

GM 콩의 도입유전자 이동에 미치는 화분 매개충의 영향

이범규^{1*} · 김준형¹ · 손수인¹ · 권순종² · 박기웅³ · 정영수⁴ · 이시명¹

¹국립농업과학연구원 생물안전성과, ²국립식량과학원 중부작물과, ³충남대학교 식물자원학과, ⁴동아대학교 유전공학과

Influence of insect pollinators on gene transfer from GM to non-GM soybeans

Bumkyu Lee^{1*}, Jun Hyeong Kim¹, Soo In Sohn¹, Soon Jong Kweon², Kee Woong Park³, Young Soo Chung⁴, Si Myung Lee¹

¹Biosafety Division, National Academy of Agricultural Science, Jeonju 54874, Korea

²Central Area Crop Breeding Division, National Institute of Crop Science, Suwon 16429, Korea

³Department of Crop Science, Chungnam National University, Daejeon 34134, Korea

⁴Department of Genetic Engineering, Dong-A University, Busan 49527, Korea

Received on 17 August 2015, revised on 21 August 2015, accepted on 8 September 2015

Abstract : The cultivation area and use of genetically modified (GM) crops have been increased continuously over the world and concerns about the potential risks of GM crops are also increasing. One of the major concern in risk assessment is the possible development of hybrids through interspecific and intergeneric crosses with related species. This study was conducted to investigate the pollinator have an influence on insect-mediated gene transfer from GM soybeans. Hybrid was induced from GM soybeans by honeybee and western flower thrips, and non-GM soybeans were used as pollen receptor. The analysis for gene-flow was conducted by herbicide selection, immunostrip test, and PCR analysis. In the result of the analysis, three hybrids were detected on the distance 15, 75, 105 cm from pollen source in western flower thrips treatment. In honeybee treatment, one hybrid was detected in the farthest distance (300 cm). These results suggested honeybee and western flower thrips have a possibility they can transfer the introduced gene from GM soybeans to non-GM soybeans.

Key words : Genetically modified (GM), gene-flow, soybean, pollinator

I. 서론

전 세계적으로 GM(genetically modified, 유전자변형) 작물의 재배면적은 매년 지속적으로 증가하여 2014년에는 28개국에서 1억 8,100만 헥타르 이상의 면적에 걸쳐 재배되었다(James, 2015). 콩은 GM 작물 중 가장 많이 재배되는 작물로 2014년에만 90.7백 만 헥타르에서 재배되어 전체 GM 작물의 약 50%를 차지하였으며, 전 세계 전체 콩 재배면적인 111백 만 헥타르의 82%가 GM 콩이었다. 국내에는 아직 GM 작물 재배가 허용되고 있지 않지만 식용 및 사료용 등의 용도로 2014년에만 약 1,082만 톤의 GM 곡물

이 수입되었으며, 이중 콩은 대부분 식용으로 약 102만 톤(5억 5,504천 만 달러)이 수입되어 옥수수에 이어 두 번째로 큰 규모를 나타냈다(KBCH, 2015).

GM 작물의 이용은 생산량 증가와 농약사용 절감을 통한 농가 소득 증대 및 농업 환경 피해 감소, 그리고 이를 통한 온실가스 감소 등 다양한 이점이 있다고 알려져 있지만(James, 2015), 이와 함께 GM 작물의 잠재적 위해성에 대한 우려도 제기되고 있는 실정이다. GM 작물에 대한 우려는 크게 식품으로서의 안전성과 환경에 대한 위해 가능성으로 구분된다. 이중 환경 위해성에 대한 주요 우려는 GM 작물의 잡초화 가능성과 도입유전자의 근연종으로의 이동(gene-flow), 꽃가루 및 종자를 통한 생태계 확산, 환경 방출 시 다른 생물종에 미치는 영향 등이 있다. 자연환경에서

*Corresponding author: Tel: +82-63-238-4716

E-mail address: leebk3@korea.kr

GM 작물 도입유전자의 다른 근연종으로의 이동과 확산은 생태계에 교란을 일으킬 수 있으며 방제가 어려워지는 등의 문제점을 발생시킬 가능성이 제시되고 있다(AI-Ahmad and Gressel, 2005; Snow and Morán-plama, 1997). 우리나라는 GM 작물의 안전한 이용을 위해 국제협약인 바이오안전성의정서(Cartagena Protocol on Biosafety)를 기본으로 한 '유전자변형생물체의 국가간 이동 등에 관한 법률(LMO법)'을 제정하여 시행하고 있다(Biosafety white paper, 2013). LMO법 통합고시에서는 GM 작물의 '환경방출실험 심사자료(별표 3-3)', '격리포장시설 구비 요건(별표 3-4)', '관리방법과 조치사항(별표 3-5)' 등에서 GM 작물의 도입 유전자가 격리포장 외부의 교잡 가능 식물체로 이동되는 것을 최소한으로 제한하도록 규정하고 있다. 또한 GM 작물의 상업화(환경방출) 승인을 위한 위해성평가 자료(별표 10-1)에서도 '교잡성(8-2)과 다른 품종 또는 근연종과의 생식 호환성(8-4)'을 평가하도록 규정하는 등 GM 작물의 근연종 및 이종간의 교잡가능성은 GM 작물의 환경위해성 평가 중 가장 중요한 요소 중 하나이다.

어떤 형질이 다른 종에 도입되기 위해서는 교잡 가능 식물과의 반복적인 여교잡과 그 결과로 발생하는 후대의 생존과 번식이 반드시 필요하다(OECD, 2000). 재배콩(*Glycine max*)은 자연환경에서 야생종인 *G. soja*나 반야생종인 *G. gracilis*와 교잡을 통해 번식력 있는 중간 잡종을 쉽게 생산하는 것으로 보고되어 있다(Ahmad et al., 1977; Karasawa, 1952). 특히 우리나라는 중국, 일본, 대만 등과 함께 야생콩의 원산지 중 하나로 전국적으로 야생콩이 자생하고 있다(Jang et al., 2010; OECD, 2000). 따라서 GM 콩으로부터의 유전자이동성 조사는 국내 콩 다양성 보존과 LMO 안전관리를 위해 매우 중요하다고 할 수 있다. 콩은 대표적인 자가수분 식물로 타식율(outcrossing rate)이 1% 미만으로 알려져 있지만(Chiang and Kiang, 1987), 몇몇 품종은 최적 조건에서 2.5% 이상의 타식율을 나타내는 것으로 보고되었다(Ahrent and Caviness, 1994). 일반적으로 화분에 의한 유전자이동은 바람과 매개충 등에 의해 일어나며, 개화시기, 재배면적, 풍속, 기후 등에 영향을 받는다(Warwick et al., 2009). Nakayama와 Yamaguchi(2002)는 콩과 야생콩의 개화기를 유사하게 조절하였을 때 50 cm의 거리에서 5.89%의 높은 교잡율을 보고하였으며, 이러한 교잡율에 대해 벌과 총채벌레 등의 화분 매개충이 관여했을 것으로 추정하였다. 국내에서 수행된 연구에서도 서양종꿀벌

(*Apis mellifera* L.)이 콩의 화분을 이동시키는 것으로 보고된 바 있다(Baek et al., 2010).

본 연구에서는 콩의 화분 매개충으로 보고된 꿀벌과 총채벌레가 GM 콩의 도입유전자 이동에 미치는 영향을 조사하고자 수행되었다. 또한 PCR분석법을 이용한 꿀벌과 총채벌레의 콩 화분 이동 조사 시스템 개발에 대한 연구가 수행되었다.

II. 재료 및 방법

1. 실험재료 및 포장조성

본 실험에 사용된 공시재료는 GM 콩의 경우 *bar* 유전자를 선발마커로 사용한 비타민A 강화 형질 콩(β -PAC, SP 7-3-1)을 동아대학교로부터 분양받아 화분원으로 이용하였다. 이 이벤트 품종은 바스타 제초제 선발이 가능할 뿐 아니라 종자가 베타카로틴 축적으로 인해 노란색을 띄어 육안으로 교잡종을 확인 할 수 있는 특징이 있다. GM 콩으로부터의 화분 수용 식물로는 재배콩이며 GM 콩의 모본인 광안콩을 이용하였다.

2. 포장 및 실험구 조성

GM 콩의 유전자이동 실험은 국립농업과학원 LMO 격리포장(경기도 수원시 소재)에서 수행되었다. GM 콩과 광안콩을 6월 3일 격리온실에서 파종 후 6월 17일에 격리포장 내 5 × 5 m 크기의 3개 동의 망실온실에 정식하였다. 유전자이동성 조사를 위한 배치는 앞 열에 6주의 GM 콩을 심고 후열에 화분 수용체로써 21주의 광안콩을 15 cm 간격으로 300 cm의 거리까지 배치하였으며, 하나의 온실 당 2반복으로 수행되었다. GM 콩의 유전자이동에 미치는 매개충의 영향을 조사하기 위해 콩의 화분 매개충으로 보고된 꿀벌(*Apis mellifera*)과 꽃노랑총채벌레(*Frankliniella occidentalis*)를 이용하였다. 콩의 개화기에 맞춰 1개의 망실온실에 약 20,000마리가 포함된 1개의 벌통을 GM 콩 주변에 배치하였으며, 또 다른 망실온실에는 콩잎에 사육된 약 2,000마리의 총채벌레를 개화된 GM 콩 꽃 주변에 올려놓아 집중하여 매개충들이 GM 콩 화분을 운반할 수 있는 환경을 조성하였다. 또 다른 1개의 망실온실은 대조구로 이용하기 위해 아무런 매개충도 처리하지 않은 무 처리구로 뒀다. 실험에

이용된 매개충들은 생물이용연구소(경상북도 안동시)에서 분양받아 사용하였다.

3. 매개충 전이 GM 콩 도입유전자 분석

화분 매개충이 GM 콩 도입유전자를 이동시키는지 확인하기 위해 꿀벌과 총채벌레에서 DNA를 추출한 뒤 PCR 분석을 수행하였다. DNA 추출을 위해 사용된 샘플양은 꿀벌의 경우 뒷다리 20 mg (26 - 28개)이었으며, 총채벌레는 약 50마리를 이용하였다. 각 샘플은 액체 질소로 얼린 뒤 유발에 같이 Promega사의 Wizard® Genomic DNA purification Kit를 이용하여 매뉴얼에 준하여 DNA를 추출하였다. PCR 분석을 위해 GM 콩의 도입유전자인 *bar* 유전자를 증폭할 수 있는 프라이머를 이용하였으며, 대조구로 콩의 내재유전자인 *lectin* 유전자를 이용하였다. 또한 PCR 분석의 성패여부를 확인하기 위해 꿀벌 및 총채벌레의 18S 및 28S의 핵 리보소말 유전자(nuclear ribosomal gene)를 사용하였다.(Cardinal et al., 2010; Danforth et al., 2006; Huang et al., 2010), 이들 primer에 대한 정보는 Table 1과 같다. PCR 반응 조건은 94°C 5분 후, 94°C 30초 및 57°C 30초, 72°C 1분의 조건에서 30 사이클로 증폭한 뒤 72°C에서 5분간 처리하여 완료하였다. 증폭된 PCR 산물은 1.5% agarose gel에서 전기영동 후 확인하였다.

4. GM 콩 도입유전자의 이동성 조사

화분 수용체인 광안콩을 15 cm 거리별로 수확하여 약 한 달간 자연 건조 시킨 뒤 타작하여 교잡 분석에 사용하였다. 교잡 분석은 제초제 선발, 진단막대 검정, 그리고 PCR 분석을 통해 수행되었다. 제초제 선발을 위해 60 × 90 × 10 cm 크기의 포트에 약 200립의 종자를 파종한 뒤 LMO 격리온실에서 2주간 재배하여 발아와 생장을 유도하였다. 종자 파종 시 제초제 저항성에 대한 효과를 확인을 위해 포트의 네 모서리에 제초제 저항성 GM 콩을 같이 파종하여 대조구로 이용하였다. 파종 2주 후에 0.7% 농도의 글루포시네이트 암모늄(바스타)을 3일 간격으로 2회 처리한 후 1주일 뒤 저항성을 나타내는 개체를 취하여 진단막대를 이용한 검정을 수행하였다. 진단막대 검정은 *bar* 유전자에 의해 생성되는 PAT 단백질을 검사할 수 있는 SDI (Strategic Diagnostic Inc.)사의 LL ImmunoStrip Test Kit를 이용하여 매뉴얼에 준하여 수행하였다. PCR 분석은 앞서 기술한 화분 매개충의 PCR 분석과 동일한 조건으로 수행되었다.

III. 결과 및 고찰

1. PCR법을 통한 화분 매개충의 GM 콩 도입유전자 이동 조사

콩의 화분 매개충으로 알려진 꿀벌과 총채벌레가 GM 콩

Table 1. Primers used in this study. Bee means honeybee and thrip means western flower thrips.

Primer	Orientation	Sequence (5'-3')	Expected size
lectin	Sense	TGC CGA AGC AAC CAA ACA TGA TCC T	414 bp
	Antisense	TGA TGG ATC TGA TAG AAT TGA CGT T	
bar	Sense	CGG TCT GCA CCA TCG TCA AC	430 bp
	Antisense	ATG CCA GTT CCC GTG CTT GA	
bee 18S-1	Sense	AAA TTA CCC ACT CCC GGG A	896 bp
	Antisense	TGG TGA GGT TTC CCG TGT T	
bee 28S-1	Sense	GAC CCG TCT TGA AAC ACG GA	359 bp
	Antisense	TCG GAA GGA ACC AGC TAC TA	
bee 28S-2	Sense	CGT GTT GCT TGA TAG TGC AGC	582 bp
	Antisense	TCA AGA CGG GTC CTG AAA GT	
thrip 18S-1	Sense	GTT TCC GTA GGT GAA CCT GC	388 bp
	Antisense	TGT TTT GGG CCATCT CCC	
thrip 18S-2	Sense	GAC CAA ACT CAA AGA CCA GAC TG	232 bp
	Antisense	AAG AAA CGT CAC ACA CCC G	

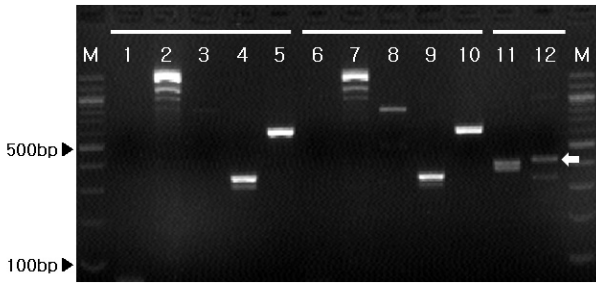


Fig. 1. PCR analysis of DNA from honeybee. 1-5, honeybee DNA before treatment; 6-10, honeybee DNA after treatment; 11-12, GM soybean DNA. Primers used in this study: 1, 6, 11, lectin; 2, 7, 12, bar; 3, 8, 18S-1; 4, 9, 28S-1; 5, 10, 28S-2. M, 100 bp marker. Arrow mark, amplified size with bar primers.

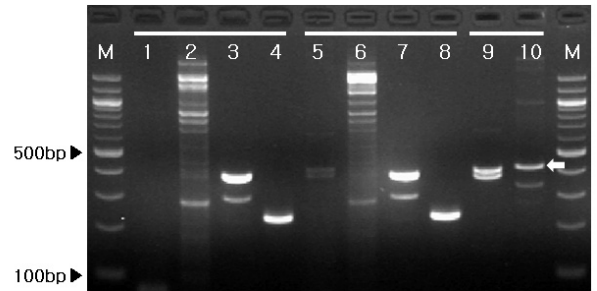


Fig. 2. PCR analysis of DNA from western flower thrips. 1-4, western flower thrips DNA before treatment; 5-8, western flower thrips DNA after treatment; 9-10, GM soybean DNA. Primers used in this study: 1, 5, 9, lectin; 2, 6, 10, bar; 3, 7, 18S-1; 4, 8, 18S-2. M, 100 bp marker. Arrow mark, amplified size with bar primers.

의 도입유전자가 포함된 화분을 이동시키는지를 PCR법을 통해 확인하였다. 분석을 위해 매개충을 GM 콩에 처리한 후 4일 뒤에 화분 수용체인 광안콩에서 꿀벌 및 총채벌레를 채집하였다. 꿀벌은 뒷다리 및 배에 화분을 옮기는 것으로 보고되어 있기 때문에 채집된 꿀벌의 뒷다리만을 잘라 DNA를 추출하였다. 총채벌레는 많은 수가 꽃에 존재하므로 개화중인 광안콩에서 꽃을 털어 총채벌레를 채집한 뒤 DNA를 추출하였다. 추출된 DNA에 GM 콩의 도입유전자가 존재하는지 확인하기 위해 PCR을 수행하였다. 이를 위해 *bar* 유전자를 증폭할 수 있는 프라이머를 사용하였으며, 화분의 DNA가 콩으로부터 유래했는지를 확인하기 위해 콩의 내재 유전자인 *lectin* 유전자를 증폭할 수 있는 프라이머를 같이 사용하였다(Table 1). 또한 PCR 결과물에서 *bar*와 *lectin*이 모두 검출되지 않을 경우 PCR 실험의 성패여부를 확인할 수 있도록 꿀벌과 총채벌레의 DNA를 검정할 수 있는 18S 및 28S 리보솜 유전자를 증폭할 수 있는 프라이머도 같이 이용하였다.

채집된 꿀벌 뒷다리의 PCR 분석 결과 Fig. 1에 나타난 것과 같이 방사 후 채집한 꿀벌에서 *bar*와 *lectin* 유전자가 발견되지 않았다. 이는 콩 화분에 비해 많은 꿀벌 개체수(약 20,000마리) 및 채집시기 등의 원인으로 인해 매개충이 이동시키는 화분의 양이 PCR법으로 확인할 수 있는 검출한계에 미치지 못할 가능성이 제시되어 향후 화분 양 증대 등의 필요가 있다고 사료되었다. 꿀벌의 내재 유전자를 이용한 PCR 검사에서 28S-2 프라이머를 이용한 것에서 목적인 유전자가 가장 잘 나타나는 것을 확인할 수 있었다.

PCR을 통한 총채벌레의 GM 콩 화분 이동 조사 결과 총채벌레 접촉 후 채집한 샘플에서 *bar* 유전자가 발견되지 않았지만 콩의 내재유전자인 *lectin*은 소량 증폭된 것을 확

인할 수 있었다(Fig. 2). 이러한 결과로부터 총채벌레가 화분을 이동시킬 수 있는 가능성이 제기될 수 있으나, 총채벌레 채집 시 꽃으로부터 화분이 같이 샘플링 되었을 가능성도 배제할 수 없었다. 총채벌레의 내재 유전자를 이용한 PCR 조사에서는 18S-2의 프라이머를 이용한 것에서 목적인 유전자가 잘 관찰되는 것을 확인할 수 있었다. 본 연구에서 매개충에 의한 GM 콩 도입유전자의 이동은 발견되지 않아 향후 화분 채집 양을 높이는 등 실험법 개선이 필요할 것으로 생각되었으며, 꿀벌과 총채벌레의 핵 리보솜 유전자 프라이머는 꿀벌과 총채벌레의 유전자이동에 대한 PCR 검사법에서 잘 활용될 수 있을 것으로 기대되었다.

2. 화분 매개충에 의한 GM 콩의 유전자이동성 변화 조사

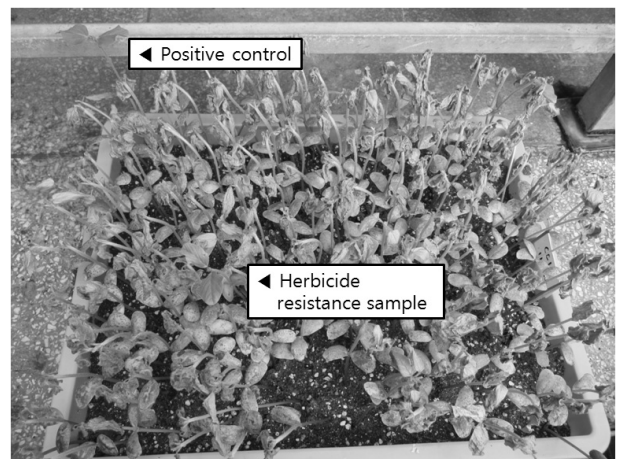
화분 매개충에 의한 GM 콩의 도입유전자 이동 변화 조사는 화분 공여체인 GM 콩과 화분 수용체인 광안콩과의 교잡율을 조사하여 수행하였다. 본 실험을 위해 각 처리구에서 화분 수용체인 광안콩을 15 cm 거리별로 수확하였으며, 수확된 종자는 1주당 약 157개로 꿀벌 처리구에서 6,346립, 총채벌레 7,740립, 무 처리구 8,351립 등 총 22,437립이었다(Table 2). 수확된 광안콩 종자가 바스타 제초제에 저항성을 나타내는 GM 콩과 교잡되었는지 여부를 확인하기 위하여 제초제 선발 실험을 수행하였다. 제초제 선발은 파종 후 2주 후에 0.7% 농도의 바스타 제초제를 2차례 살포한 뒤 저항성을 나타내는 개체를 선발하는 방식으로 진행하였으며, 제초제 선발 결과 꿀벌 처리구에서 36개체, 총채벌레 18개체, 무 처리구 30개체에서 제초제 저항성이 확인되었

Table 2. The result of F1 hybrid by gene-flow from GM soybean to cultivated soybean. Bee means honeybee, thrip means western flower thrips, and non means non treatment.

Samples		Distance (cm)																			Total		
		15	30	45	60	75	90	105	120	135	150	165	180	195	210	225	240	255	270	285		300	
B e e	Sample numbers	114	362	307	497	482	233	426	316	556	321	440	106	506	81	352	359	502	386	383	160	6,346	
	Herbicide selection	1	12	5	6	3	2	5	1				1									1	36
	ImmunoStrip test		1		1	1	1	2														1	6
	PCR analysis																					1	1
T h r i p	Sample numbers	622	87	961	142	582	342	520	98	396	287	599	408	438	576	629	349	448	256	342	718	7,740	
	Herbicide selection	4		5	2	5		1					1										18
	ImmunoStrip test	1		3		5		1					1										11
	PCR analysis	1				1		1															3
N o n	Sample numbers	403	543	476	534	610	258	185	386	468	392	394	327	408	541	250	270	292	614	528	384	7,351	
	Herbicide selection	1	8	4	9	3		5															30
	ImmunoStrip test		1			1																	2
	PCR analysis																						0



(A)



(B)

Fig. 3. Photos of herbicide selection. Before (A) and after (B) treatment of herbicide.

다(Fig. 3, Table 2). GM 콩으로부터 가까운 거리에서 제초제저항성 개체가 많이 발견된 이유는 제초제선발 실험이 격리온실 수용 한계로 1월부터 4월까지 3번에 나누어 실험이 진행되었으며, 이때 1월에 수행된 GM 콩으로부터 가까운 거리의 실험군에서 낮은 온도와 약한 광조건에 영향을 받아 생육이 다른 시기에 비해 저조하여 제초제 처리 후 발아 진행 개체가 발생하는 등 제초제 선발이 비교적 효과적이지 못했기 때문으로 사료되었다. 제초제로 선발된 교잡 후보 개체에 대한 보다 정확한 검정을 위해 PAT 단백질질을 검정할 수 있는 진단막대(LL ImmunoStrip Test Kit)를 이용하여 재검정을 수행하였다. 진단막대 검정 결과 꿀벌

처리구에서 6개체, 총채벌레 처리구에서 11개체, 무 처리구에서 2개체에서 양성반응이 확인되었다(Fig. 4, Table 2). 진단막대 검정 결과 양성으로 판단된 개체에 대한 보다 정확한 검정을 위하여 PCR법을 이용한 재검정을 수행하였다. PCR 분석은 교잡종 검정을 위해 *bar* 유전자를 이용하여 확인하였으며, 콩 내재 유전자인 *lectin* 유전자를 대조구로 이용하였다. PCR분석 결과 꿀벌 처리구에서 1개체와 총채벌레 처리구에서 3개체 등 총 4개체의 교잡종이 최종 확인되었다(Fig. 5, Table 2). 총 20개의 진단막대 양성 반응 개체 중 4개체만이 PCR 양성 반응을 보인 이유로는 진단막대 검정 시 실험상의 오차를 줄이고자 최대한 많은 교



Fig. 4. A part of ImmunoStrip test results. Box means sample of positive reaction for PAT protein.

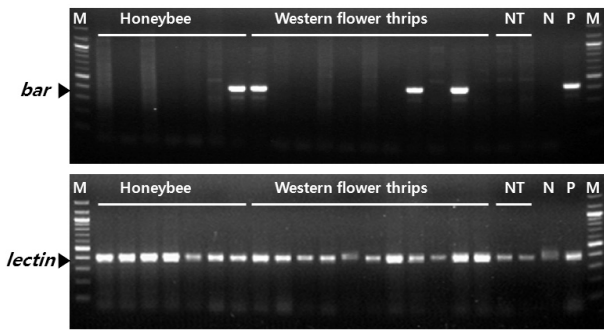


Fig. 5. PCR analysis results using *bar* and *lectin* primer. NT means non treatment. N, negative control (non GM soybean), P, positive control (GM soybean), M, 100 bp marker.

잡 후보군을 확보하기 위해 미약한 양성반응을 보인 개체도 포함시켰기 때문으로 생각되었다.

매개충에 의한 GM 콩 도입유전자의 재배콩으로의 이동 결과를 종합하면 Table 2와 같이 나타낼 수 있다. 유전자 이동에 의한 교잡종은 총채벌레 처리구에서 3개체가 발견되었으며 GM콩 화분원으로부터의 거리는 각각 15, 75, 105 cm로 비교적 근거리이었다. 무 처리구와 꿀벌 처리구에서 모두 근거리에서는 교잡종이 발견되지 않아 총채벌레가 GM콩으로부터 화분을 매개했을 가능성이 제시되었다. 이는 Nakayama와 Yamaguchi(2002) 등이 보고한 총채벌레가 콩 화분 매개에 관여할 수 있다는 결과와 유사하다. 이러한 결과로부터 GM 콩 재배시 총채벌레의 방제가 GM 도입 유전자의 이동성 억제에 기여할 수 있을 것으로 사료되었다. 꿀벌 처리구에서는 GM 화분원에서 가장 거리가 먼 300 cm에서 1개의 교잡종 개체가 발견되었다. 이는 벌의 특성 상 먼 거리까지 화분 매개가 가능했던 것으로 생각될 수도

있다. 하지만 교잡종의 발견 개체가 적어 실험적 오류 등의 가능성도 배제할 수 없다고 사료되었다. 따라서 시험 결과의 재현성을 위해 매개충에 의한 GM 콩의 화분 이동이 충족된 환경조건에서의 유전자이동성 변화에 대한 지속적인 연구가 필요할 것으로 사료되었다. GM 콩과 광안콩 간의 교잡율은 총채벌레 처리구에서 0.034%, 꿀벌 처리구에서는 0.015%로 Chiang과 Kiang(1987)이 보고한 약 0.5 - 0.9% 교잡율과 Ahrent와 Caviness(1994)가 보고한 약 0.09 - 1.63%의 교잡율에 비해 낮은 수치이다. 이는 적은 GM 콩 배치로 인한 화분원의 부족과 실험이 수행된 망실은 실 조건이 야외환경 조건과 다른 점 등이 원인일 것으로 사료되었다.

IV. 결론

전 세계적으로 GM(genetically modified, 유전자변형) 작물의 재배면적은 지속적으로 증가하고 있으며, 이에 따른 GM 작물의 잠재적 위해성에 대한 우려도 증가되고 있는 실정이다. GM 작물의 환경에 대해 가장 큰 우려 중 하나는 GM 작물의 도입유전자가 근연종 및 이종간으로 교잡되어 이동하는 것이다. 콩은 GM 작물 중 가장 많이 재배되는 작물로 국내에도 많은 양이 수입되고 있으며, 특히 우리나라 콩의 야생종인 *G. soja*의 원산지로 GM 콩으로부터의 유전자이동성 조사는 국내 콩 다양성 보존과 LMO 안전관리를 위해 매우 중요하다. 본 연구에서는 콩의 화분 매개충으로 보고된 꿀벌과 총채벌레를 대상으로 이들 방화곤충이 GM 콩의 도입유전자 이동에 관여하는지를 알아보고자 하였다. 유전자이동에 의한 교잡종은 총채벌레 처리구에서 GM 콩 화분원으로부터 비교적 근거리인 15, 75, 105 cm에서 3개체가 발견되었다. 꿀벌 처리구와 아무 매개충이 처리되지 않은 무 처리구에서는 모두 근거리에서 교잡종이 발견되지 않아 총채벌레가 GM 콩으로부터 화분을 매개했을 가능성이 제시되었다. 꿀벌 처리구에서는 GM 화분원에서 가장 거리가 먼 300 cm에서 1개의 교잡종 개체가 발견되어 꿀벌의 특성 상 먼 거리까지의 화분 이동 가능성이 제시되었다.

감사의 글

본 연구는 농촌진흥청 국립농업과학원 농업과학기술 연

구개발사업(과제번호: PJ009609)의 지원에 의해 이루어진 것임.

참고 문헌

- Ahmad QN, Britten EJ, Byth BE. 1977. Inversion bridges and meiotic behaviour in species hybrids of soybeans. *Journal of Heredity*. 68:360-364.
- Ahrent DK, Caviness CE. 1994. Natural cross-pollination of twelve soybean cultivars in Arkansas. *Crop Science*. 34: 376-378.
- Al-Ahmad H, Gressel J. 2006. Mitigation using tandem construct containing a selectively unfit gene precludes establishment of *Brassica napus* transgenes in hybrids and backcrosses with weedy *Brassica rapa*. *Plant Biotech* 4(1): 23-33.
- Baek HJ, Sohn SI, Cho MR, Lee GS, Oh YJ, Park JS, Lee KJ, Oh SD, Suh SC, Ryu TH. 2010. Development of protocol for analyzing pollinator insect-mediated gene transfer from gm crop. *Korean Journal of International Agriculture*. 22(3): 293-297.
- Biosafety white paper. 2013. LMO perception and communication (<http://www.biosafety.or.kr>).
- Cardinala S, Strakab J, Danforth BN. 2010. Comprehensive phylogeny of apid bees reveals the evolutionary origins and antiquity of cleptoparasitism. *PNAS*. 107(37):16207-16211.
- Chiang YC, Kiang YT. 1987. Geometric position of genotypes, honeybee foraging patterns and outcrossing in soybean. *Botanical Bulletin of Academia Sinica*. 28:1-11.
- Danforth BN, Sipes S, Fang J, Brady SG. 2006. The history of early bee diversification based on five genes plus morphology. *PNAS*. 103(41):15118-15123.
- Huang KS, Lee SB, Yeh Y, Shen GS, Mei E, Chang CM. 2010. Taqman real-time quantitative PCR for identification of western flower thrip (*Frankliniella occidentalis*) for plant quarantine. *Biology letters*. 6:555-557.
- Jamse C. 2015. Global status of commercialized biotech/GM crops: 2014, BRIEF 49 (<http://www.isaaa.org>).
- Jang SJ, Park SJ, Piao XM, Song HL, Hwang TY, Cho YG, Liu XH, Woo SH, Kang JH, Kim HS. 2010. Genetic diversity and relationships of Korean, Japanese and Chinese Jilin provincial wild soybeans (*Glycine soja* Sieb. And Zucc.) based on SSR markers. *Korean Journal Breeding Science*. 42(1):87-99.
- Karasawa K. 1952. Crossing experiments with *Glycine soja* and *G. gracilis*. *Genetica* 26:57-358.
- KBCH. 2015. Stats of GM crops in Korea (<http://www.biosafety.or.kr>).
- Nakayama Y, Yamaguchi H. 2002. Natural hybridization in wild soybean (*Glycine max* ssp. *soja*) by pollen flow from cultivated soybean (*Glycine max* ssp. *max*) in a designed population. *Weed Biology and Management*. 2:25-30.
- OECD. 2000. Consensus document on the biology of *Glycine max* (L.) Merr.(soybean).
- Snow AA and Morán-Palma P. 1997. Commercialization of transgenic plants: potential ecological risks. *BioScience*. 47: 86-96.
- Warwick SI, Beckie HJ, Hall LM. 2009. Gene flow, invasiveness, and ecological impact of genetically modified crops. *The Year in Evolutionary Biology 2009: Ann. N.Y. Acad. Sci.* 1168:72-99.