target

sequence 임을 확인하기 위해서는 적당한 제한효소의 절단부위가 있도록 primer를 설계하거나, 증폭 DNA를 sequence하는 것이 필요하다.

PCR반응은 특정부위의 DNA를 증폭하는 분석 기술이므로 다양한 오염이 일어날 수 있어, 통상의 DNA 실험을 행하는 이상의 주의를 할 필요가 있다. 예컨대 시료의 분쇄, DNA추출, PCR반응액의 혼합작업을 서로 격리된 실험실에서 수행하는 것이 바람직하며 항상 청결을 유지하는 것이 필요하다.

#### 4. 유전자재조합체 검출을 위한 정량분석 PC

GM농작물의 PCR법을 이용한 정량법은 해당하는 농작물이 반드시 가지고 있는 내재성 유전자에 대한 재조합유전자의 존재비율로부터 재조합체가 몇 % 존재하는지를 상대적으로 측정하는 방법을 채택하고 있다. 즉, 통상의 polymerase반응용의 primer사이에 들어가는 DNA서열 중의 일부와 상보적 서열을 갖는 형광물질을 결합시킨 DNA probe 등을 준비하여 polymerase반응이 반복됨에 따라 합성되는 산물에 특이적으로 결합하는 형광물질의 양을 동역학적으로 측정하여 주형 DNA양을 측정하는 RT(실시간)-PCR장치를 이용한다 (Tagman chemistry원리). PCR을 이용한 정량법으로는 특수한 장치를 필요로 하지 않는 경합적 PCR법도 있으나, 표준시료 확보가 어렵고 DNA추출에 따라 결과의 재현성을 확보할 수 없기 때문에 정확한 정량분석은 어렵다.

#### 5. GMO 검출방법의 한계점

이상에서 기술한 유전자재조합 생물체(농산물 및 식품)에 대한 검출방법은 기존의 분자생물학적인 방법을 기본으로 하여 개발된 새로운 분야의 Bioanalysis 분야이다. 현재 개발된 유전자재조합 농산물 혹은 식품에서의 재조합체의 정량적 측정의 개념은 (유전자재조합체) / (비유전자재조합체)

의 상대적인 비율로서, 시료 중에 존재하는 유전자재조합체의 절대량을 나타내는 것은 아니고, 옥수수나 같은 여러 종류의 재조합체와 그 hybrid나 stack품종이 재배되어 그 혼입율이 불명확한 경우에는 측정치는 일립검출을 기본으로 하는 혼입율과는 일치하지 않는다. 유전자재조합체 검출법은 분자생물학적인 기술과 분석화학 분야에서 이미 정립되어 있는 방법을 적용할 수 있으나 검출하고자 하는 대상(재조합단백질 혹은 유전자)이 중량비로 혼입되어 있는 곡립(낱알)이나 비균질하게 섞여 있는 식품에서 유래하는 것이므로 새로운 기준의 검출한계치(LOD)와 정량 검출한계치(LOQ) 설정방법, 불확실도(degree of uncertainty)에 대한 명확한 개념설정이 필요하다. 아울러 시료에서 검출하고자 하는 목적유전자 혹은 단백질의 추출효율(extraction efficiency), 분석결과와 정확도(accuracy) 및 정밀도(precision) 판정, 품종특이적이고 균질한 표준시료의 확보, 시료특성에 따른 검출감도의 향상, 실험실간의 검출재현성 판정 등의 지속적인 노력이 요구된다. 특히, 개발이 완료되어 상품화된 유전자재조합 농산물 및 식품을 제외하고 현재 개발 중에 있는 유전자재조합 농작물 등 도입유전자 등의 정보가 없는 것은 검출한다는 것은 매우 어렵기 때문에 생물다양성 협약 등에 의거한 국가간의 긴밀한 정보교환과 분석법의 국제적 기준 마련(ISO 혹은 Codex)이 필요하다.

