

신식물육종기술의 현황과 사회적 수용을 위한 노력

정유진 · 김종미 · 박수철 · 조용구 · 강권규

Current status of new plant breeding technology and its efforts toward social acceptance

Yu Jin Jung · Jong Mi Kim · Soo-Chul Park · Yong-Gu Cho · Kwon Kyo Kang

Received: 13 December 2018 / Revised: 14 December 2018 / Accepted: 14 December 2018

© Korean Society for Plant Biotechnology

Abstract Although new plant breeding technologies facilitate efficient plant breeding without introducing a transgene, they are creating indistinct boundaries in the regulation of genetically modified organisms (GMOs). The rapid advancement in plant breeding by genome-editing requires the establishment of a new global policy for the new biotechnology, while filling the gap between process-based and product-based GMO in terms of regulations. In this study recent developments in producing major crops using new plant breeding technologies were reviewed, and a regulatory model that takes into account the various methodologies to achieve genetic modifications as well as the resulting types

of mutation were proposed. Moreover, the communication process were discussed in order to understand consumers' current situation and problems of new plant breeding technology, establish social acceptance well, and understand consumers' disputes such as GMO crops.

Keywords Genome editing, Crops, Breeding, GMO, Regulations, Society

서 언

식물 육종기술은 인류가 원하는 방향으로 식물의 기능을 수정하는 기술로, 기존 품종의 불량 형질을 유전적으로 개량하여 우수한 집단을 육성하는 것이다. 식물의 품종 개량은 1) 육종 목표의 설정 2) 육종 소재의 선정 3) 육종 기술의 선정 등 3단계로 나누어 육종 계획 수립으로부터 시작한다. 작물의 육종 목표는 기존 품종을 개량하는 것이다. 예를 들어 지구 온난화의 영향으로 기온이 높아져 토마토 착과의 문제가 대두되어 이를 해결하기 위한 육종목표로 고온에도 착과 할 수 있도록 개량하는 것이다. 육종은 몇 년에서 수십 년이라는 기간이 필요하기 때문에 육종 목표 설정에 있어서는 현재의 요구를 반영 할뿐만 아니라 미래의 변화하는 요구도 예측해야 한다. 육종 소재는 기존의 보유하고 있는 다양한 소재 중에서 육종 목표에 부합하는 소재를 선정한다. 일반적으로 육종가가 보유한 소재 및 기존 품종 중에서 선택되지만 유전 자원 은행 등에 저장된 자원을 이용할 수도 있다. 최근 유전 자원의 이용에 있어서 국제적으로 엄밀한 규정 때문에 돌연변이 처리에 의해 변이확대를 통한 육종 소재 개발에 많은 노력을 하고 있다. 새로운 식물의 육종 기술은 화학 약품 처리와 방사선 이용 등 기존의 돌연변이체의 형질 발현에 관한

Y. J. Jung · K. K. Kang (✉)
국립한경대학교 원예생명과학과
(Department of Horticultural Life Science, Hankyong National University, Anseong 17579, Korea)
e-mail: kykang@hknu.ac.kr

Y. J. Jung · K. K. Kang
국립한경대학교 유전공학연구소
(Institute of Genetic Engineering, Hankyong National University, Anseong 17579, Korea)
e-mail: kykang@hknu.ac.kr

J. M. Kim
한국공공관리연구원
(Korea Public Management Institute, 684 Tongil-ro, Eunpyeong-gu, Seoul, 03371, Korea)

S.-C. Park
서울대학교 그린바이오과학기술연구원
(Crop Biotechnology Institute, Green Bio Science & Technology, Seoul National University, Pyeongchang 25354, Korea)

Y.-G. Cho
충북대학교 식물자원학과
(Department of Crop Science, Chungbuk National University, Cheongju 28644, Korea)

분자 메커니즘에 대해 많은 연구가 진행되고 있다(Wakasa and Widholm 1987; Lee and Kameya 1991; Kim et al. 2005). 식물육종 기술은 유전적 변이의 확대, 목적 변이의 선발, 선발 형질의 고정 등의 몇 가지 과정으로 이루어진다. 이 중 NBT(new breeding technology)는 유전적 변이의 확대에 기여할 수 있는 기술로 기대되고 있다(Francis 2016; Podevin et al. 2013; Belhaj et al. 2015). 기존 육종 방법 중에서 유전적 변이를 확대하는 기술로는 인공 교배, 소포자 및 약 배양, 배주배양, 염색체 조작, 세포 융합, 유전자 재조합 등을 들 수 있다. 또한 적절한 육종 소재를 사용할 수 없는 경우에는 화학약품, 방사선 및 조직·세포 배양에 의한 돌연변이 유발 기술을 사용하고 있다. 인공 교배에 의한 유전적 변이는 염색체 구조변이 및 염색체내 유전자치환 등에 의해 일어난다(Moore and Haig 1991; Wu et al. 2013). 교잡은 양친의 유전적인 차이로 인해 종내 교배와 종간 교잡이 있는데, 종간교잡의 경우 잡종 배아가 도중에 퇴화되기 때문에 배 배양 등을 통해 식물체로 육성하여야 한다. 이런 방법으로도 수행할 수 없을 경우 세포융합기술을 이용한다. 자가수정 작물의 교잡 육종 방법으로는 한 품종과 유전적으로 다른 품종을 교잡한 후 반복적으로 자가수정하여 개체 및 집단 선발하여 자식계통을 육성한다. 이때 양친의 선정은 육종 목표에 적합한 유전적 특성을 가진 품종에서 유전양식, 유전적 유연관계 등의 데이터를 활용하여 결정한다(Yan et al. 2009). 돌연변이 유도에는 방사선, 화학약품, 조직배양이 사용되고 있다. 돌연변이는 인공 교배에 의한 변이 확대에 비해 장점이 있다. 첫째는 기존의 유전자원에 없는 돌연변이를 유발할 수 있고, 다음으로 개량 품종의 유전자형을 전체적으로 변경하지 않고 특정형질을 개선할 수 있다. 또한 생식 양식에서 교배 육종을 선택하기 어려운 영양번식성 작물에 중요한 육종수단이 되고 있다. 돌연변이 육종의 단점으로는 대부분의 유용한 형질은 일반적으로 돌연변이 비율이 낮으며 돌연변이체 선발을 위해 많은 개체를 취급하여야 한다. 따라서 많은 시간과 노력이 필요하고, 얻어진 변이의 대부분이 유전적으로 열성을 갖고 있으며, 돌연변이의 유발 부위를 인위적으로 자유롭게 조작할 수 없다(Abe et al. 2012; Takagi et al. 2015). 최근 차세대 고속 시퀀서 등의 개발을 통해 작물의 중요한 형질 발현의 분자 메커니즘의 이해가 급속히 진행되고 있다. 그리고 그 식견을 이용하여 작물 개량하는 분자 육종학이 탄생되었다. 또한 후성유전학 등의 유전자 발현 제어 및 인공 제한 효소를 이용하여 상동성 재조합 등의 유전자 targeting의 NBT로 분류되는 새로운 기술 개발이 활발하게 진행되고 있다. 1세대 유전자 재조합 기술이 질적 형질의 변경을 주로하고 있는 반면, 후성 유전학은 수량성 등 양적 형질과 관련된 변이의 작출에 성공적이었으며 표적 유전자의 변형은 물론 게놈 전체의 변이 확대 기술로서 기대되고 있다. 이러한 NBT는 육종 체계에서 육종기술의 하나로 자리매김하고 있으며 어떻게 다룰 것인가에 대하여 많은 생각을

하게 된다. NBT가 작물의 변이를 자유자재로 모든 유전자에 가능하게 된다면 NBT에 의해 유전적 변이를 획득한 후 선발과 고정을 통해 직접 육종에 활용할 수 있다고 생각된다. 따라서 본 논문에서는 새로운 식물육종 기술의 현황 및 문제점을 인식하고, 사회적 수용 여부를 잘 수립하여 GMO 작물과 같은 논란이 재현되지 않도록 소비자들의 이해를 도모하고자 커뮤니케이션 과정을 심도 있게 논의하고 고찰하고자 한다.

새로운 식물 육종기술의 개요

Genome 편집

징크핑거 뉴클레아제(Zinc Finger Nucleases, ZFN, ZFNs)는 징크핑거 도메인 및 DNA 절단 도메인으로 구성된 인공 제한 효소이다. 징크핑거 뉴클레아제, 아연 핑거 뉴클레아제로 표기한다. 징크핑거 도메인은 임의의 DNA 염기 서열을 인식하도록 변경 가능하며 이에 따라 징크핑거 뉴클레아제가 복잡한 게놈 중 하나의 배열을 표적으로 하여 게놈 편집을 가능하게 한다(Durai et al. 2005; Shukla et al. 2009). 또한 TALE Nuclease는 식물 병원균 *Xanthomonas* 유래 TALE (Transcription Activator-Like Effector) 단백질의 고도로 보존된 33~35 amino acid로 이루어진 DNA 결합 도메인과 Fok I의 뉴클레아제 도메인을 융합한 하이브리드 효소이다(Joung et al. 2013). TALEN은 헤테로 다이머 인식 서열을 갖는 이중 가닥 DNA를 절단한다. 절단한 후 세포 내 메커니즘을 이용한 비상동말단 재결합(Non-Homologous End Joining : NHEJ)의 수리가 일어나고 이로 인해 모든 유전자의 삽입 및 결실이 이루어진다(Li et al. 2012; Shan et al. 2015). 그리고 마지막으로 “Clustered regularly interspaced short palindromic repeats (CRISPR)/CRISPR associated protein 9 (Cas9)”은 DNA의 모든 염기 서열을 인식하고 그 부분의 절단·치환·결합하는 게놈 편집의 핵심 기술로서 표적이 되는 염기 서열로 이끌어 특이적으로 결합하는 RNA를 가진 CRISPR 및 특정 염기 서열에서 DNA를 절단하는 제한 효소 Cas9로 구성된 단백질 복합체를 사용한다. 원래는 원핵생물이 가지는 획득 면역기구이다(Zhou et al. 2015; Jiang et al. 2013). 이들 편집기술은 염기 서열 특이적으로 이중 가닥 DNA를 절단하는 인공 효소의 구축이 가능하고, 이러한 효소를 이용한 내재 유전자 염기 서열의 특이적으로 절단하여 표적 유전자의 염기의 결실, 치환 또는 삽입 등의 게놈 편집이 가능하다(Fig. 1). 현재는 표적 유전자 이외의 염기 서열에 대한 영향을 배제할 수 없지만 오프 타겟을 줄일 수 있는 연구를 끊임없이 수행하고 있다(Voytas et al. 2014). 외부로부터 유전자 단편을 삽입하지 않고 목적하는 유전자 일부의 염기를 편집한 경우 자연 변이와 구별할 수 없다. 따라서 이들 변이계통은 자연돌연변이와 동등한 것으로 간주되는지? 또는 동등성이 인정되지 않는다면 검출방법과 관리 등이 충분히 검토할 필요가 있다고 생각된다.

Epigenome 편집 및 접목

Small RNA를 통한 DNA 메틸화와 히스톤 수식에 의한 epigenome 편집은 DNA 염기 배열은 변경되지 않지만 동일한 유전자의 다양한 발현 제어가 가능하며, 양적 형질의 변경이 기대되고 있다(Saze et al. 2012; Nathan and Robert 2014). 또한 epigenome 편집은 유전자의 삽입, 수정을 수반하지 않기 때문에 현재 Cartagena법의 규제 대상에서 제외된다고도 생각할 수 있지만 그 평가는 확실하지 않다. 마찬가지로 유전자 재조합체(GMO)의 대목에 접목을 통해 개화와 결실을 통한 수확물은 Cartagena법의 규제 대상에서 제외된다고도 생각되지만 그 평가는 아직 확정되지 않고 있다. 따라서 epigenome 편집, 접목 및 게놈 편집 등의 기법은 생물공학기술을 사용하였으나 자연돌연변이에서 나타난 변이보다 게놈 레벨에서 볼 때 전혀 차이를 느끼지 못하거나, 또는 검증에 대한 과제가 여전히 남겨놓고 있다. 즉 다시 말하면, 생물공학자가 처음 육종에 대한 정보를 제공하지 않는다면, 이들 수확물에 대한 검증 자체가 불가능하다고 생각된다.

신속 효율적 육종을 위한 기술

신속하고 효율적인 육종을 위한 기술로서 Seed Production Technology (SPT), Reverse Breeding, 조기개화에 의한 세대축진기술 등이 개발되었다(Kempe and Gils 2011). 이러한 기법에서 중요한 과제는 육종 과정에서 외래 유전자가 도입된 개체는 GMO로 Cartagena 법의 규제를 받지만 육종이 종료된 후에 도입 유전자를 유전분리에 의해 제거한 개체(Null Segregant)의 취급 여부이다(Jung et al. 2017). 우리나라에서 SPT 프로세스의 생산물은 유전자 재조합체로서 규제 대상이라고 판단하고 있으나 유전분리에 의해 분리된 null Segregant는 어떤 기준으로 규제하고, 또한 보장하느냐가 향후 중요한 과제이다.

Agroinfiltration 및 agroinocuration

아그로박테리움이나 바이러스벡터를 이용하여 일시적인 유전자의 도입 및 발현에 의한 agroinfiltration 및 agroinocuration법으로 그 자체는 식물 육종 기술이 아니다. 일시적으로 도입되어 발현하는 유전자는 다음세대로 유전되지 않는다. Agroinocuration을 이용한 과수류의 세대축진기술은 육종과정에서는 유전자조환기술을 사용하지만 그 다음 세대 실생묘에서는 유전자가 전달되지 않는다고 보고되고 있다(Van der Hoorn et al. 2000). 앞에서 기술한 null segregant와 같이 비재조합 식물의 범주에 들어가는 것으로 판단되는데, 어떻게 도입 유전자가 전파하지 않는다는 것을 증명할 수 있을지가 과제라고 생각된다.

Cis genesis 및 intra genesis

시스 제네시스 및 인트라 제네시스는 동종 또는 교잡 친화력 있는 근연종의 유전자 또는 염기 배열의 도입이라는 개념으

로 육종의 마지막 단계에서 외래 DNA가 식물 게놈에 잔존하지 않는다(Holme et al. 2013). 유전자 도입에 필요한 식물 유래의 border 배열과 선발 마커 유전자의 제거를 증명하는 것이 필수적이다. 또한 이것은 게놈 편집 기준과 밀접한 관계가 있는데 외래유전자라고 판정하는 기준이 염기배열의 차이라고 규정하는 것 또한 매우 위험하다고 생각된다(Fig. 1). 자연계의 같은 종에서 기능이 같은 유전자간의 염기배열 차이는 흔히 찾을 수 있기 때문이다. 따라서 이와 같은 생명공학기술을 이용한 작물들의 평가과제는 여전히 남아있다고 할 수 있다. 이상 간략하게 소개한 것처럼, NBT는 다양한 기술로 이루어지며, 그 어느 때보다 정확하며 신속하고 효율적인 게놈 변경 및 육종 축진이 가능한 기술과 기존의 질적 형질에 양적형질도 추가 적용이 가능한 기술도 포함되어 있다. 따라서 향후 급속히 변화하는 환경에서 식량 생산에서 NBT는 지극히 중요한 기술이 될 것으로 예상된다. 한편 이미 지적했듯이 NBT 의해 육성된 작물에서 변이를 어떻게 감지하는지, 자연변이로 제거된 것과의 차이를 어떻게 해명할 것인지, 또한 의외의 변이와 유전자 기능 개선을 어떻게 평가 하는지 등 NBT에는 많은 기술적 과제도 남아있다. 이를 위해서는 기술 개발과 함께 NBT 기술 자체와 NBT 기술에서 얻은 작물의 평가를 지속적으로 수행하여 NBT기술에 피드백하는 것이 필수적이다. 또한 국제 공조 속에서 세계 공통의 이용 기준을 만드는 것도 매우 중요하다.

위와 같은 이해를 바탕으로 다음과 같은 상황에서의 대응을 제안한다. 즉, NBT의 적절한 수용은 시민의 이해가 필수적이다. 이를 위해 NBT의 개발은 시민에 대한 충분한 정보의 공개가 필수적이다. 또한 NBT를 이용한 작물 개발에 있어서 외래 유전자의 삽입 및 수정이 아니므로 독단적으로 비재조합체라고 판단하는 것이 아니라 Cartagena 법에 따라 실험 계획 등을 신청하여 허가받은 후 실험을 실시하는 종전의 방법과 같이 관리 운용되어야 하며, 많은 시행착오를 통해 더 많은 지식이 집적되는 것이 매우 중요하다. 이러한 운용 및 실적이 쌓이면 우리나라에서 NBT에 대한 더 나은 합의가 나타나길 기대해 본다.

NBT에 대한 사회적 수용

그동안 우리사회는 급속한 경제성장과정에서 과학기술을 적극적으로 받아들이고 육성하는 과학기술진흥정책을 추진해왔는데, 이는 정부 관료와 과학기술자들이 주도해왔다. 과학기술의 발달은 사회의 제반여건을 혁신적으로 변화시킴에 따라 과학기술과 연계된 사회문제를 발생시키고 있다. 이러한 사회문제는 과학적 차원의 문제 보다는 신기술의 사회적 수용과 어느 정도를 어떤 방식으로 관리할 것인지에 대한 정책적 측면에 기인하고 있다. 이러한 과정에서 발생되는 사회적 갈등은 신기술의 편익을 축소시키고 연구개발을 위축 및 지연시킴으로서 관련 기술과 산업 경쟁력의 약화뿐

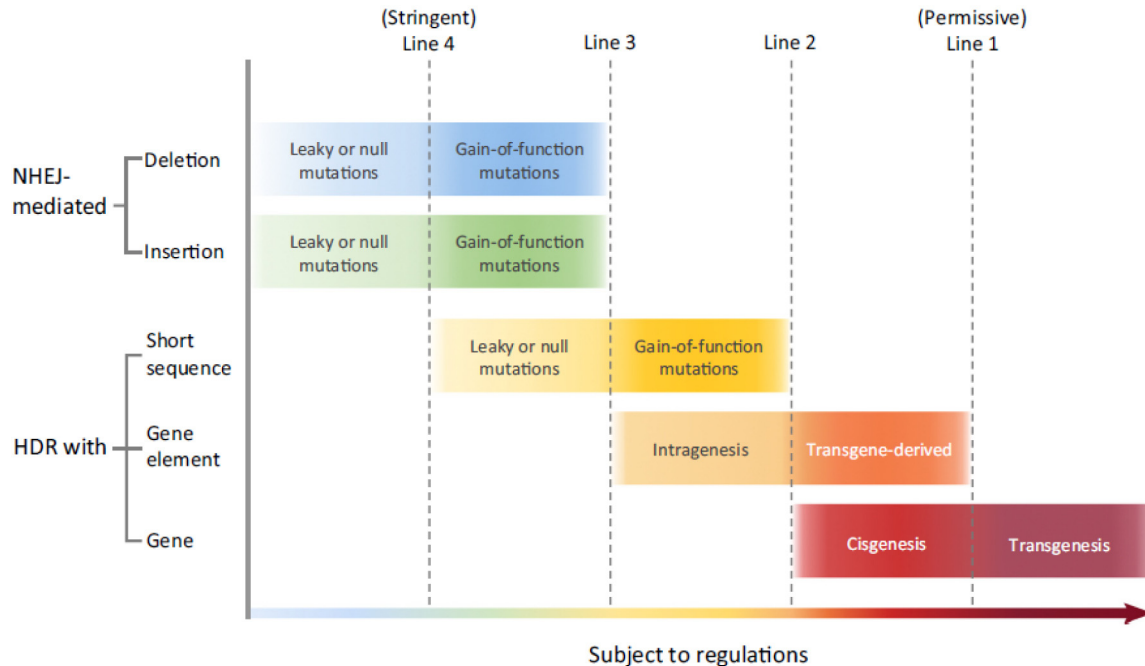


Fig. 1 The presumed regulatory relevance of crop mutants generated with genome editing technology. This analysis assumed that genome editing enzymes are introduced in the form of protein or RNA, and not in form of DNA. Initially, the genome-editing pathways were categorized as non-homologous end-joining (NHEJ) and homology-directed repair (HDR) because HDR requires exogenous DNA that may potentially increase the regulatory relevance in light of the definition of a ‘living modified organism’ in the Cartagena Protocol on Biosafety. HDR was further segmented into three pathways according to the length of exogenous DNA. Although NHEJ can also cause gene modification as HDR with a short DNA sequence, such pathways are treated differently from a regulatory viewpoint. Therefore, NHEJ-mediated indel generation was further subdivided into deletion and insertion. Secondly, genome-editing crops were subdivided based on the type of mutation to map these mutations according to their regulatory relevance. NHEJ-mediated deletion and insertion were categorized into gain-of-function and leaky or null mutations. HDR with a gene element was categorized into transgenesis and cisgenesis. Cisgenesis is considered to be less relevant to the regulations than transgenesis because a cisgene is derived from a cross-compatible species. Similarly, HDR with a short sequence was considered to be less relevant to the regulations than HDR using a full gene element because the short sequence is only a portion of the gene element. HDR with a short sequence was subdivided into gain-of-function mutations and loss-of-function mutations because crops generated via HDR with a short sequence are more likely to resemble crops generated via NHEJ on a product-basis. Crops generated via HDR with a short sequence were considered to be more relevant to the regulations than crops produced via NHEJ owing to the use of exogenous DNA. Four potential regulatory lines are vertically indicated from the most stringent (line 4) to the least stringent (line 1). Mutants which are mapped beyond the regulatory line are significantly relevant to the regulations. Leaky mutations denote a type of mutation that may leave some function, but not at the level of the wild type allele (Araki et al., 2015)

만 아니라 막대한 정책비용의 증가로 기술의 최종 수혜자인 소비자에게 전가되기도 한다. 반면에 새로운 기술의 잠재적 위험성에 대한 감시와 검증요구 등을 통하여 안전성의 제고로 기술의 완성도를 높이는 긍정적 측면도 존재한다.

NBT 기술 개발이 급속히 진전되는 가운데 NBT을 어떻게 관리할 것인지에 대한 논의가 EU 등에서 시작되었지만 NBT의 사회적 수용에 대한 국제적 논의 및 연구 사례가 현저히 부족한 상황이다. 논의의 초점은 NBT을 GM으로 간주할 것인가? 이지만, NBT가 GM이 아니라는 정책적 판단으로 사회적 합의가 될 것이라고 단정하거나 기대하기 어렵다. 최근 NBT기술로 DNA의 변형 흔적이 삭제되는 것을 “유전자 조작, 사라지는 흔적” 이라고 일부 언론에서 보도한 바 있다. 만약 이러한 보도내용으로 인하여 NBT가 불편한 진실을 소비자에게 숨기는 기술로 인식된다면 GMO과 마찬가지로 엄

청난 유익성과 어떤 식품보다 안전성에 대해 철저한 검증이 되었음에도 불구하고 반 GMO단체의 부정적 프레임에 소비자가 갇히게 될 수도 있다. 자국의 농산물보호를 위해 GM농산물에 회의적인 EU의 국가들은 NBT에 대한 비판을 이미 표명하고 있다. 이러한 국제적 상황에서 식량부족으로 쌀을 제외한 대부분의 농산물을 수입하는 우리나라의 경우 NBT에 대하여 우리의 실정에 적절한 책임성 있는 정책과 사회적 수용이 절실하다. 현재 저렴한 수입농산물 덕택에 연간 4천억 원을 음식쓰레기 처리비용으로 사용될 만큼 식량이 낭비되고 있다. 그러나 기후변화와 도시화로 농지면적과 생산량이 감소하는 동시에 인구증가 및 고령화에 따른 식량수요의 증가로 인한 식량부족사태는 매우 심각하며, 남은 시간이 그리 길지 않다.

우리는 곧 직면하게 될 식량부족사태의 대비를 위하여 새

로운 육종기술에 대한 실마리를 누가 어떻게 풀 것인지? 에 지혜를 모아야 한다. 당면과제는 NBT에 대한 객관적 지식과 실태 및 정보의 올바른 소통을 바탕으로 사회적 수용을 도출하는 것이다. 이를 위해 소통분야에서 과정과 구성요소를 설명하는 데에 보편적으로 통용되고 있는 SMCRE 모형의 SMC에 대한 논의를 하고자 한다. 이는 GMO에 대한 사회적 갈등과 반GMO단체의 부정적 프레임을 타산지적으로 삼아 향후 NBT에 대해서는 GMO와 같은 왜곡된 사회적 수용의 재현이 발생되지 않기 위해서다.

어떤 정보원(Source)이어야 하는가?

정보원은 일반적으로 “지식이나 정보를 제공하는 자”를 말하며, 정보원이 얼마나 많고 그들이 가지고 있는 견해가 어느 정도 일치되는가, 사실적 근거에 입각하여 정보를 제공하는가, 다양한 이해관계자의 견해를 수렴하고 있는가에 따라 신뢰성이 좌우된다. 정보원은 연구자 및 전문가 집단의 검증된 사실만을 제공하기 보다는 정보원의 입장에 따라 출처가 불분명한 ‘~하더라’식의 추측성 내용뿐만 아니라 검증하기 전에는 구별할 수 없는 가짜정보가 넘치고 있다. 한국공공관리연구원의 2018년 조사결과에 의하면 우리나라의 소비자들은 GMO에 대한 지식이나 정보를 자발적으로 수집하는 경우가 34%로 나타났으며, 이는 소비자의 66%가 수동적 정보노출로 인식하고 판단한다는 것을 의미한다. GMO와 같은 새로운 과학기술에 대한 수용에는 높은 전문성을 요구하므로 대부분의 소비자들은 스스로 판단하기 보다는 그들이 신뢰하는 기관에 의존하게 된다. 따라서 소비자가 신뢰하는 기관의 내용이 그대로 수용될 가능성이 매우 높다. 소비자의 기관신뢰도에 대한 조사에서 2011년 이후 NGO단체가 전문가 집단보다는 낮지만 정부기관과 공급기관보다 높은 신뢰도를 지속하고 있다. 그동안 NGO단체는 반 GMO운동의 주도적 입장을 취하고 있다. 목적은 다르지만 반대라는 수단이 동일한 이해관계 집단과 함께 1건의 사례도 없는 인체 안전성에 대한 부정적 프레임으로 일관하는 정보원이다(<http://www.inspection.gc.ca/eng/1297964599443/1297965645317>, <https://laws-lois.justice.gc.ca/eng/>). 스스로 정보처리 능력이 부족할수록 전문가의 안전하다는 말보다 비전문가의 불안하다는 선동에 심리적으로 미니맥스의 논리가 더 작동될 수 있다. 그렇다면 어떻게 소비자가 올바른 정보나 지식의 공유와 소통을 통한 합리적 수용이 될 수 있도록 할 것인가? 소비자에게 정보원의 소개나 안내 뿐만 아니라 올바른 정보원의 선별법을 알려주는 것이 시급하다. 우선 과학적, 경제적, 정치적, 환경적, 사회문제 해결을 위한 다양한 관점의 정보를 충분히 제공하는가? 제공하는 정보내용의 출처가 분명하고 출처가 검증된 또는 검증 가능한가? 해당분야의 전문성이 충분히 갖추고 있는가? 현재뿐만 아니라 미래를 예측하고 있는가? 국가별, 집단별 다양한 이해관계를 포괄하는 종합적 내용인가? 중립적 입장의 정

보원인가? 양방향 소통체계가 가능한가? 등을 선별기준으로 참고하는 것이 중요하다. 동시에 이러한 기준에 충족하며 접근성이 용이한 정보원이 많다면 더할 나위없다. 이외에 모든 정보원이 사용하는 용어가 합의로 일관성을 유지해야 한다. 특히 해당되는 내용은 쉽고 간결하지만 정확히 담아내는 개념정의가 필요하다. GMO의 경우 농업생명공학, 유전자변형생물체, 유전자조작, 유전자 재조합, 유전공학작물, LMO 생명공학 등 혼용해서 사용할 뿐만 아니라 사회적으로 부정적 이미지로 고착된 용어의 선정으로 소비자에게 부정적이며, 혼란을 가중시켜 왔다. NBT의 경우 새로운 식물 육종 기술이라고 설명하여도 대중은 그 기술 내용을 잘 모르고 있는 실정이다. 앞서 설명한 genome 편집, epigenome 편집 및 접목, SPT, reverse breeding, 조기개화에 의한 세대축진기술, agroinfiltration 및 agroinoculation법, cis genesis 및 intra genesis 기술등은 왜 NBT라는 하나의 카테고리로 정리하는지에 대해 그 의도를 잘 모르겠다. 과학적 지식이 충분하지 않은 단계에서 정확한 정의에 합의하는 것이 어렵지만, 과학 기술의 리스크 평가 및 관리 규정과 밀접한 관련을 갖고, 관리 규제의 국제 정합성을 도모하는데 필요하다. NBT에 대해서 오해와 편견을 막을 수 있으며, 해당기술의 본질과 핵심을 담은 개념정의와 용어 선정이 NBT의 사회적 수용을 위한 첫 단추이며, 연구자 및 전문가 집단의 중요한 역할이라고 생각한다. 우리는 이미 어긋난 첫 단추로 GMO에서 어려움을 겪고 있는 중이다.

메시지(Message)를 어떻게 구성할 것인가?

지식이나 정보의 내용을 메시지라고 한다. 그 동안 메시지와 관련하여 중시되었던 것은 주로 충분한 정보 전달과 정보내용의 정확성이다. 그러나 정보수용자 입장에서는 메시지의 형식과 종류, 성향 및 구성에 영향을 받는 것으로 확인되고 있다. 과학 기술의 커뮤니케이션은 그 기술 내용을 평이한 말로 알기 쉽게 소개하려는 노력을 해야 한다. 그러나 많은 사람들은 “그 기술에 대해 알기 쉽게” 보다 “그 기술이 사회와 개인에 미칠 수 있는 영향에 대해 알기 쉽게” 전달하는 것이 커뮤니케이션의 테마라고 생각한다. 기술이란 사회에서 문제를 해결하기 위한 것이며, 시민들이 알고 싶은 포인트는 바로 거기에 있다. 그 기술에 의해 문제의 해결책을 예상하여 사회적인 과제를 제시하고, 그 기술이 다른 기술에 비해 얼마나 목적 달성에 있어서 우위에 있는지를 이야기하고, 지금 그 기술이 왜 필요한지를 시민이 객관적으로 평가할 수 있도록 하여야 한다. 만약 사과의 조기 개화 유전자 활용에 의한 세대 축진법을 예로 든다면, 첫째, 품종 개량에 있어서 시간이 많이 걸리는 것이 왜(이익을 얻은 개별 육종가의 것이 아니라) 사회 전체에 있어서 문제가 되는지 설명이 필요하다(<http://governor.vermont.gov/newsroom-gmo-bill-signing-release>). 또한 이 기술이 다른 육종 기술과의 장단점을 비교해서 제공하면 시민들이 검토할 수 있도록 하는 것이다. 그

동안 설득적 메시지(편의성 및 긍정적 측면 강조)가 사회적 수용의 제고방안으로 알려져 왔다. 메시지에는 핵심 및 주요 기술의 내용, 리스크의 평가 및 관리 규제 등이 포함되어야 한다. 관리 규정에서 부당한 리스크와 분배상의 불공정, 책임 소재 여부 및 규제자의 태도 등도 중요하다고 생각한다. 또한 새로운 과학 기술의 커뮤니케이션의 효과와 수용의 제고를 위해서는 메시지에 신기술의 산출물을 예시하는 것이 매우 효과적이다. 신기술이 적용된 구체적인 산물을 통해서 신기술이 사회와 개인에 어떤 영향을 미치는지 소비자 스스로 감지할 수 있기 때문이다. 좋은 이미지 형성과 소비가 확산되는 나노 콜라겐과 나노 콜로이드 등 나노 기술을 이용한 식품들이 좋은 사례이다. 소비자는 직접 편의를 느끼지 않을 경우 혁신적 신기술에 대한 메시지를 접하더라도 기술의 수용에는 소극적이기 쉽다. 그러므로 NBT가 사회와 개인에 어떤 장점을 부여하는지 실감 할 수 있는 산출물을 실례로 제공하는 것이 필요하고 생각한다.

어떤 매체와 경로를 이용하여 정보를 전달할 것인가?

커뮤니케이션에 있어서 어떤 매체와 경로를 이용하여 정보와 의견을 전달할 것인지에 대한 채널(Channel) 요소가 검토되어야 한다. 가능한 왜곡 없이 신속하고 정확하게 정보가 전달될 수 있는 전달통로를 확보하는 것이 관건이다. 일반적인 정보원은 언론매체나 인터넷을 통한 미디어 활용방식도 있지만 보고서를 포함한 각종 인쇄물의 배포, 설명회, 간담회, 토론회, 세미나, 포럼 등과 같은 대면 전달방식을 활용하고 있는 실정이다. 우리나라 소비자가 가장 선호하는 정보수집매체는 TV(60%)와 인터넷(26%)이며 두 매체의 합이 80%를 상회하는 수준이다. 두 매체의 선호 이유는 채널의 접근성이 높기 때문이다. 선호하는 매체의 집중화 현상이 클수록 선호하는 매체의 정보내용이 편향되었거나 오류가 있을 경우 바로잡기가 대단히 어렵다. 두 매체는 정보확산력이 매우 높기 때문에 처음 부정적 메시지가 인식된다면, 소비자의 수용도 제고를 기대하기 어렵다. 무엇보다 다양한 채널의 활용이 요구되고 있지만 대면성 및 양방향 소통이 가능한 채널의 확산이 필요하고 생각한다. 미국에서 GM작물을 재배하는 농민이 도시민을 대상으로, 현장에서 대면성 소통 방식으로 GM기술을 소개하고 이해시킨 결과 매우 긍정적인 효과가 있었다. NBT 기술을 통한 소비자와의 소통은 기술을 개발하는 것이 목표가 아니라, 그 기술을 활용하여 사회의 과제를 해결하는 것이 목표가 된다면, 육종가와 생산자(농업인) 및 소비자가 함께 상업화·실용화가 빠르게 전개될 것이라고 생각한다. 따라서 기술에 관련된 다양한 이해관계자의 참여를 높임으로서 위험요소의 타협(Risk trade-off) 문제가 검토되어 사회 속에서 어떻게 그 기술을 활용하는 것이 유효한가를 모색 할 수 있다. NBT 커뮤니케이션에 있어서도 이해관계자뿐만 아니라 다양한 집단의 참여와 다양한 전달통로의 활용이 필수적이라고 생각한다.

Acknowledgement

This work was carried out with the support of “Cooperative Research Program for Agriculture Science & Technology Development (Project No. PJ01319302)” Rural Development Administration, Republic of Korea.

References

- Abe A, Kosugi S, Yoshida K, Natsume S, Takagi H, Kanzaki H, Matsumura H, oshida K, Mitsuoka C, Tamiru M, Innan H, Cano L, Kamoun S, Terauchi R (2012) Genome sequencing reveals gronomically important loci in rice using MutMap. *Nat Biotechnol* 30:174-178
- ACRE (2002) The criteria used by ACRE to gauge harm when giving advice on the risks of releasing genetically modified organisms to the environment. http://www.defra.gov.uk/environment/acre/harm/pdf/acre_harm_report.pdf
- Araki M and Ishii T (2015) Towards social acceptance of plant breeding by genome editing. *TRPLSC*:1257
- Baker GA and Mazzocco MA (2002) Consumer response to GMO foods: branding, certification, and consumer characteristics, AAEE-WAEA Annual Meeting, Long Beach, California, July 28-31
- Belhaj K, Chaparro-Garcia A, Kamoun S, Patron NJ, Nekrasov V (2015) Editing plant genomes with CRISPR/Cas9. *Curr Opin Biotech* 32:76-84
- Cellini F, Chesson A, Colquhoun I, Constable A, Davies HV, Engel KH, Gatehouse AMR, Karenlampi S, Kok EJ, Leguay JJ, Lehesranta S, Noteborn HPJM, Pedersen J, Smith M (2004) Unintended effects and their detection in genetically modified crops. *Food Chem Toxicol* 42:1089-1125
- Durai S, Mani M, Kandavelou K, Wu J, Porteus MH, Chandrasegaran S (2005) Zinc finger nucleases: custom-designed molecular scissors for genome engineering of plant and mammalian cells. *Nucleic Acids Res* 18:5978-5990
- Fan J, Jia H (2013) The GM corn carcinogenic study and the proper reasoning on controversial research. *Chinese Bulletin of Life Science* 25:552-559
- Holme IB, Wendt T, Holm PB (2013) Intragenesis and cisgenesis as alternatives to transgenic crop development. *Plant Biotechnol J* 11:395-407
- Jiang W, Zhou H, Bi H, Fromm M, Yang B, Weeks DP (2013) Demonstration of CRISPR/Cas9/sgRNA-mediated targeted gene modification in Arabidopsis, tobacco, sorghum and rice. *Nucleic Acids Res* 41:e188
- Joung JK and Sander JD (2013) TALENs: a widely applicable technology for targeted genome editing. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* 14, 49-55
- Jung YJ, Bae SS, Lee GJ, Seo PJ, Cho YG, Kang KK (2017) A novel method for high-frequency genome editing in rice, using the CRISPR/Cas9 system. *J plant Biotechnol* 44:89-96

- Kempe K, Gils M (2011) Pollination control technologies for hybrid breeding. *MOL BREEDING* 27:417-437
- Kim DS, Lee IS, Jang CS, Kang SY, Seo YW (2005) Characterization of the altered anthranilate synthase in 5-methyltryptophan resistant rice mutants. *Plant Cell Rep* 24:357-365
- Lee HY, Kameya T (1991) Selection and characterization of a rice mutant resistant to 5-methyltryptophan. *THEOR APPL GENET* 82:405-408
- Li T, Liu B, Spalding MH, Weeks DP, Yang B (2012) High efficiency TALEN-based gene editing produces disease-resistant rice. *NAT BIOTECHNOL* 30:390-392
- Moore T, Haig D (1991) Genomic imprinting in mammalian development: a parental tug-of-war. *TRENDS GENET* 7:45-49
- Podevin N, Davies HV, Hartung F, Nogu e F, Casacuberta JM (2013) Site-directed nucleases: a paradigm shift in predictable, knowledge-based plant breeding. *TRENDS BIOTECHNOL* 31:375-83
- Qu tier F (2016) The CRISPR-Cas9 technology: Closer to the ultimate toolkit for targeted genome editing. *Plant SCI* 242:65-76
- Rose NR, Klose RJ (2014) Understanding the relationship between DNA methylation and histone lysine methylation. *BIOCHIM BIOPHYS ACTA* 1839:1362-1372
- Saze H, Tsugane K, Kanno T, Nishimura T (2012) DNA methylation in plants: relationship to small RNAs and histone modifications, and functions in transposon inactivation. *PLANT CELL PHYSIOL* 53:766-784
- Shan Q, Zhang Y, Chen K, Zhang K, Gao C (2015) Creation of fragrant rice by targeted knockout of the OsBADH2 gene using TALEN technology. *PLANT BIOTECHNOL J* 13: 791-800
- Shukla VK, Doyon, Y, Miller JC, DeKolver RC, Moehle EA, Worden SE, Mitchell JC, Arnold NL, Gopalan S, Meng X, Choi VM, Rock JM, Wu YY, Katibah GE, Zhifang G, McCaskill D, Simpson MA, Blakeslee B, Greenwalt SA, Butler HJ, Hinkley SJ, Zhang L, Rebar EJ, Gregory PD, Urnov FD (2009) Precise genome modification in the crop species *Zea mays* using zinc-finger nucleases. *NATURE* 459:437-441
- Takagi H, Tamiru M, Abe A, Yoshida K, Uemura A, Yaegashi H, Obara T, Oikawa K, Utsushi H, Kanzaki E, Mitsuoka C, Natsume S, Kosugi S, Kanzaki H, Matsumura H, Urasaki N, Kamoun S, Terauchi R (2015) MutMap accelerates breeding of a salt-tolerant rice cultivar. *NAT BIOTECHNOL* 33: 445-449
- Van der Hoorn RA, Laurent F, Roth R, De Wit PJ (2000) Agroinfiltration is a versatile tool that facilitates comparative analyses of Avr9/Cf-9-Induced and Avr4/Cf-4-induced necrosis. *MOL PLANT MICROBE INTERACTIONS* 13:439-46
- Voytas DF and Gao C (2014) Precision genome engineering and agriculture: opportunities and regulatory challenges. *PLoS Biol.* 12, e1001877
- Wakasa K, Widholm JM (1987) A 5-methyltryptophan resistant rice mutant, MTR1, selected in tissue-culture. *THEOR APPL GENET* 74:49-54
- Wu X, Johansen JV, Helin K (2013) Fbx110/Kdm2b recruits polycomb repressive complex 1 to CpG islands and regulates H2A ubiquitylation. *MOL CELL* 49:1134-1146
- Yan J, Shah T, Warburton ML, Buckler ES, McMullen MD, Crouch J (2009) Genetic characterization and linkage disequilibrium estimation of a global maize collection using SNP markers. *PLOS ONE* 4:e8451
- Zhou X, Jacobs TB, Xue LJ, Harding SC, Tsai CJ (2015) Exploiting SNPs for biallelic CRISPR mutations in the out crossing woody perennial *Populus* reveals 4-coumarate:CoA ligase specificity and redundancy. *NEW PHYTOL* 208: 298-301