

연구보고서(연차)

NIE-A-2024-10

2024년 단백질 기반 LMO의 환경위해성 연구

Research on the environmental risk assessment of
protein-based LMOs

NATIONAL
INSTITUTE OF ECOLOGY

연구진

연구책임자	천성준	LMO팀	전임연구원(연구책임자)
연구참여자(내부)	남경희	LMO팀	선임연구원(연구부책임자)
	김지훈	LMO팀	연구원(실무자)
	정영준	LMO팀	전임연구원
	박진호	LMO팀	선임연구원
	이준우	LMO팀	전임연구원
	이은선	LMO팀	전임연구원
	한성민	LMO팀	연구원
	설민아	LMO팀	연구원
	윤아미	LMO팀	연구원
	노동현	LMO팀	연구원
	임혜송	LMO팀	연구원

본 연구진은 연구윤리를 준수하였음을 서약합니다.

목 차

요 약 문	
-------------	--

I. 서론	
-------------	--

1. 단백질 기반 LMO의 환경위해성 연구	4
가. 단백질 기반 LMO 정의 및 현황	4
나. 단백질 기반 LMO의 위해성 평가 항목 발굴 필요성	9
다. LMO 모니터링 및 유전자 오염 조사 결과와 환경 위해성 평가 간 연계 필요성	12
라. 모의환경을 이용한 단백질 기반 LMO의 위해성 평가	15
마. 자연생태계 통합 위해성평가 체계 개발 차세대 염기서열 분석 기술의 적용과 LMO 관리의 혁신적 접근	17
바. 환경 마이크로바이옴을 기반으로 한 LMO 환경 위해성 평가의 방향성 로드맵과 국내 정책적 시사점	20

II. 연구내용 및 방법	
---------------------	--

1. 국내 수입·승인 단백질 기반 LMO 위해성평가 항목 발굴	24
가. 기존 문헌 및 심사 자료 검토	24
나. 국내외 위해성 심사 항목 비교 및 발굴	25
다. 평가 항목 도출 및 전문가 자문을 통한 지침서 초안 설계	25
2. 단백질 기반 LM 식물 자연생태계 유출지 모의환경 위해성평가	26
가. 현장 구역 모니터링 및 구역 설정	27
나. 자연 생태계 분포 LM 갯 및 야생형 갯의 형태학적 비교	30
다. 식물 공생체 및 미생물 군집 연구	31
라. LMO 유전자 오염지 주변 곤충 마이크로바이옴 연구	34
마. 모의환경 실험	35
3. 단백질 기반 LM 미생물 유출지 모의환경 위해성평가	3
4. 환경부 자연생태계 통합 위해성평가 체계 구축	39

표 목차

표 1. 주요 국가 5개국 작물별 단백질 기반 LMO 재배면적 비중	4
표 2. 자연생태계와 모의환경 실험의 장단점 비교	16
표 3. 통합고시 별표 10-1 일부 발취	19
표 4. 각 세대별 대표적인 장비 및 특징	20
표 5. 환경부 단백질 기반 LMO 자연생태계 위해성 협의심사 진행 현황 24년 10월 기준	42
표 6. 위해성심사의 기준이 되는 친숙성과 실질적 동등성	43
표 7. 주요 국가들의 LMO 위해성 심사제도	46
표 8. 수평적 유전자 이동 확률이 높은 미생물 출현 목록	4
표 9. LM 미생물 위해성평가를 위한 세부 평가 항목	6

그림 목차

그림 1. 전세계 연도별 유전자 변형 작물 재배 면적 변화	, 201	5
그림 2. 무작위 돌연변이화	, 기존 LMO 형질전환 방법,	
신규 유전체 편집 기술.		6
그림 3. 정부 LMO 안전관리 체계.		7
그림 4. 비의도적으로 유출된 LMO의 언론 보도 기사 일부 발췌.		
그림 5. LMO 유출 사례와 주변 자연생태계 내 생물 간 상호작용.		9
그림 6. 쿤밍-몬트리올 글로벌 생물다양성 프레임워크가 채택된		
15차 유엔 생물다양성회의.		10
그림 7. 자연생태계에서 나타날 수 있는 환경미생물군 및 다른 생물간의 상호작용.	...	11
그림 . 연도별 대한민국 LMO 발견지역 수 및 발견 개체수.		12
그림 9. 비의도적으로 재배된 LMO가 재배지로부터 자연생태계로 유전자 전이 및		
오염이 진행되는 과정.		13
그림 10. 제4차 안전관리계획에 따른 오전자오염지역 관리 로드맵.		15
그림 11. 를 이용한 메타바코딩 분석 과정 개요.		17
그림 12. 차세대 분석 기술을 도입한 자연생태계 LMO 환경위해성평가 시스템.		1
그림 13. 환경위해성평가 마이크로바이옴 로드맵	, 2024	21
그림 14. 마이크로바이옴 기반 자연생태계 환경위해성 연구.		22
그림 15. 마이크로바이옴 기반 분석 파이프라인.		23
그림 16. 통합적 접근을 이용한 현장 LMO 위해성평가 분석 방식.		27
그림 17. 간이면역검사를 이용한 유전자 오염지 현장 개체 확인.		2
그림 1 . 중점 조사 지역 선정과 주변 조사 구역 특징.		2
그림 19. 위해성평가용 LMO 야생 근연종 확산 방지를 위한 제초 작업.		29
그림 20. 식물 형태학적 특성 조사 항목 및 각 부위의 역할.		30
그림 21. M 라이브러리 제작 과정 도식도.		32
그림 22. 십자화과 식물과 상호작용하는 대표적인 절지동물군.		34
그림 23. 모의환경 이식을 위한 아크릴 박스 제작 모형과 실제 활용 예시.		36
그림 24. LM 및 -LM 갖 사엽을 이용한 공벌레 섭식 실험.		37
그림 25. 나노포어용 라이브러리 제작 도식도.		40
그림 26. 의 환경 마이크로바이옴 로드맵 및 브리핑		53

그림 27. 유전자 오염지 위해성평가 수행지.	54
그림 2 . 유전자 오염지 LMO 간이 면역 검사 결과 일부.	55
그림 29. 조사구 인근 자연생태계.	56
그림 30. LM 식물 및 야생형 식물의 형태학적 비교 사진.	5
그림 31. LM 식물 및 야생형 식물의 형태학적 비교 결과.	60
그림 32. 유전자 오염지 LMO, 근연종 및 주변 꽃 미토콘드리아 시퀀스 다양성.	61
그림 33. 유전자 오염지 현장 LMO 및 WT 전생물체 분석결과 박테리아	63
그림 34. 유전자 오염지 현장 LMO 및 WT 전생물체 분석결과 곰팡이	65
그림 35. LMO 유전자 오염지 주변 곤충 마이크로바이옴 분석 결과.	6
그림 36. 모의환경 내 LMO 성장 사진.	69
그림 37. 모의환경 내 LMO 및 WT의 시계열 초장 변화.	70
그림 3 . 모의환경에서 실험 기간 중 확인된 생물 출현종.	71
그림 39. 모의환경 내 LMO 발아 가능성 확인.	73
그림 40. 현장 중점연구지역 시계열에 따른 관리 및 변화.	74
그림 41. 공벌레 LM 및 -LM 갓 사엽 섭식 결과. 표현형질 특징 변화 박테리아와 곰팡이 미생물 군집 분포 박테리아와 곰팡이 미생물 군집 분포 M 분석 및 시각화.	76
그림 42. 선별된 카드뮴 내성 LM 미생물.	0
그림 43. 카드뮴 조건에 따른 좌 일반 배지, 우 카드뮴 1 M 조건하 성장 그래프.	1
그림 44. 모의환경 조성을 위한 폐광산 시료 샘플링과 모의환경 실험 사진.	2
그림 45. 모의환경에서 확인된 미생물 군집 분포.	3
그림 46. 중금속 오염지 모의환경 내 속 계통도.	5
그림 47. 환경부 이용 환경정화용 LMO 도입유전자 평가 가이드라인 책자. ...	9
그림 4 . 실시간 자연생태계 생물다양성 평가 시스템 프로토타입	94

요약문

단백질 기반 LMO의 비의도적 환경 유출 및 유전자 오염 사례가 발생하며 환경 위해성에 대한 우려가 커지고 있다. 환경부의 환경 위해성 평가 가이드라인이 부재한 상황에서, 다국적 LMO 개발사 및 관계 기관의 요구가 증가하고 있다. 이에 본 연구는 「유전자변형생물체의 국가 간 이동 등에 관한 법률」 통합고시 별표 10-1의 주요 항목인 상호작용, 세부 위해 영향, 환경 위해성, 도입유전자 관련 자료등을 중심으로 국내 자연생태계 기반 자료를 확보하고, 환경 위해성 평가를 위한 가이드라인 개발을 목표로 한다. 이를 위해 본 연구에서는 단백질 기반 LMO를 식품·사료·가공용 과 환경정화용으로 구분하여 각 용도에 적합한 위해성 평가 항목을 발굴하고, 이를 기반으로 평가 지침안 을 작성하였다. 또한 국제적 위해성 평가 동향을 분석하여, 환경 위해성 평가에 환경 마이크로바이옴 개념의 적용 필요성을 논의하였다. 현안으로 제기된 유전자 오염지를 중심으로 현장 환경 위해성 평가를 실시하여, 중점 연구 지역을 설정하고 식물 전생물체 및 주변 생물 마이크로바이옴 연구를 진행하였다. 그 결과, LM 갖은 야생 갖과 비교해 꽃과 잎의 박테리아 군집에서 뚜렷한 차이를 보였으며, 주변 생물의 마이크로바이옴 또한 차이를 나타냈다. 생태계 분해자를 대상으로 한 LM 갖 섭식 실험에서는 LMO 섭식 시 장내 마이크로바이옴 구성이 변화함을 확인하였다. 격리 온실에서 LMO 재증식 과정을 모니터링한 결과, 확산 우려 없이 모의환경 연구 활용 가능성을 입증하였다. LM 식물뿐만 아니라 LM 미생물의 환경 위해성 평가를 위해 오염지 환경을 모사한 실험을 통해 중금속 내성 LM 미생물의 적응도와 환경 내 수평 유전자 전달 가능성을 평가하였으며, 이를 기반으로 LM 미생물의 환경 위해성 평가 항목을 발굴하였다. 아울러 환경부의 자연생태계 통합 위해성 평가 체계 구축을 지원하고자, 시급성이 높았던 환경부 이용 환경정화용 LMO 도입유전자 평가 가이드라인 을 작성 및 발간하여 안전관리 체계를 강화하였다. 마지막으로, 3세대 기술을 활용한 실시간 생물다양성 평가 시스템을 개발하여 현장에서의 활용 가능성을 검증하였다. 이러한 연구 결과는 국내 자연생태계 내에서 LMO가 생물다양성 및 생태적 상호작용에 미치는 영향을 선제적으로 평가하는 기반을 마련하였으며, 향후 LMO 위해성 심사 및 안전 관리 체계를 강화하는 데 기여할 것이다.

핵심어 유전자변형생물체 환경위해성평가 생물다양성 생물간 상호작용

LMO ,
 99% LMO ,
 . T
 M
 LMO ,
 . T
 10-1 T
 M L M O ,
 ,
 . T
 , LMO
 ,
 ,
 ,
 LMO
 .
 -
 ,
 .
 LM
 ,
 . LM
 .
 LM
 . M LMO
 . LM ,
 . T
 LM .
 ,
 LMO -
 ,
 . L , -
 -

T

,

-

.

LMO

,

LMO

.

L

M

O

I. 서론

1. 단백질 기반 LMO의 환경위해성 연구

가. 단백질 기반 LMO 정의 및 현황

유전자변형생물체 L M O , 이하 LMO 는 19 0년대 후반부터 본격적인 연구와 상업화가 시작되었다. 19 7년에 몬산토, 칼젠, 듀폰 등 다국적 기업들이 제초제에 저항성을 갖는 유전자 변형 토마토의 시험 재배에 성공하며 LMO의 상업적 가능성을 열었고, 이후 1996년에는 몬산토의 제초제 저항성 콩과 노바티스의 해충 저항성 옥수수가 개발·재배되면서 LM 작물이 본격적으로 상업화되었다. 유전자 변형 기술은 옥수수, 콩, 목화, 카놀라와 같은 주요 작물의 품종 개선에 활용되며, 생산성 증대와 경제적 가치를 극대화하는 데 중요한 역할을 해왔다 표 1, 그림 1 . 2017년 기준으로 전 세계 주요 작물의 약 90%가 유전자 변형 생물체로 재배될 정도로, LMO는 농업 생산성 향상을 위한 필수적 요소로 자리 잡고 있다 한국바이오안전성정보센터, 2017 .

표 1. 주요 국가(5개국) 작물별 단백질 기반 LMO 재배면적 비중

국가	작물	LMO 재배면적(백만ha)	비중(%)
미국	옥수수	33.17	92
	콩	30.43	94
	면화	5.31	98
	사탕무	0.45	100
	카놀라	0.89	100
브라질	콩	35.1	95.7
	옥수수	16.3	89
	면화	1.4	84
아르헨티나	콩	17.5	96
	옥수수	5.9	91
	면화	0.48	90.5
캐나다	카놀라	8.8	95
	옥수수	1.6	89
	콩	2.1	82
인도	면화	11.9	94

자료

55

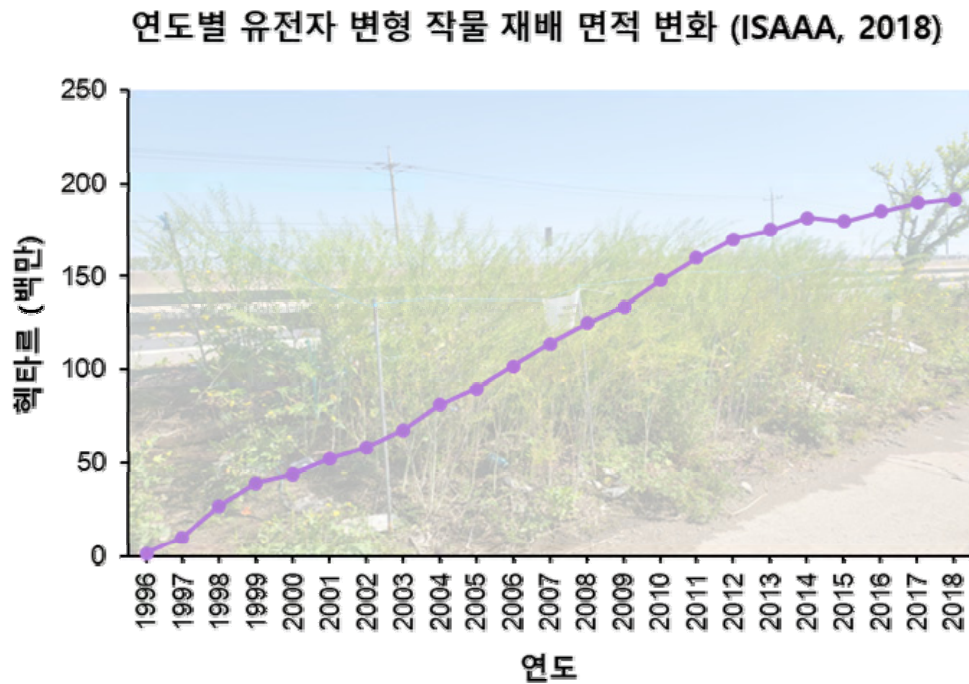


그림 1. 전세계 연도별 유전자 변형 작물 재배 면적 변화(ISAAA, 2018).

최근 - 9 등의 유전자 편집 기술이 개발되면서 새로운 형태의 유전자 변형 생물이 등장하고 있다 , , 2014 . 이에 따라 기존의 LMO와 구분하기 위해 본 과제에서는 전통적인 유전자 삽입 방식을 통해 단백질을 발현하게 하는 기존 LMO를 단백질 기반 LMO로 지칭하며 연구 대상으로 정의하였다. 단백질 기반 LMO는 특정 단백질을 발현하여 해충 저항성 및 제초제 저항성 등의 특정 기능을 수행하도록 설계되며, 전통적인 유전자변형기술 T 등을 통해 기존 유전자의 변형을 기반으로 개발된 유전자 변형 생물체이다 그림 2 . 단백질 기반 LMO는 해충 저항성 및 제초제 저항성 등의 특성을 통해 재배지에서 기존 작물 대비 높은 생산성을 보이며, 1996년 이후 전 세계 재배 면적이 100배 이상 증가했다 O , 2007, ., 2021 . 이러한 추세는 향후 지속될 것으로 예측되며, 이에 따라 국내에서도 단백질 기반 LMO의 안전성 및 환경위해성 평가의 필요성이 높아지고 있다.

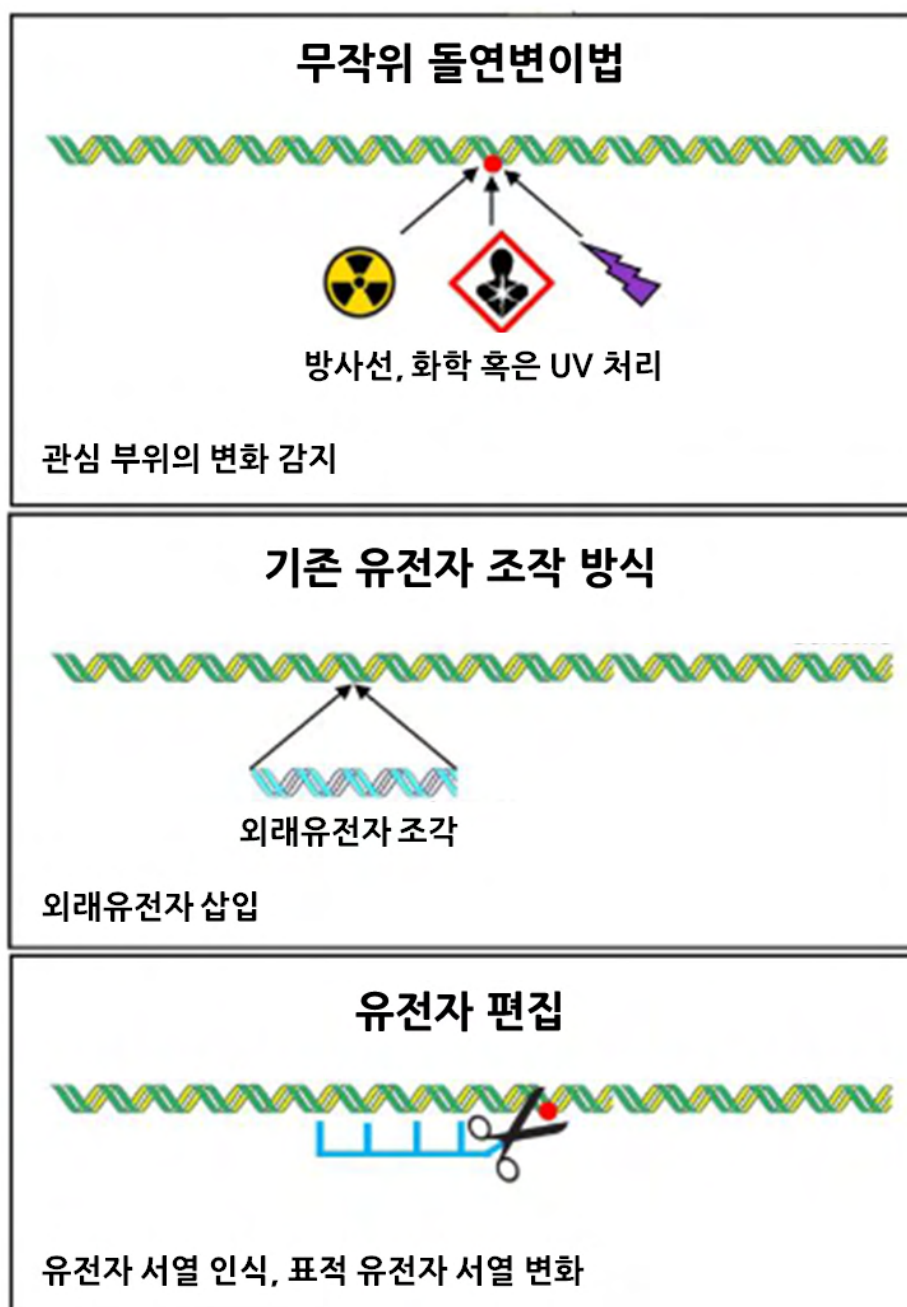


그림 2. 무작위 돌연변이화(random mutagenesis), 기존 LMO
형질전환 방법, 신규 유전체 편집 기술.

이러한 단백질 기반 LM 작물의 개발과 상업화가 가속화되면서, 각국 정부는 LMO의 비의도적 유출이 환경 및 인체에 미칠 가능성을 방지하기 위해 엄격한 안전관리 체계 마련에 나섰다. 유전자변형생물의 국제 이동이 활발해짐에 따라, 국제사회는 2000년 생물다양성협약

산하에서 카르타헤나 바이오안전성 의정서

를 채택하여 LMO의 안전관리를 위한 국제 규범을

확립했다. 카르타헤나 의정서는 2003년 9월 발효되었으며, 각국이 자국의 생물다양성과 환경에 맞는 LMO 안전관리 체계를 구축할 것을 요구하고 있다.

우리나라는 2000년 9월 바이오안전성 의정서에 서명한 후, 이를 국내법으로 이행하기 위해 2001년 유전자변형생물체의 국가 간 이동 등에 관한 법률 LMO법 을 제정·공포하고, 2001년 1월부터 이 법을 시행하고 있다. 현재 한국은 환경부, 농림축산식품부, 해양수산부, 산업통상자원부 등 7개 부처가 협력하여 LMO의 운송, 보관, 유통 및 사용 과정 전반에 걸쳐 안전 관리를 시행 중이다 그림 3 .

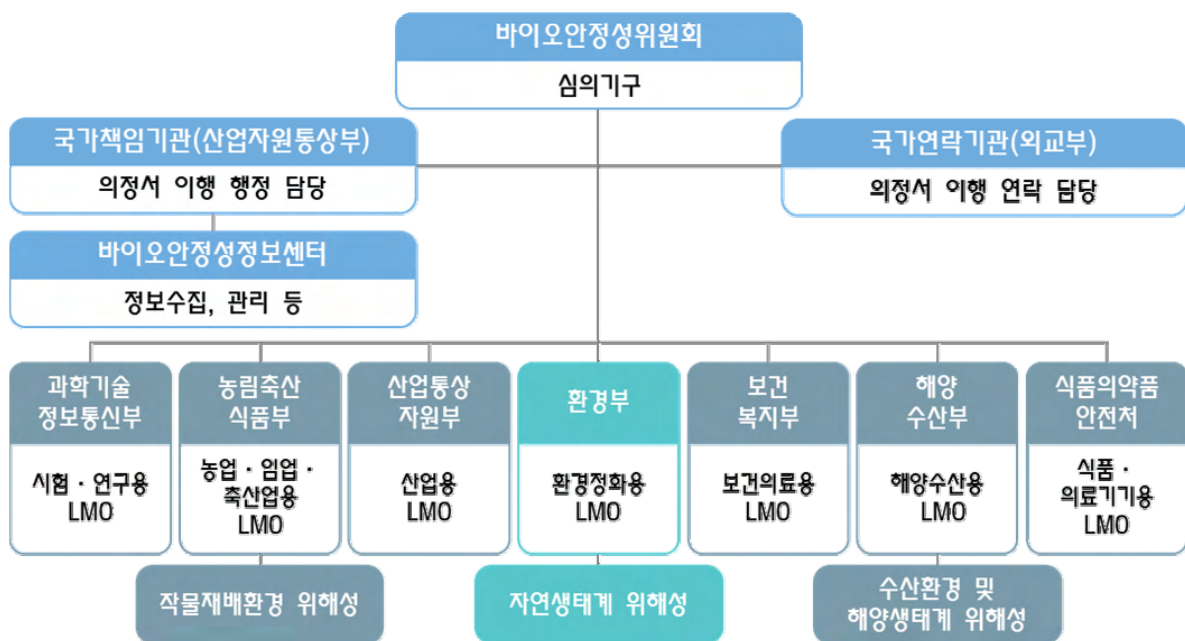


그림 3. 정부 LMO 안전관리 체계.

단백질 기반 LMO는 국내에서 재배되지는 않지만, 식용, 사료용, 가공용 , , , 목적으로 수입되며, 유통 과정에서 비의도적 유출 가능성이 존재한다. 이에 따라 환경부는 국내 생태계에 적합한 LMO 평가 및 관리 체계 구축을 목표로 하고 있다. 이러한 체계는 특히 식량 안보와 생태계 안전성을 확보하기 위한 필수 과제로 대두되고 있다.

최근 국내에서도 LMO가 의도치 않게 자연 생태계로 유출된 사례가 다수 보고되고 있다 그림 4 . 환경부 LMO 자연환경 모니터링 조사 결과에 따르면 인천항과 같은 주요 항만 및 유전자 조작 작물 가공 공장, 축산농가 주변 등지에서 옥수수, 콩, 면화, 유채 등의 유전자 조작 작물 시료를 채취하여

유전자 분석을 실시한 결과, 다수 지역에서 LMO가 검출되었다 국립생태원 2023 . 예를 들어, 인천광역시 중구 북성동 공장 주변에서는 유전자 변형 유채가 발견되었으며, 그 외 경기도와 강원도 일대에서도 유전자 조작 옥수수와 면화가 발견된 바 있다. 유출된 유전자 변형 작물들은 대개 유통 및 운반 중에 떨어진 씨앗에서 발아한 것으로 나타났지만, 일부 지역에서는 군락을 형성하기도 했다.



그림 4. 비의도적으로 유출된 LMO의 언론 보도 기사 일부 발췌.

한편, 이러한 유전자 변형 작물 유출이 생태계 안전성에 미치는 영향에 대해 전문가들 사이에서도 우려가 증가하고 있다. 환경단체들은 유전자 조작 작물의 인체 건강에 미치는 영향에 대한 논란은 있을 수 있지만, 생태계에 미치는 위협은 분명한다는 입장을 표명하고 있다. 이에 따라 LMO의 유출을 사전에 방지하고, 유출 시 철저한 조사와 사후관리가 이루어져야 한다는 목소리가 높아지고 있다. 이러한 유출 방지를 위한 안전관리 체계 강화와 더불어 관련 정보의 투명한 공개가 필수적이라는 지적이 이어지고 있다.

이와 같은 상황에서 환경부는 국내 생태계를 보존하고 LMO의 안전한 관리 및 평가 체계 구축을 위해 실효성 있는 평가 체계 도입이 필수적이라는 인식하에 환경위해성 평가의 중요성을 강조하고 있다.

나. 단백질 기반 LMO의 위해성 평가 항목 발굴 필요성

단백질 기반 LMO는 농업 생산성 향상과 경제적 가치 창출에 크게 기여할 잠재력이 있다. 그러나 이러한 유전자변형 생물이 환경에 미치는 영향은 예측이 어렵고 다양한 생태적 요인과의 복잡한 상호작용으로 인해 그 평가가 쉽지 않다 (Tilman et al., 2015; Bazzaz et al., 2004). 특히 단백질 기반 LMO가 자연 생태계로 유출될 경우 생물다양성 손실, 생태계 내 상호작용 변화, 그리고 의도하지 않은 유전자 전파 등으로 인해 예상치 못한 환경적 위험이 발생할 수 있다는 우려가 지속적으로 제기되고 있다. 유전자 변형 작물이 의도치 않게 자연 생태계에 자리 잡게 될 경우, 주변 생물과의 상호작용을 통해 생태계 균형을 교란하거나 생물다양성에 부정적인 영향을 미칠 가능성이 있다 (Tilman et al., 1999; Bazzaz et al., 2020). 국립환경과학원은 보고서에서 유전자 변형 생물체가 미치는 생태적 영향을 △토양 미생물상의 변화 △해충 저항성 유전자에 의한 비의도적 초식성 절지동물의 죽음 △먹이사슬 파괴 △생물다양성 감소 등으로 지적하고 있다. 이러한 부정적 영향은 생물군 간의 상호작용을 변화시키고, 토착 종의 생태적 위치를 흔들 수 있어 생물다양성에 부정적 영향을 미칠 수 있다 (그림 5).

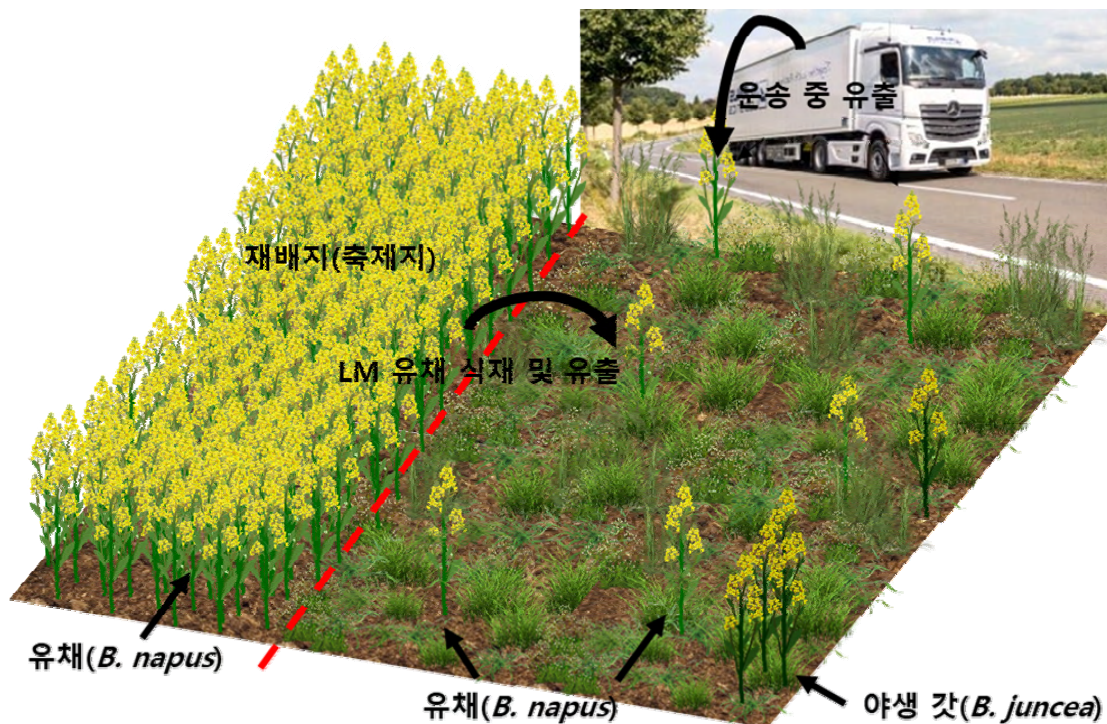


그림 5. LMO 유출 사례와 주변 자연생태계 내 생물 간 상호작용.

또한, 유전자 변형 작물에서 발현되는 특정 유전자는 지역 고유종의 유전자 발현에 영향을 미칠 가능성이 있다 (Mack et al., 2016). 특히, 인접한 근연종과의 유전자 교환 가능성이 존재하며, 이로 인해 기존 생물종의 유전자 구성이 변형되거나 기존 고유 유전자가 훼손될 수 있다는 우려가 제기되고 있다 (Mack et al., 2010; Weller et al., 2009). 국립생물자원관 식물자원과는 LMO와 근연종 간에 유전자 확산 가능성이 존재하며, 유출된 유전자가 기존 생태계 고유 유전자에 영향을 줄 수 있다고 밝혔다.

이러한 배경에서 최근 제15차 유엔 생물다양성회의 COP 15에서는 전 세계 생물다양성 보전을 위한 구체적인 목표가 담긴 쿤밍-몬트리올 글로벌 생물다양성 프레임워크가 채택되었다 (UNEP, 2023) (그림 6). 이 프레임워크는 생태계의 온전성, 연결성, 복원력 강화를 위한 목표를 제시하며, 특히 유전자원의 접근과 이익 공유를 통해 생물다양성의 지속 가능한 이용과 관리 방안을 강조하고 있다. LMO의 생태계 안전성을 강화하기 위한 프레임워크 내 실천목표인 실천목표 17(T17)은 기존 생물다양성 협약 조 2조항과 유사한 방향으로 개발 중에 있으며, 향후 LMO의 안전 관리와 생물다양성에 미치는 영향을 아우르는 범위로 확장될 것으로 보인다. 이를 통해 LMO에 대한 정밀한 환경위해성 평가가 강화될 필요성이 강조되고 있으며, 단백질 기반 LMO의 잠재적 생태계 영향을 평가하는 기준이 더욱 세분화될 것으로 기대된다. 이러한 국제적 논의와 방향성은 국내에서도 LMO의 환경 위해성 평가 체계를 개선하기 위한 기초 자료로 활용될 수 있을 것이다.



그림 6. 쿤밍-몬트리올 글로벌 생물다양성 프레임워크가 채택된 15차 유엔 생물다양성회의.

생물군과 예상치 못한 경쟁 관계를 형성하거나, 생물 군집 내 우위를 점할 가능성이 있다 ., 201 . 이러한 변화는 생태계 균형을 교란시켜 특정 종의 과도한 번식이나 지역 생물다양성 감소 등의 문제로 이어질 수 있다.

단백질 기반 LMO가 단순히 특정 독성을 나타내는 것을 넘어, 생태계 내 다양한 생물종과의 상호작용을 통해 생태적 변화를 일으킬 수 있다는 점에서, 이러한 복합적인 환경위해성을 파악하기 위한 정밀한 평가 항목이 필요하다. 따라서 환경부는 이러한 평가 체계의 한계를 보완하기 위해 LMO가 생태계에 미치는 복합적인 생태적 영향을 종합적으로 고려하는 새로운 평가 항목을 추가 발굴하고자 한다. 이를 통해 LMO가 유출될 경우 생물다양성 보호와 생태계 안전성을 확보할 수 있는 실효성 있는 관리 방안을 마련할 것이다.

다. LMO 모니터링 및 유전자 오염 조사 결과와 환경 위해성 평가 간 연계 필요성

환경부는 2009년부터 국내 자연생태계에서 LMO의 잠재적 환경 위해성을 모니터링하기 위해 전국적으로 조사를 실시해왔다. 이 모니터링은 주로 국내로 수입된 주요 LM 작물인 카놀라, 콩, 옥수수, 면화, 그리고 2019년부터는 알팔파까지 포함한 5종을 대상으로 진행되었다. 조사 결과, LMO 개체수와 발견 지역 수는 해마다 증가하는 추세를 보였으며, 특히 2014년 LMO 모니터링 체계가 개선된 이후부터 발견된 LMO 개체수가 크게 늘어났다 L ., 2024 . 2017년에는 승인되지 않은 LM 카놀라가 전국적으로 유통되면서 채집 시료 수가 급증하여 LMO 개체수가 크게 증가했다 그림 .

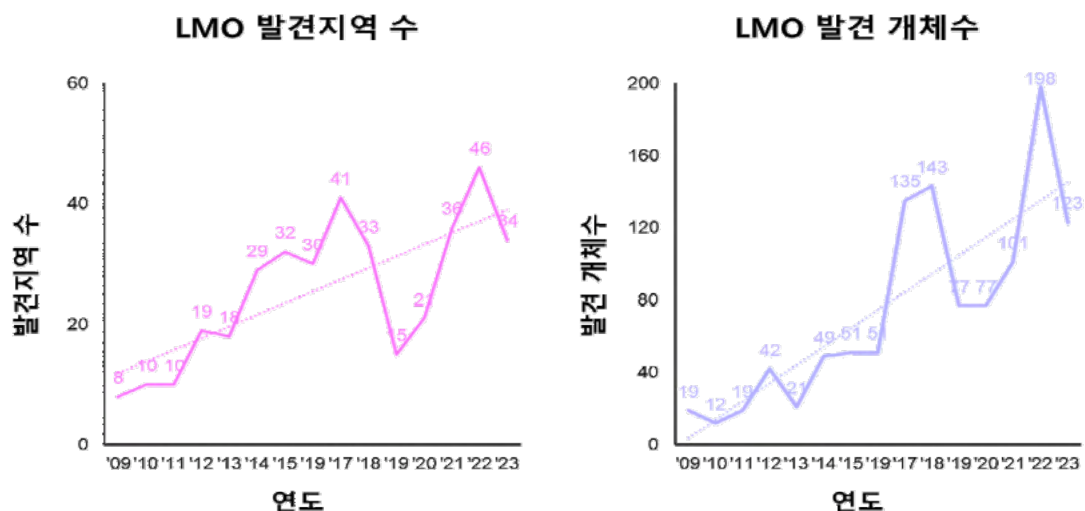


그림 8. 연도별 대한민국 LMO 발견지역 수 및 발견 개체수.

2009년부터 2023년까지 환경부는 10,571개 지역을 조사하여 32개 지역에서 총 1,11개의 LMO 개체를 발견하고 사후 관리를 진행하였다. 이 같은 모니터링을 통해 비의도적으로 자연 생태계로 유출된 LMO가 자생하고 있음을 확인하였으며, 이를 통해 LMO가 생태계에 미치는 영향을 보다 정확히 파악하고, 유전자 전이와 생태계 교란 가능성을 조기에 진단할 수 있는 근거를 제공하고 있다 국립생태원 2023. LMO가 생태계 내에서 교잡을 통해 유전자 오염이 발생할 가능성이 확인되었으며, 이러한 교잡은 근연종으로 유전자가 전이되면서 생태적 균형을 교란할 위험성을 가지고 있다. 특히 항생제 및 제초제 저항성 유전자가 근연종으로 확산될 경우, 생태계에 큰 영향을 미치는 슈퍼 잡초가 형성될 가능성이 우려되는 상황이다 그림 9.

이러한 문제를 해결하기 위해 환경부는 유전자 오염 가능성이 높은 지역을 대상으로 집중적인 관리와 모니터링을 지속하고 있으며, 유전자 오염 조사 범위를 점차 확대하고 있다. 그러나 동일한 지역에서 LMO가 반복적으로 재발견되는 사례가 꾸준히 보고되고 있으며, 이는 유전자 전이 및 확산 가능성에 대한 우려를 더욱 증가시키고 있다. 이러한 상황은 단순히 모니터링과 사후 제거에 그칠 것이 아니라, LMO 안전관리 체계 내에서 모니터링 결과와 환경위해성 평가 간의 긴밀한 연계가 필요하다는 점을 강조한다.



그림 9. 비의도적으로 재배된 LMO가 재배지로부터 자연생태계로 유전자 전이 및 오염이 진행되는 과정.

특히 다양한 LMO 중 LM 카놀라는 비의도적으로 유출되어 자연생태계에서 자생할 가능성이 큰 작물로, 특히 근연종 갯, 배추 등 이 많은 환경에서는 교배 가능성이 높다. 생장 조건만 갖춰지면 자연에서 개체군을 형성할 수 있으며, 대량 운송 시 유출 위험이 크다. 실제로 일본, 미국, 유럽 등지에서 운송로와 주변 도로에서 제초제 저항성을 지닌 LM 카놀라가 발견되었으며, 이는 자연생태계로 유전자 이동을 일으켜 생태적 영향을 미칠 수 있는 위험성을 시사한다 (Kobayashi et al., 2016; T. Kim et al., 2024). 국내에서는 19년 LMO 발견지를 중심으로 LM 카놀라와 야생 갯 간 유전자오염이 확인되어 지속적인 모니터링을 수행하고 있어 모니터링과 사후관리 뿐만 아니라 실제 자연생태계에서 발생한 유전자오염 사건에 대한 정밀한 환경위해성 평가가 필요한 상황이다.

이에 따라 본 과제는 기존 모니터링 조사와 유전자 오염지 모니터링 결과를 참고하여 단순 발견에서 제거를 넘어 체계적이고 과학적인 환경위해성 평가를 수행함으로써 LMO가 생태계 내에서 일으킬 수 있는 유전자오염과 생물다양성 감소, 생태계 교란 등의 영향을 다각도로 분석할 계획이며 LMO 안전관리의 새로운 기준을 제시하고자 한다. 이를 위해 LMO 주요 현안인 유전자 오염지의 실제 LMO를 대상으로 당해연도부터 연구를 시작하여 정부 제 4차 안전관리계획이 종료되는 시점까지 LMO 유전자오염지에서 중점관리지역까지 실제 LMO가 빈번히 발견되는 지역을 대상으로 주변 생물다양성, 생물 간 상호작용, 멀티오믹스 기반 영향 평가 등 다양한 최신 위해성평가 기법을 이용해 영향 평가를 수행하고 이에 대한 결과를 제시할 계획이다 (그림 10). 이러한 연구는 향후 생태계 건강을 보장하고, LMO의 안전한 관리를 위한 기초 자료를 마련함으로써 LMO가 유출될 경우의 생태적 위험성을 효과적으로 줄이는 데 기여할 것으로 기대된다.



그림 10. 제4차 안전관리계획에 따른 오전자오염지역 관리 로드맵.

라. 모의환경을 이용한 단백질 기반 LMO의 위해성 평가

단백질 기반 LMO가 주변 생물군에 미치는 영향을 보다 정밀하게 파악하기 위해서는 모의환경 M 기법이 필요하다. 모의환경은 LMO가 생태계 내에서 어떻게 행동하고, 주변 생물과 상호작용하는지를 통제된 환경 하에서 관찰할 수 있는 방법으로, 전통적인 평가 방법의 한계를 보완할 수 있는 유용한 도구이다 (Kim et al., 2014). 실제 환경에 유출된 LMO의 경우 사후관리를 위해 후속세대가 생성되기 전 반드시 제거되어야 하기에 이를 통제된 환경 내에서 연구하기 위해 모의환경 구축이 필요하다 표 2. 이 방법을 통해 LMO가 특정 생장 단계에서 미생물, 곤충, 식물 등 다양한 생물군에 미치는 영향을 보다 세밀하게 평가할 수 있다. 모의환경 내에서의 평가 항목은 유전자 변형 생물이 생물다양성에 미치는 직접적 및 간접적 영향을 포함하며, 이를 통해 생태계 내에서의 잠재적 위험성을 사전에 탐지할 수 있는 근거 자료를 확보할 수 있다.

표 2. 자연생태계와 모의환경 실험의 장단점 비교

구분	자연생태계	모의환경
장점	실제 생태계의 상호작용 관찰 가능	환경 요인을 통제하며 정확한 실험 가능
	생태계 전체의 복합적 반응 분석 가능	재현성 높은 반복 실험 가능
	현실적인 생태계 패턴 반영	특정 요인의 영향 명확히 분석 가능
	장기적 환경 변화와 누적 효과를 자연스럽게 반영	연구 비용과 시간 절감 가능
단점	환경 요인 통제가 어려움	실제 생태계와의 차이로 인해 외삽에 제한 존재
	연구 기간이 길고 비용이 높음	단순화된 생물군 구성으로 복잡한 생태계 상호작용 반영 어려움
	다양한 요인이 복합적으로 작용해 특정 원인 분석 어려움	제한된 환경 조건에서의 결과가 실제 환경에 적용될지 불확실
	인간 활동 등의 예측 불가능한 외부 요인으로 실험 방해 가능	특정 생물군이나 조건에 대한 의도적 설정이 생태계의 자연성을 감소

또한, 모의환경 평가를 통해 LMO가 주변 생물들에게 미치는 미세한 유전자 전파 가능성이나 예상치 못한 상호작용의 발현을 관찰할 수 있다. 예를 들어, 특정 단백질을 발현하는 LMO가 생태계 내에서 유사한 기능을 가진 야생종과 교차할 경우, 유전자 전파를 통해 새로운 유전적 조합이 생길 위험이 있다 L , 2000 . 이는 LMO의 환경 위해성 평가에서 기존에 고려되지 않았던 부분이며, 이러한 위험성을 포함한 세부적인 평가 항목을 발굴하는 것이 중요하다. 따라서, 환경부는 모의환경 평가 결과를 바탕으로, 유전자 전파 가능성, 생태계 내 경쟁력, 생물 간 상호작용 변화 등을 반영한 세밀한 항목을 발굴하고자 한다.

이를 위해, 환경부는 전통적 생태 조사 방법과 더불어 환경 메타바코딩 기법을 도입하여 LMO가 생태계 내 생물 군집 구조와 다양성 지수에 미치는 영향을 분석할 계획이다 그림 11 . 메타바코딩은 환경 샘플에 존재하는 를 통해 생물 군집을 파악하고 다양한 생물종 간의 상호작용 네트워크를 구성할 수 있게 하는 기술로, LMO의 도입으로 인한 생태계 변화와 상호작용을 정밀하게 평가할 수 있는 장점을 지닌다 , 2019 . 이를 통해, LMO가 특정 서식지 내에서 어떤 방식으로 생물다양성을 변화시키는지, 특정 종에게 미치는 영향이 시간이 지남에 따라 어떻게 변하는지 등을 평가할 수 있다.

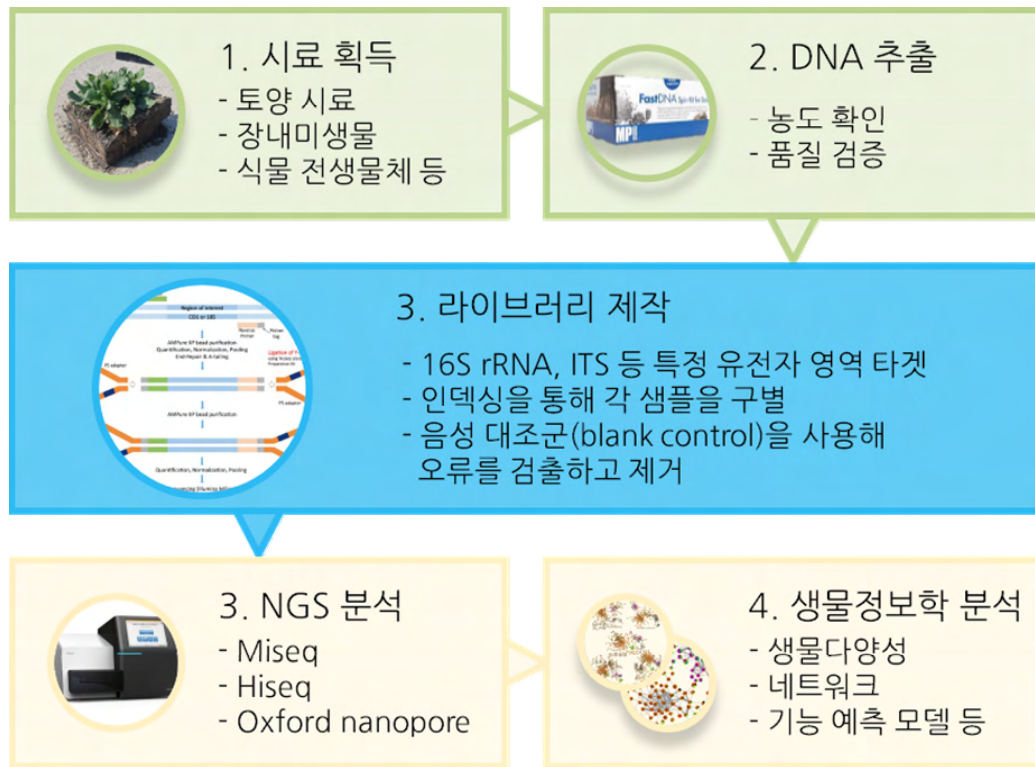


그림 11. eDNA를 이용한 메타바코딩 분석 과정 개요.

환경부가 발굴하고자 하는 평가 항목은 통합고시 별표 10-1을 기반으로 하여, LMO의 성장 단계별로 주변 생물에 미치는 세부적이고 정량적인 영향 평가를 목표로 한다. 이를 통해 기존의 평가 항목이 놓치고 있는 미세한 생태적 변화와 잠재적 위험 요소를 발견하고, 이를 평가 체계에 통합하여 보다 신뢰할 수 있는 평가 결과를 도출하고자 한다. 이와 같은 체계적이고 정밀한 항목 발굴을 통해 환경부는 단백질 기반 LMO의 도입이 국내 생태계에 미치는 영향을 종합적으로 파악하고, 잠재적 위험을 사전에 관리할 수 있는 기반을 마련하고자 한다.

마. 자연생태계 통합 위해성평가 체계 개발 차세대 염기서열 분석 기술의 적용과 LMO 관리의 혁신적 접근

본 연구과제의 또 다른 주요 목적은 정부 제4차 LMO 안전관리계획 23- 27 및 24년 환경부 세부시행계획에 따라 환경부 자연생태계 통합 위해성평가 체계를 개발하는 것이다. 이 통합 위해성평가 체계는 다양한 생물학적 요소와 생태계 내 상호작용을 고려하여 LMO의 위해성을 총체적으로 평가하는 것을 목표로 한다. 특히 LMO법 별표 10-1의 평가 항목을 기존의 개별 시험 방법에만 의존하지 않고, 최신의 차세대 염기서열 분석

기술을 도입해 분석하고 대체할 수 있는 항목을 발굴함으로써, 보다 체계적이고 효율적인 평가 체계를 구축하고자 한다 그림 12 .

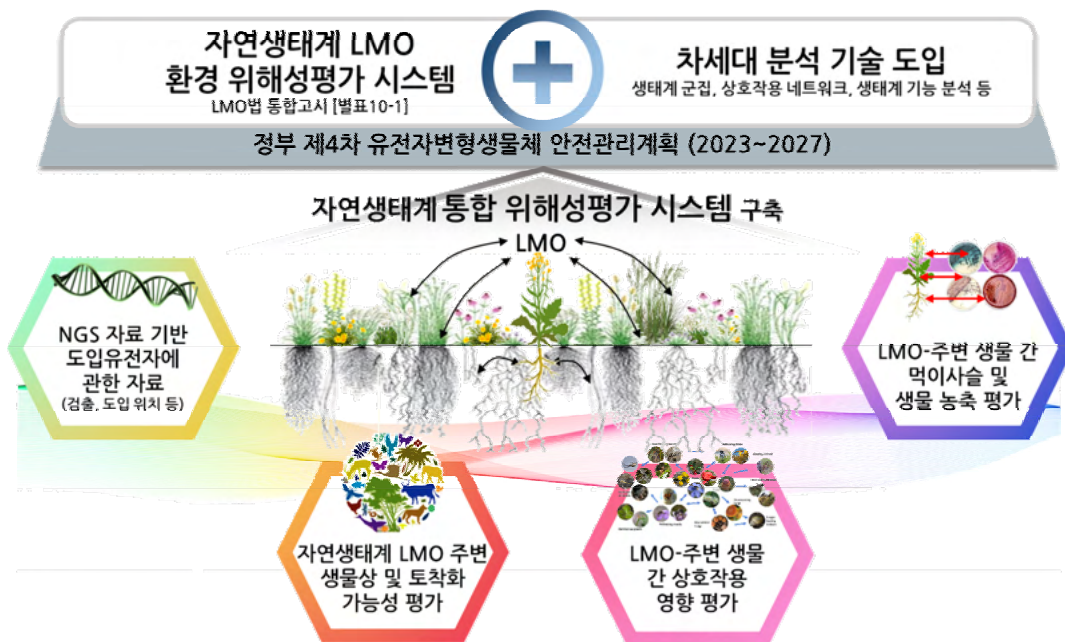


그림 12. 차세대 분석 기술을 도입한 자연생태계 LMO 환경위해성평가 시스템.

이 중 대표적인 대체 가능 항목으로는, LM 식물 및 미생물 도입유전자에 대한 정보 통합고시 별표 10-1 ①-7, ②-5-나 가 있으며, 본 과제에서는 이를 위해 기반의 도입유전자 분석 가이드라인을 마련하고 있다 표 3 . 이 가이드라인은 향후 LMO 개발사의 안전한 개발 절차와 환경부 위해성심사 위원회의 효율적 운용을 지원하는 데 중요한 역할을 할 것이다.

또한 LMO가 주변 생물다양성과 생태계 내에서 일으킬 수 있는 상호작용을 평가하기 위해 통합고시 별표 10-1 ①- 3 , ①-9, ②-7-다 , 기존의 제한된 표적·비표적 생물 관찰 기반의 평가 기법을 보완하고, 나아가 이를 기반 군집 분석 체계로 발전시키고자 한다. 이 체계는 특히 자연 환경에 비의도적으로 유출된 LMO의 생태적 영향을 과학적으로 사후 관리할 수 있도록 하여, 생태계 내에서의 유전자 확산 및 생물다양성 변화와 같은 잠재적 위해성을 조기에 파악하고 대응할 수 있게 한다.

표 3. 통합고시 별표 10-1 일부 발췌

① 유전자변형식물 위해성평가 자료

8. 유전자변형생물체와 비변형생물체의 비교자료

가. 유전자변형 후의 개선된 특성 및 성질

나. 숙주와 유전자변형생물체의 생존, 증식 및 불활성화 방법의 차이 비교

다. 숙주 또는 숙주가 속하는 생물종과의 차이점

(1) 자연환경 또는 자연환경을 반영하는 시험 조건하의 생존 및 생식·번식 능력

(2) 생식·번식양식 주기 및 교잡성

(3) 자연생태계 또는 해양생태계에서 다른 생물과의 상호작용(천적, 병원성생물, 경쟁자, 포식자 등)

(4) 생식양식 및 다른 품종 또는 근연종과의 생식 호환성

(5) 산포(화분 종자의 산포 특성, 산포에 영향을 주는 환경요인)

(6) 이동(해양수산생물의 경우)

(7) 유해물질 생산 및 생태계 잔류 영향

(8) 체조성성분 비교자료(해양수산생물의 경우에 해당)

② 유전자변형미생물의 위해성평가자료

7. 세부 위해 영향 평가 자료

다. 환경위해성평가자료

(1) 토양 이화학성에 미치는 영향

(가) 토양 pH

(나) 유기물 용탈 등

(2) 토양 또는 수계에서의 생존능력

(3) 포자생성여부

(4) 토양 유용미생물에 미치는 영향(*Rhizobium* 등 근권 미생물)

(5) 주변 곤충, 식물, 동물에 미치는 영향

(6) 알려진 식물병원균과의 유전물질 교환 가능성 여부

한편, 기술은 현재 빠르게 발전하고 있으며, 2세대 기술의 한계를 극복하기 위해 3세대 염기 서열 분석 기법이 활발히 개발되고 있다. 대표적인 3세대 시퀀싱 기술로는 M T 시퀀싱과 O T의 나노포어 시퀀싱이 있으며, 2009, 2016, 2015, 이들 기술은 긴 서열을 실시간으로 분석할 수 있는 장점을 갖고 있다 표 4. 비록 현재는 비용과 정확성 문제로 2세대에 비해 널리 사용되지는 않으나, 기술의 발전 속도를 고려할 때, 3세대 시퀀싱이 통합 위해성평가 체계에서도 중요한 역할을 할 가능성이 매우 높다. 따라서 본 연구에서는 3세대 기술의 적용 가능성을 검토하여 향후 자연생태계 통합 위해성평가 체계에 활용할 수 있는 방안을 모색하고자 한다.

표 4. 각 세대별 대표적인 NGS 장비 및 특징

세대 회사/장비명	1세대 ABI 3730XL	2세대 Illumina MiSeq	PacBio RS C2	3세대 Oxford Nanopore MinION
사진				
분석 기법	Sanger Sequencing	Sequencing by Synthesis	Single-molecule sequencing	Single-molecule sequencing
증폭 방식	-	Bridge PCR	-	-
Sequencing 속도	20 kb/h	200 - 210 Mb/h	50 Mb/h	450 Mb/h
출력/Run	1.9 - 84 Kb	7.8 - 8.5 Gb	100 Mb	최대 50 Gb
시간/Run	20 min - 3h	39 h	2 h	실시간 분석 가능
Read 길이	400 - 900 bp	2x250 bp	2900 bp	최대 수백 Kb (long read)
Reads/Run	-	30 - 34 million	-	실시간 데이터 수집 가능
Cost/Run	-	\$128K	\$695K	\$2,000
Cost/Gb	\$2,457,600	\$502	\$2,000	약 \$20 - \$100/Gb
정확도 (Accuracy)	99.90%	99%	87% (CLR), 99% (CCS)	90 - 98% (보정 시 98% 이상)
장점	긴 개별 읽기 길이 다양한 응용에 유용	높은 시퀀스 수율 가능 시퀀서 및 응용에 따라 달라짐	가장 긴 읽기 길이, 빠름 4mC, 5mC, 6mA 감지 가능	실시간 데이터 제공 매우 긴 읽기 길이 휴대성
단점	비용이 비싸고 느림	장비가 매우 비쌘	정확도가 높은 경우 수율이 낮음 장비가 매우 비쌘	비교적 낮은 정확도 (소프트웨어 보정 필요)

이처럼, 통합 위해성평가 체계는 LMO가 생태계에 미칠 수 있는 영향력을 정확히 파악하기 위해 다양한 생물학적 요소를 결합하여 평가하는 시스템을 구축하는 것이며, 최신 분석 기술을 활용하여 생물 간의 상호작용과 기능성을 종합적으로 연구하고 평가하는 것을 지향하고 있다. 이를 통해, 생태계 안전성을 보장하고 지속 가능한 LMO 관리 방안을 마련하는 데 기여하고자 한다.

바. 환경 마이크로바이옴을 기반으로 한 LMO 환경 위해성 평가의 방향성 로드맵과 국내 정책적 시사점

최근 는 환경 마이크로바이옴을
 위해성 평가 체계에 통합하기 위한 로드맵을 발표하며, 생물다양성과 생태계
 안정성 보호를 목표로 하고 있다 . 2024, M . 2020 .
 이 로드맵은 마이크로바이옴 연구의 표준화, 데이터베이스 구축, 해석 도구
 개발을 중점적으로 다루며, 특히 다중 오믹스 기술 메타바코딩, 메타게놈,
 메타트랜스크립토믹스 등 을 활용한 생태 네트워크 분석을 통해 마이크로
 바이옴이 생태계 기능과 생물 다양성에 미치는 영향을 예측하고 평가하는
 접근법을 강조한다. 이러한 로드맵은 LMO와 환경 간 복잡한 상호작용을
 보다 명확히 이해하고 평가하기 위한 혁신적인 방향성을 제시하고 있다
 그림 13 .

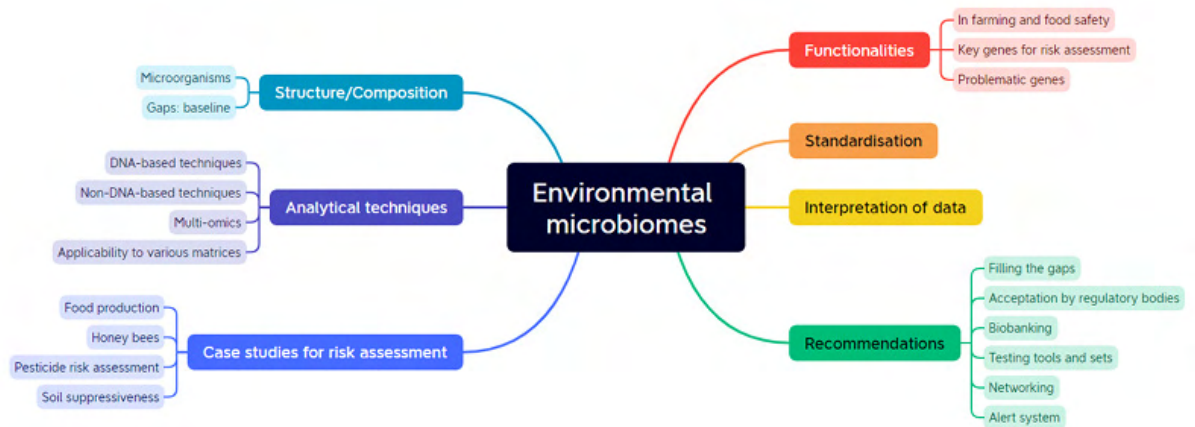


그림 13. EFSA 환경위해성평가 마이크로바이옴 로드맵(EFSA, 2024)

의 로드맵은 생물다양성 손실과 생태계 교란을 최소화하기 위한 다학제적 연구와 정책적 통합의 필요성을 강조한다. 마이크로바이옴은 생태계의 기본적인 기능 영양소 순환, 병원체 저항성, 생물 간 상호작용 등을 유지하는 데 중요한 역할을 하며, 환경 내 마이크로바이옴의 변화는 생태계 안정성에 큰 영향을 미칠 수 있다. 따라서 LMO의 유출로 인해 환경 마이크로바이옴이 변화할 경우, 이는 단순히 특정 생물체에 영향을 미치는 것을 넘어 생태계의 복원력과 균형을 위협할 가능성이 있다. 이러한 맥락에서 마이크로바이옴 연구를 위해성 평가의 중심에 두고, 데이터 표준화 및 다중 오믹스 접근법을 활용하여 생태적 변화를 정밀히 예측할 수 있는 기반을 마련하고자 한다.

환경부는 로드맵의 정책적 방향성을 참고하여 국내 환경 위해성 평가 체계에 마이크로바이옴을 통합하는 방안을 적극적으로 검토해야 한다. 현재까지의 LMO 환경 위해성 평가는 주로 개별 생물체 및 제한된 환경 변수에 초점을 맞추고 있어, 생태계 내 복잡한 상호작용과 장기적 영향을 충분히 반영하지 못하는 한계가 있다. 마이크로바이옴 기반 접근법은 토양, 수생 생태계, 식물 표면 등 다양한 환경에서 LMO와 주변 생물 간의 상호작용을 총체적으로 이해할 수 있는 방법을 제공하며, 이를 통해 LMO가 미생물 군집의 구조와 기능에 미치는 영향을 다각적으로 평가할 수 있다

그림 14 .

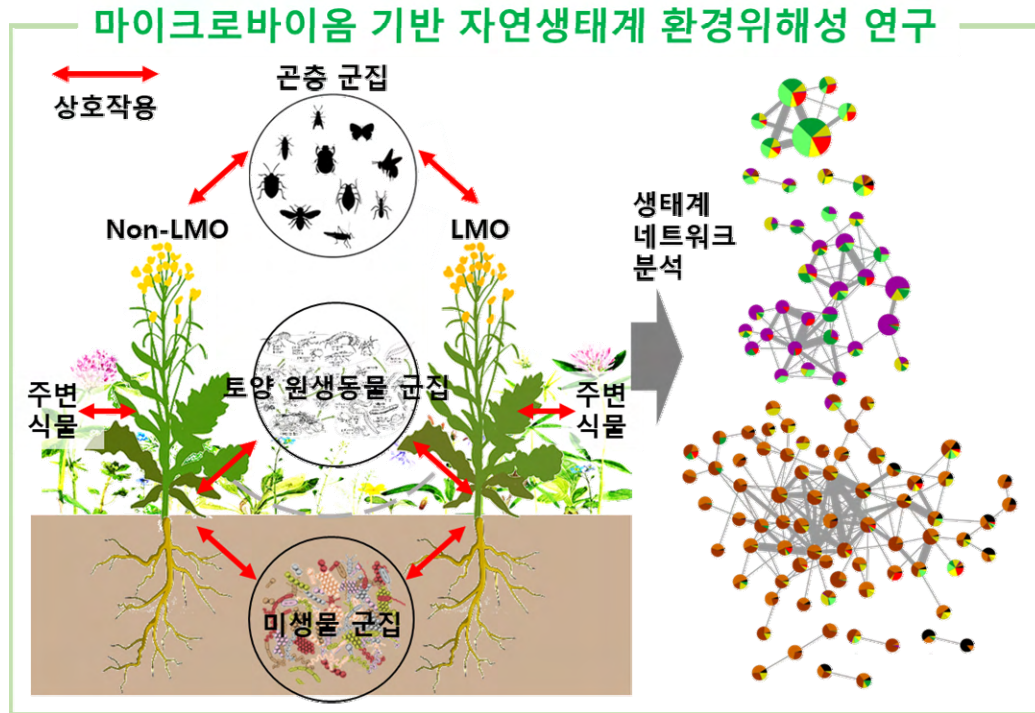


그림 14. 마이크로바이옴 기반 자연생태계 환경위해성 연구.

특히, 로드맵에서 제안된 다중 오믹스 기술은 LMO 유출로 인한 미생물 생태계 변화를 정밀히 파악할 수 있는 도구로, 이를 통해 유전자 전이 및 생태계 교란 가능성을 조기에 진단할 수 있다. 이러한 기술은 마이크로바이옴 데이터를 기반으로 생태계 내 변화를 지속적으로 모니터링하고, LMO로 인해 발생할 수 있는 장기적 환경 영향을 예측하는 데 필수적이다. 더불어, 데이터베이스 구축과 표준화는 국제적 협력과 비교 연구를 가능하게 하여, 국내 LMO 환경 관리 체계를 국제적 기준에 부합하게 발전시키는 데 기여할 수 있다.

향후 정책 방향은 단순히 마이크로바이옴 연구를 확대하는 것에 그치지 않고, 이를 환경위해성 평가 체계와 긴밀히 연결하여 생태계 보호와 LMO 관리 간의 정책적 연계성을 강화해야 한다. 예를 들어, LMO 모니터링 데이터와 마이크로바이옴 분석 데이터를 통합하여 지역 생태계의 변화와 영향을 종합적으로 평가하는 체계를 구축할 필요가 있다. 또한, 마이크로바이옴을 활용한 위해성 평가 결과를 기반으로 자연 생태계 복원력 강화와 생물다양성 보전을 목표로 하는 정책을 설계하는 것이 중요하다 그림 15.

의 로드맵은 환경 마이크로바이옴 연구와 환경 위해성 평가의 방향성을 재정립하는 중요한 시사점을 제공하며, 이를 국내 정책에 적용함으로써

생태계 보호와 지속 가능한 LMO 관리 체계를 구축하는 데 기여할 수 있을 것이다. 환경부는 이러한 접근을 통해 장기적으로 생물다양성을 보전하고, LMO의 환경 영향을 효과적으로 평가할 수 있는 선진적 모델을 마련해야 할 것이다.

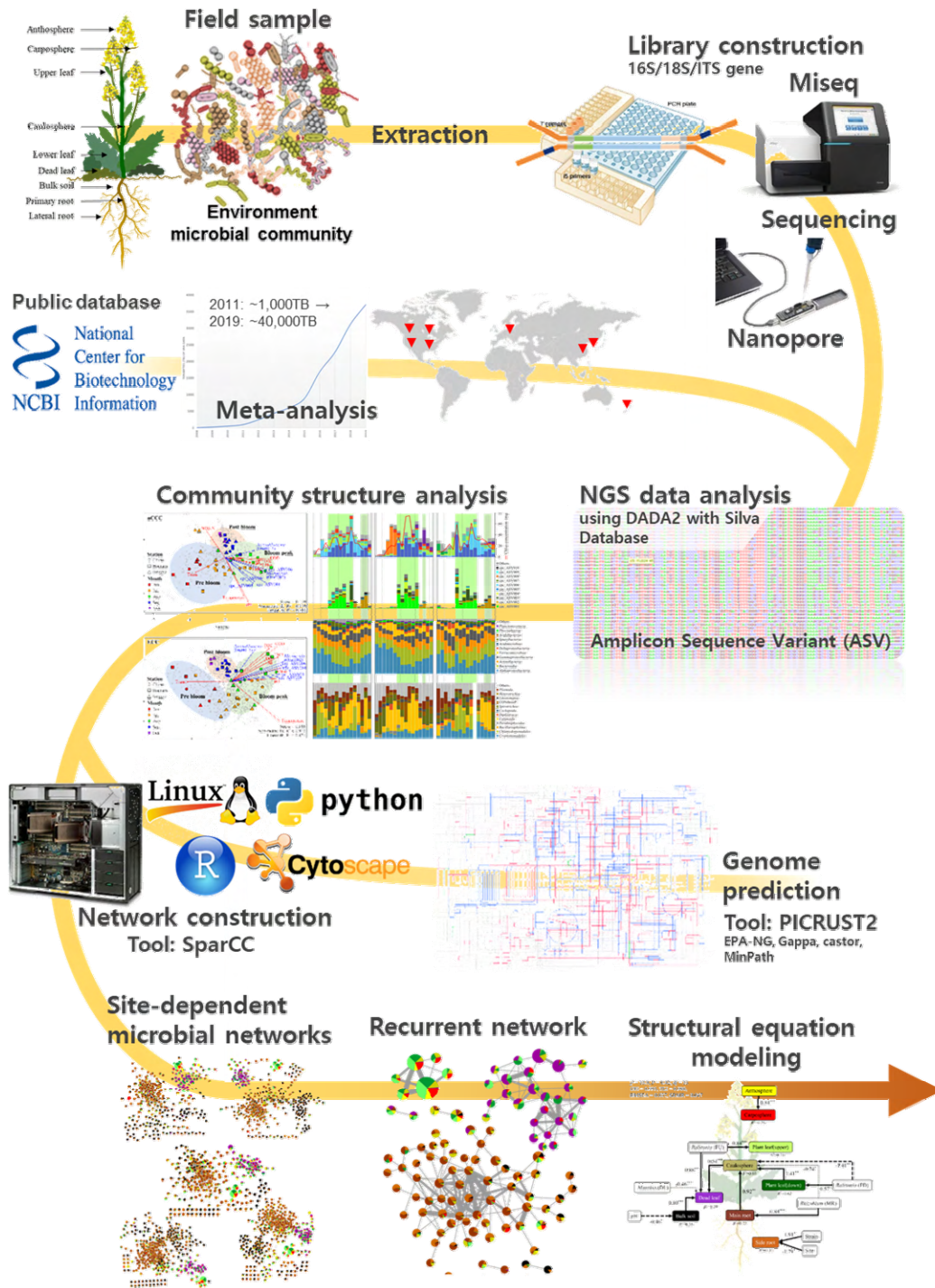


그림 15. 마이크로바이옴 기반 분석 파이프라인.

II. 연구내용 및 방법

1. 국내 수입·승인 단백질 기반 LMO 위해성평가 항목 발굴

본 연구는 단백질 기반 LMO의 환경 위해성 심사를 위한 평가 항목을 도출하고, 이를 바탕으로 국내 LMO 위해성 심사 기준을 강화하여 환경부의 환경 위해성 평가 지침서 초안을 작성하는 것을 목적으로 한다. 이를 달성하기 위해 연구는 1 기존 문헌 및 심사 자료의 체계적인 검토, 2 국내외 위해성 평가 기준 및 항목 비교, 3 평가 항목 도출 및 전문가 자문을 통한 지침서 초안 설계의 세 가지 주요 단계를 통해 수행되었다. 이러한 단계별 접근을 통해, 연구는 단백질 기반 LMO의 특성을 반영하여 생태계에 미칠 수 있는 잠재적 위험 요소를 다각적으로 분석하고, 평가 항목의 구체적 설계와 함께 국내 지침의 과학적 근거를 강화하는 데 중점을 두었다.

가. 기존 문헌 및 심사 자료 검토

첫 번째 단계로, 단백질 기반 LMO의 환경 위해성 평가 항목을 체계적으로 도출하기 위해 국내외의 관련 문헌과 심사 자료를 심도 있게 검토했다. 주요 자료로는 환경부와 국립생태원에서 진행한 기존 위해성 심사 자료와 국내외 정책 문서를 포함하며, 특히 국내에서 단백질 기반 LMO의 위해성 심사에 활용되는 주요 법적·제도적 기준을 검토했다. 이를 통해 국내 심사 과정에서 고려되는 평가 항목의 현황과 그 이론적 배경을 이해하고, 기존 평가 항목의 한계점을 도출했다. 구체적으로는 LMO법과 통합고시 및 카르타헤나 의정서 부속서 의 항목을 검토하여, 국내외 법적 기준 간의 차이점을 파악했다. 이와 함께, 국내외 다양한 사례를 바탕으로, 단백질 기반 LMO의 환경 위해성 평가 항목이 LM 식물 및 미생물의 생태계 상호작용과 자연생태계의 유해성에 대한 세부적인 검토가 필요한 부분이 있음을 확인했다.

또한, 단백질 기반 LMO가 가지는 고유 특성에 주목하여, 단백질 발현과 생태계의 반응에 관한 학술 문헌 및 사례 연구를 광범위하게 조사했다. 특히 단백질 기반 LMO가 비표적 생물에 미치는 영향, 토양 및 수질 내 자생 가능성, 장기적인 유전자 전이 위험성, 알레르기 반응 가능성 등과 관련된 연구 결과를 중심으로 분석을 수행했다. 이러한 문헌 검토 결과는 단백질 기반 LMO의 특성에 적합한 구체적인 평가 항목을 설계하는 데 중요한 기초자료로 활용되었다.

나. 국내외 위해성 심사 항목 비교 및 발굴

두 번째 단계에서는 국내외 주요 위해성 평가 기준을 비교·분석하여, 단백질 기반 LMO의 특성에 맞춘 새로운 평가 항목을 발굴하고 도출하는 작업을 수행했다. 구체적으로 유럽식품안전청 , 미국 농무부 , 캐나다 보건부 등에서 단백질 기반 LMO에 대해 적용하는 심사 기준과 항목을 분석하여, 국내 기준에서 보완이 필요한 부분을 확인했다. 국제적으로는 단백질 기반 LMO에 대해 특정 생물학적 작용, 알레르기 유발 가능성, 토양 및 수질 생태계 내 위해성, 비표적 생물에 대한 영향 등의 항목이 세부적으로 다루어지고 있었다. 특히 유럽 및 북미 국가들은 LMO가 환경에 미치는 영향의 예측 및 사후 모니터링 체계를 엄격히 유지하고 있었으며, 이와 관련된 평가 항목을 국내 기준에 반영하는 방향을 검토했다.

국제 기준과의 비교를 통해 얻은 자료를 바탕으로, 연구는 단백질 기반 LMO의 위해성 평가 항목에 대해 추가적인 요소를 고려했다. 특히, 단백질 발현 기반 LMO가 자연생태계에서 발현할 수 있는 특정 단백질의 발현 양상, 그 단백질이 비표적 생물과의 상호작용에서 나타내는 생태적 위험, 생물 다양성에 미치는 잠재적 영향 등을 평가하는 항목을 구체화했다. 추가로 유전자 전이 가능성 평가에 있어서는 단백질 특이적 반응이 다른 종이나 생태계 구성 요소에 미칠 수 있는 간접적 영향을 포함하여 평가 항목을 심화하였으며, 장기적 관찰이 필요한 사례에 대한 세부적인 모니터링 절차 또한 검토했다.

다. 평가 항목 도출 및 전문가 자문을 통한 지침서 초안 설계

마지막 단계로는 단백질 기반 LMO의 환경 위해성 평가 항목을 바탕으로 환경부의 심사 지침서 초안을 설계했다. 초안에는 단백질 기반 LMO가 자연생태계에서 발생할 수 있는 잠재적 위해성 및 특수한 환경 영향을 평가하기 위한 주요 항목과 구체적인 평가 방법이 포함되었다. 각 항목별로 단백질 발현에 따른 생태적 변화 가능성, 자연생태계에서의 생존 및 번식 가능성, 비표적 생물 및 생태계에 미치는 영향 등을 종합하였다. 예를 들어, 특정 단백질이 비표적 생물종에 미칠 수 있는 생리적 영향과 생태적 영향을 객관적으로 평가할 수 있도록 평가 항목을 정립하고, 이를 판단할 수 있는 구체적 방법론을 제시했다. 이 과정에서 위해성 평가에 필요한 자료 요구 사항과 평가 방법론, 결과 해석 방법 등을 구체화함으로써 평가 기준의 일관성과 과학적 타당성을 확보했다.

지침서 초안 작성 후에는 관련 분야 전문가로부터 다양한 피드백을 수집하였으며, 이를 반영하여 평가 항목의 수정 및 보완 작업을 수행했다. 예를 들어, 생태계에 장기적으로 방출될 가능성이 있는 단백질의 특성에 대한 지속적 모니터링 필요성, 비표적 생물에 대한 잠재적 영향 평가 강화 방안, 그리고 평가 결과의 과학적 신뢰성을 높이기 위한 추가 실험 항목 등을 추가·보완했다.

최종적으로, 본 연구는 환경부의 단백질 기반 LMO 환경위해성 평가 체계를 과학적 근거에 기반하여 강화하는 것을 목표로, 연구 결과를 토대로 설계된 지침서 초안을 작성하였다.

2. 단백질 기반 LM 식물 자연생태계 유출지 모의환경 위해성평가

본 연구는 군산시 유전자 오염지에서 확인된 LM 갖의 생태적 영향을 심층적으로 분석하기 위해 올해 유전자 오염지를 주요 연구 대상으로 설정하고, 이를 중심으로 다각적인 접근법과 정밀한 실험을 수행하였다. 유전자 오염지로 확인된 군산시 지역은 LM 갖과 주변 생물체 간의 상호작용, 그리고 이로 인해 생태계 안정성에 미칠 수 있는 영향을 평가하기에 적합한 주요 현안 지역으로, 본 과제는 이를 기반으로 중점적으로 연구를 진행하였다.

특히, 본 연구는 현장 생태 조사, 식물 공생체 연구, 곤충 마이크로바이옴 분석, 그리고 모의환경 실험을 포함하는 통합적 접근법을 통해 LM 갖이 자연 생태계 내 다른 종과 어떻게 상호작용하는지를 평가하였다 그림 16. 현장 조사를 통해 유전자 오염지 주변에 자생하는 식물과 LM 갖 간의 유전자 흐름 가능성을 파악하였으며, 식물 공생체 연구에서는 LM 갖이 주변 토양 미생물 군집과 공생 또는 경쟁하는 방식에 주목하였다. 곤충 마이크로바이옴 연구는 LM 갖이 곤충 군집에 미치는 직접적·간접적 영향을 분석하기 위해 수행되었고, 모의환경 실험은 통제된 조건에서 LM 갖의 환경 적응성과 생태적 안정성을 평가하는 데 활용되었다.

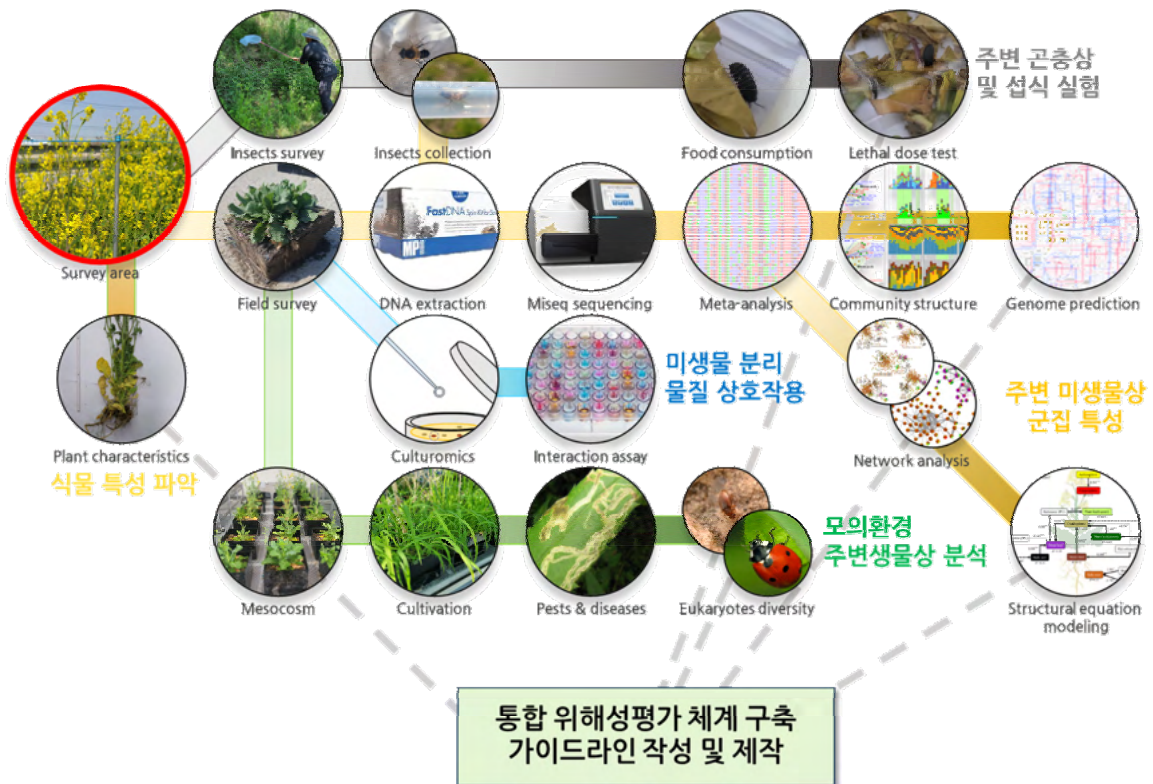


그림 16. 통합적 접근을 이용한 현장 LMO 위해성평가 분석 방식.

가. 현장 구역 모니터링 및 구역 설정

본 연구의 주요 조사 대상 지역은 유전자 오염지 내 LMO가 가장 많이 출현하는 구역을 중심으로 설정되었다. 이를 위해, 2024년 3월 전라북도 군산시 내초동 유전자 오염지에서 장 LMO 검출 빈도가 높고 LM 유체가 초기에 발견되었던 지역을 중심으로 4- 스트립 키트 L 를 이용해 현장의 각각의 개체에 대해 모니터링을 진행하였다. 그림 17. 4- 키트는 LMO 식물에 도입된 특정 유전자를 표적하여 육안으로 검출할 수 있는 진단법으로, 오염지 전반에 걸쳐 LMO 밀도가 높은 구역의 파악 및 선정에 효과적으로 사용되었다.



그림 17. 간이면역검사를 이용한 유전자 오염지 현장 개체 확인.

해당 지역을 기준으로 조사 구역을 확대하며 LMO의 전이 범위를 확인하였다. 모니터링 당시 십자화과 식물은 로제트 형태를 유지하며 꽃대를 올리기위해 신장하는 단계였다. 모니터링의 경우 각각의 개체를 라벨하기 위해 현장에서 키트를 이용해 시험한 후 결과를 바탕으로 봉을 이용해 양성 개체와 음성 개체로 나눠 각 개체를 지속적으로 관찰 할 수 있게 진행하였다. 최종적으로 LMO의 출현 빈도가 가장 높은 지역을 연구 구역을 선정하고 가로 × 세로 2 의 구역을 설정하였다 그림 1 .

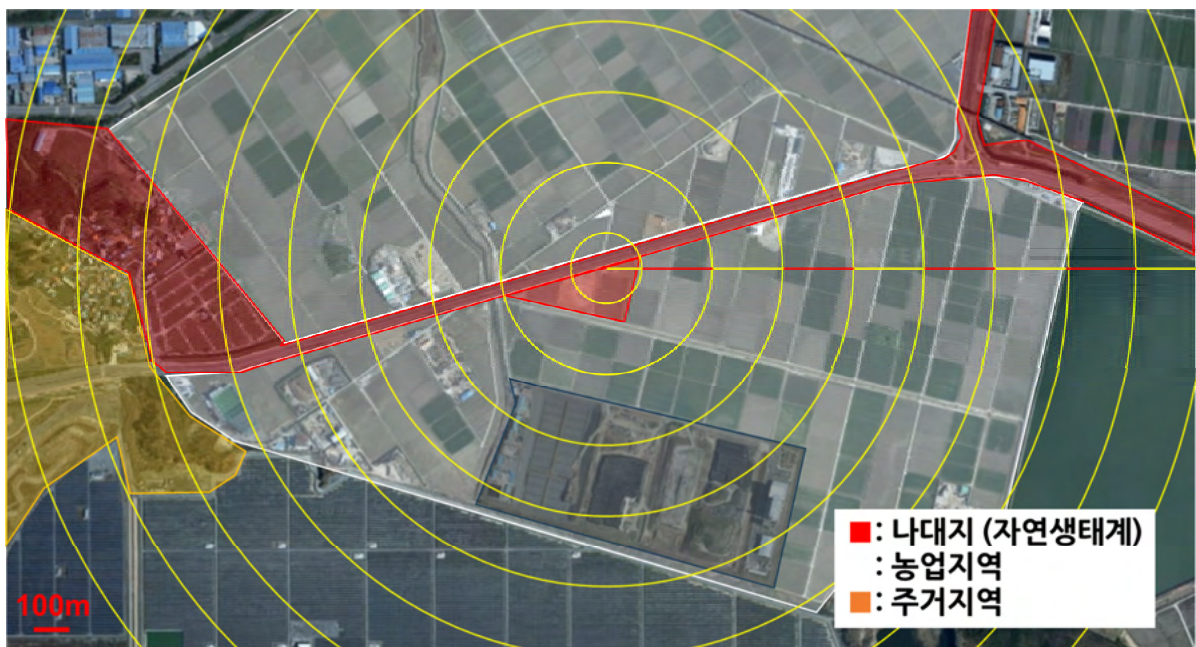


그림 18. 중점 조사 지역 선정과 주변 조사 구역 특징.

또한, 연구 구역의 안전한 관리를 위해 연구 구역의 경계를 따라 지지대 펜스를 설치하여 접근을 제한하고, 주변 사람들에게 연구 구역임을 명확히 하였다. 펜스에는 경고 표지판을 부착하여 해당 구역에서 연구가 진행 중임을 안내하였다. 이를 통해 불필요한 접근을 방지하고 연구 구역의 보안과 안전성을 강화하여, 연구 과정에서 발생할 수 있는 잠재적 안전 문제를 사전에 차단했다.

또한, 구역 설정 과정에서 LMO와 교잡 가능성이 있는 야생 근연종의 확산을 방지하기 위해 구역 주변의 모든 근연종을 제거하여 잠재적인 유전자 확산 위험을 미리 차단했다. 조사는 구역 내 LMO 및 근연종 개체가 씨앗을 형성하기 전에 종료되도록 계획되었으며, 조사가 완료된 후 모든 LMO와 근연종 개체는 구역 내에서 제거하고 연구실로 옮겨 멸균처리 후 폐기하였다. 해당 과정을 통해 연구 과정 중 조사구 외부로 비의도적인 LMO의 추가 확산을 최대한 방지하였다 그림 19 .



제거 전 조사지역 LM 및 야생형 갯



제거 작업 완료

그림 19. 위해성평가용 LMO 야생 근연종 확산 방지를 위한 제초 작업.

따라서, 본 연구의 구역 설정 과정은 LMO의 밀집 분포와 주변 생태계에 미치는 영향을 면밀히 평가할 수 있는 최적의 환경을 조성하는 데 중점을 두었으며, 연구의 정확성과 신뢰성을 높이는 동시에 안전 관리 측면에서도 충분한 조치를 마련하여 연구 구역의 보안과 주변 환경의 안전성을 강화하는 데 기여했다.

나. 자연 생태계 분포 LM 갯 및 야생형 갯의 형태학적 비교

LM 갯과 야생 갯 간의 형태학적 차이를 보다 정밀하게 분석하기 위해, 온실 내 배양개체가 아닌 현장에서 각 그룹의 표본을 획득하고 다양한 형태적 특성을 세부적으로 측정하여 비교하였다 (Wang et al., 2016; Lee et al., 2013). 조사 항목으로는 식물체의 전체 길이, 줄기 폭, 여러 높이에 위치한 잎의 길이 및 폭, 그리고 식물체와 뿌리의 무게 등이 포함되었다. 이러한 항목들은 LM 갯과 야생 갯의 생장과 구조적 차이를 파악하는 데 활용되었다 (그림 20).



그림 20. 식물 형태학적 특성 조사 항목 및 각 부위의 역할.

먼저, 각 식물체의 전체 길이를 측정하여 LM 갯과 야생 갯 간의 크기 차이를 평가하였다. 전체 길이는 식물의 생장 상태와 건강을 나타내는 중요한 지표로, 두 그룹 간의 생장 속도와 크기 차이를 비교하는 데 활용

되었다. , 200 . 이를 통해 도입유전자에 의해 식물의 키와 같은 주요 생장 특성에 미치는 영향을 평가하고자 하였다. 메인 줄기의 폭을 측정함으로써, LM 갓과 야생 갓의 줄기 강도와 내구성의 차이를 파악하였다. 줄기 폭은 식물의 안정성과 생장 환경에 대한 적응 능력을 반영하기 때문에, 줄기 두께의 차이는 두 그룹이 생태적 압력에 어떻게 반응하는지를 나타낼 수 있는 중요한 단서이다.

잎의 경우, 상업과 하엽으로 구분하여 각 위치에서 잎의 길이와 폭을 측정하였다. 하엽1, 하엽2, 하엽3의 길이와 폭을 각각 측정하여, 각 잎의 크기와 형태적 차이를 분석하였다. 또한, 꽃 아래에 위치한 잎1, 잎2, 잎3의 길이와 폭을 측정하여, 개화와 관련된 생식 기관 주변의 잎이 가지는 형태적 특성도 파악하였다. 특히, 꽃 주변의 잎 크기와 모양은 개화 시기와 영양분의 분배와 관련이 있어, 식물의 생식 전략과 생장 방식에 대한 중요한 정보를 제공하였다 W 1996 .

뿌리의 건중량 측정은 LM 갓과 야생 갓 간의 생체량 차이를 비교하기 위해 수행되었다. 뿌리 무게는 뿌리 발달과 관련된 지표로, 두 그룹이 토양 속에서 자원을 얼마나 효율적으로 흡수하고 있는지를 간접적으로 파악할 수 있는 수단이다 2005 . 이는 특히 LM 갓이 야생 갓에 비해 자원 흡수 및 생장 효율이 어떻게 다른지 이해하는 데 도움을 줄 수 있는 지표이다.

이와 같은 다양한 형태적 측정 항목들을 바탕으로, LM 갓과 야생 갓의 구조적 특성과 생장 방식 차이를 종합적으로 평가하였다. 예를 들어, LM 갓이 야생 갓보다 큰 잎을 가지거나 줄기가 두꺼운 경우, 이는 광합성 효율이나 영양분 흡수와 같은 생리적 차이로 이어질 수 있으며, 이러한 구조적 특성 변화는 생태적 경쟁력에 직접적인 영향을 미칠 수 있다. 이러한 형태적 분석을 통해 LM 갓이 야생 환경에서 야생형 갓과 비교하여 보유할 수 있는 경쟁 우위 또는 열위를 평가하는 데 필수적인 데이터를 확인하였다.

다. 식물 공생체 및 미생물 군집 연구

본 연구에서는 22년도에 수행한 식물 연구 방법을 바탕으로, LM 갓과 야생 갓이 생물 군집과 상호작용하는 방식을 평가하였다

., 2022 . 각 식물체에 서식하는 미생물 군집 및 을 식물 전생물체 꽃, 잎, 사엽, 뿌리 등 에서 각각 채취한 후, 16 및 T 유전자 서열 분석을 통해 미생물 군집의 다양성과 구성을 비교 분석했다. LM 갓과 야생 갓 간의 공생 생물 간의 차이를 파악하여, 유전자 변

형이 공생 미생물 구조에 미치는 영향을 평가하고, 이를 통해 LMO가 생태계 내 다른 생물과 상호작용하는 방식과 관련된 생태적 리스크를 평가했다. 구체적인 분석 방법은 기존 과제에서 구축한 시스템을 이용했으며 요약하면 아래와 같다.

본 연구에서는 환경 추출을 위해 이전 연구에서 결정된 M 6560-200 을 사용하였고 국립생태원, 2021 , 추출 방법은 제조사 매뉴얼을 따랐다. 라이브러리 제작 과정은 사의 16 M L 지침서 15044223 . , 2013 를 참고하여 진행했다 그림 21 . 라이브러리 제작을 위한 프라이머는 1차 1 과 2차 2 에 필요한 것으로 구성되었다. 1차 프라이머는 표적 유전자 증폭을 위해 제작되었으며, 시퀀스가 포함된 시퀀스와 결합된 구조이다. , 를 대상으로 하는 프라이머를 선정하여 시퀀스를 추가해 제작했다 국립생태원, 2022 . 2차 프라이머는 서열과 함께 와 를 포함하여 구성 되었으며, T 2 의 7 및 5 프라이머를 사용하여 인덱싱을 진행했다.

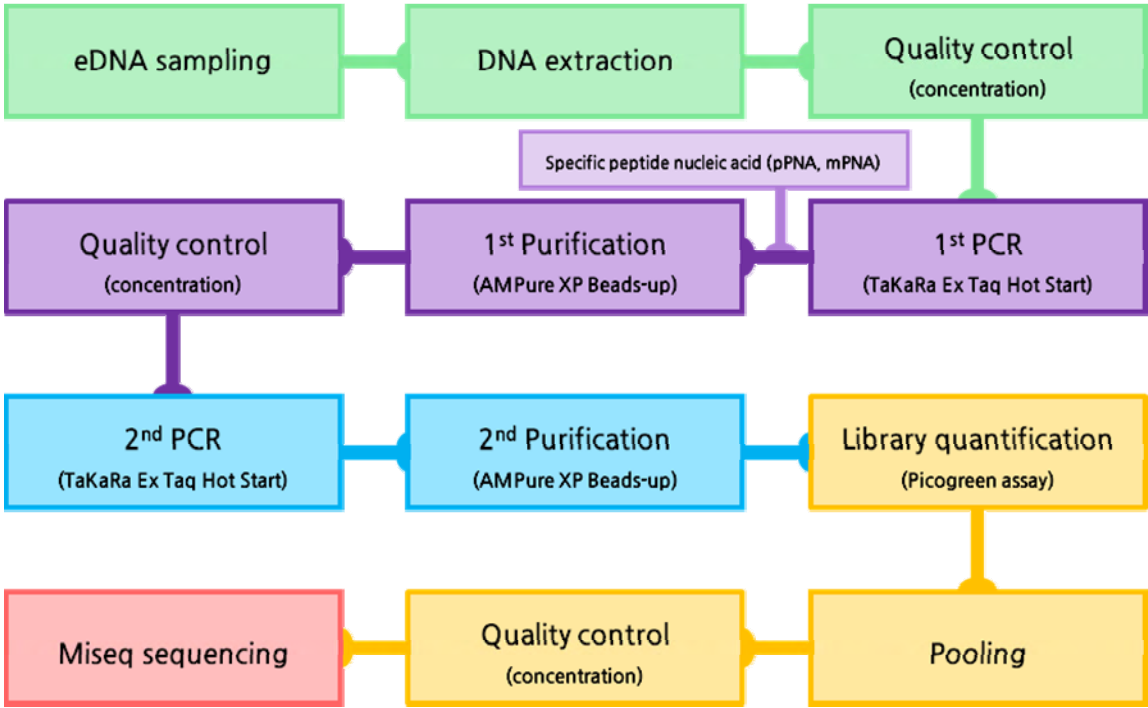


그림 21. Miseq 라이브러리 제작 과정 도식도.

과정에서 발생할 수 있는 비특이적 증폭 및 을 방지하기 위해 T 사의 T ② 006 를 사용하였고, 억제제를 위해 2320, T 를 추가로 사용했다. 또한, 식물체 의 증폭을 막기 위해 시료 분석 시 와 를 적용했다 L ., 2013 . 이는 의 높은 특이성과 결합력을 이용한 것으로, 는 식물체의 및 와 결합해 증폭을 억제한다 그림 14 . 실험에 사용된 는 에서 제작하였으며, 의 서열은 5 ' - T TT TT -3 ' , 는 5 ' - T T -3 ' 이다 ., 201 , T ., 2020 .

후 정제 과정은 M 63 1, 를 이용해 수행하였으며, 고효율 파이펫 장비인 M 1-M 96, 을 사용해 대량 시료의 빠른 정제가 가능하도록 했다 그림 15 . 정량은 L T 로 진행하였으며, 각 시료를 40 50 농도로 하여 M 시퀀싱을 의뢰했다. 과정에서는 L 을 사용하여 의 농도와 길이를 확인한 후 적합한 시료만 시퀀싱을 진행했다. 최종 시퀀싱 데이터는 . 형식의 로 받아 분석을 시작했다.

군집 분석과 통계 분석은 고성능 컴퓨팅 시스템을 활용하여 진행되었으며, 2 .1.16 를 이용해 수준에서 분석을 진행했다 ., 2016 . 박테리아는 2 T .1.16 을, 곰팡이는 2 T W .1. 를 참고했다. 박테리아 분류는 L 데이터베이스 99 13 .1 . . 를 사용했다 ., 2012 . 곰팡이 분류에는 T 데이터베이스 29.11.2022. 를 사용하였고 ., 2019 , 추가로 와 패키지를 적용하여 분석했다 M ., 2009, ., 2013 . 오류 최소화를 위해 시퀀스 수가 10 미만인 를 제거하였으며, 박테리아 결과에서는 및 관련 시퀀스를 제외하여 최종 데이터 정제를 마쳤다.

라. LMO 유전자 오염지 주변 곤충 마이크로바이옴 연구

본 연구는 LM 갯이 생태계에 미치는 영향을 평가하기 위해, LM 갯 주변에서 서식하는 다양한 곤충의 마이크로바이옴을 분석하였다. 분석 대상 곤충으로는 배추흰나비, 홍비단노린재, 꿀벌, 진딧물, 호리꽃등에, 공벌레를 선정하였다 그림 22. 각 곤충의 장내 미생물 군집을 조사하여 LMO가 환경에 미치는 잠재적 영향을 평가하고자 하였다. 해당 연구는 2026년까지 연속으로 진행할 계획이며 당해연도에는 오염지 내 곤충 마이크로바이옴의 기초 자료를 제시할 계획이다.

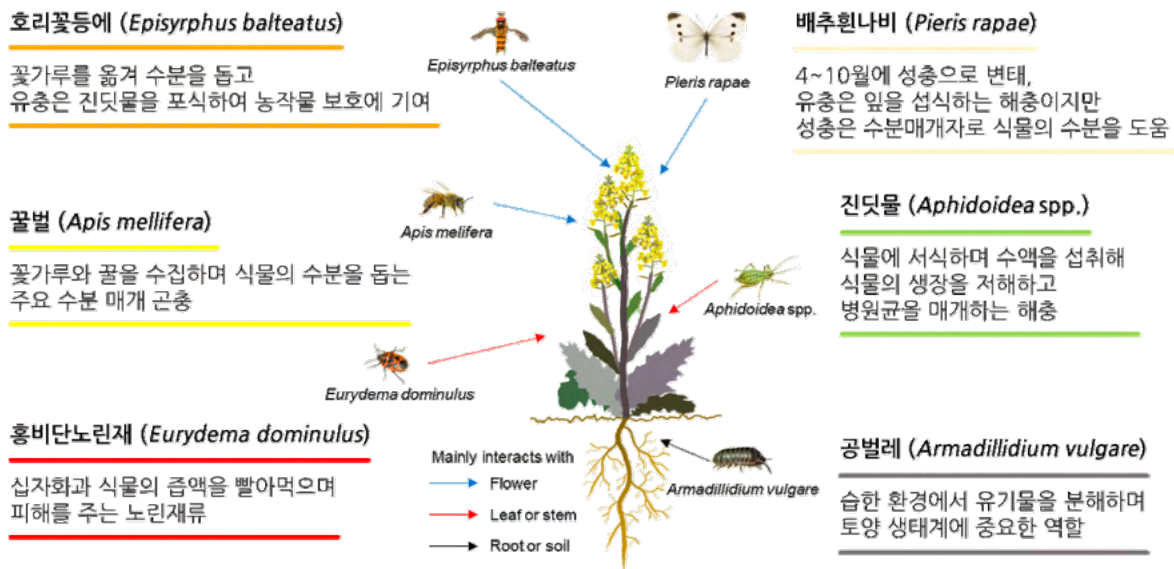


그림 22. 십자화과 식물과 상호작용하는 대표적인 절지동물군.

배추흰나비와 홍비단노린재는 십자화과 식물을 주요 기주로 삼는 곤충으로, LM 갯과 밀접한 상호작용을 한다. 배추흰나비는 애벌레 시기에 십자화과 식물의 잎을 주요 먹이로 삼으며, 기주 식물로 활동하기 때문에 갯의 변화에 따라 장내 미생물 군집이 변화할 가능성이 높다. 또한 성충 단계에서는 꿀을 섭취하기 때문에 화분을 옮길 수 있는 수분매개자로 활동할 수 있다 (Lee et al., 2003). 홍비단노린재는 성충과 유충 시기에 십자화과 식물의 수액을 섭취한다 (Lee et al., 2010), LM 갯 섭취 시 미생물 군집에 변동이 일어날 수 있어 장내미생물군 군집을 분석하였다. 꿀벌과 호리꽃등에는 십자화과 식물뿐만 아니라 일대의 꽃 전체를 폭넓게 활동하며 꿀과 화분을 채집한다 (Lee et al., 2012). 따라서 주변 생태계

에서 LM 갓의 확산이 간접적으로 미칠 수 있는 영향을 평가하였다.

LM 갓 꽃에서 꿀벌 15개체, 홍비단노린재 17개체, 배추흰나비 애벌레 3개체 및 번데기 4개체, 호리꽃등에 2개체를 수집하였으며, 야생형 갓만 존재하는 동일 지역에서는 홍비단노린재 13개체, 호리꽃등에 5개체, 배추흰나비 15개체를 채집하였다. 갓이 자생하지 않는 대조 지역으로는 동부저수지 인근과 충남 서천군 마서면 일대를 선정하여 각각 꿀벌 15개체를 채집하였다. 수집된 샘플은 비드를 이용해 곤충 전체를 파쇄하여 DNA를 추출하고, 박테리아 및 곰팡이 특이적 프라이머를 사용해 MDS 분석용 라이브러리를 제작하였다. 이를 통해 곤충별 장내 미생물 군집 구조를 비교하였다. 꿀벌, 배추흰나비, 호리꽃등에의 일부는 화분을 따로 분리하기 위해 100µm 버퍼를 이용해 벌로부터 화분을 분리한 후 원심분리를 통해 화분을 확보하였다.

마. 모의환경 실험

LM 갓이 생태계에 미치는 영향을 다각적으로 평가하기 위해 자연 환경을 최대한 모사한 모의환경 실험을 설계하고 수행하였다. 연구의 주요 목적은 LM 갓이 주변 생물체 및 생태계와 어떤 상호작용을 가지는지를 파악하고, 기존의 유출 LMO 관리 방식이 가진 한계를 보완하여 보다 정밀한 환경영향 평가를 진행하는 것이다. 이를 위해 모의 환경을 개발하여 LM 갓과 야생 생태계의 상호작용을 분석하였다.

현장의 생태적 변화를 제한된 실험 환경에서 최대한 자연에 가깝게 재현하기 위해, 맞춤형 아크릴 박스를 활용한 모의환경 실험을 설계하였다(그림 23). 이전 연구에서 단일 식물과 관련된 미생물 군집이 30cm 이내에서 대부분 형성됨을 참조하여 국립생태원 2023년, 가로 및 세로 30cm, 높이 20cm의 사각형 화분을 흑색 아크릴로 제작하였다. 아크릴 재질은 빛을 차단하여 광합성을 조절하고, 두께는 3mm로 설정해 견고한 지지대 역할을 수행할 수 있도록 하였다. 화분 바닥에는 직경 1cm의 구멍 9개를 뚫어 배수 기능을 확보하고, 이 구멍을 통해 물이 고이지 않도록 하여 토양과 식물의 안정적인 생장 환경을 조성하였다. 현장에서 미리 간이면역검사를 통해 LMO 유무를 판별한 뒤, LM 갓을 중심에 배치하고 주변 흙과 뿌리의 손상이 최소화되도록 주의하며 옮겨 심었다. 박스 상단에는 탈부착이 가능한 투명 뚜껑을 덮어 외부와의 접촉을 차단하며, 내부 환경을 안정적으로 유지할 수 있도록 설계되었다. 흙과 함께 옮긴 샘플을 아크릴 박스에

이식함으로써 주변 생태적 영향을 최소화하고, 현장에서 채집한 생태적 상태를 그대로 국립생태원의 격리된 온실로 이동하였다. 이를 통해 생태적 상호작용을 연구하는 데 필요한 최적의 환경을 조성하였다.



그림 23. 모의환경 이식을 위한 아크릴 박스 제작 모형과 실제 활용 예시.

세 가지 환경 조건을 조성하여 생장을 분석하였다. 첫 번째 그룹은 식물과 주변 자연생태계를 온전히 포함한 조건으로, 식물과 토양을 그대로 옮겨 주위 미생물과 곤충 등 생물체를 보존한 채 배치하였다. 두 번째 그룹은 2 망목의 스테인레스 체를 이용해 대부분의 생물체를 제거한 토양에 식물을 이식하여 주변 동식물과의 상호작용을 일정 부분 제한하였다. 마지막 세 번째 그룹은 배양토 바이오상토, 홍농종묘 에 식물만 이식하여 기존 토양과의 상호작용을 배제하였다. 이식 후, 각 그룹의 화분은 즉시 국립생태원 격리 온실로 이동되어 관리되었으며, 실내 온도와 일조량은 실제 환경을 모사하여 조절하였다. 규칙적으로 물을 공급하기 위해 스프레이건을 사용하여 매일 분무해주었다.

이식된 식물들은 약 2달간 재배되었으며, 이 기간 동안 LM 갓과 야생형 갓의 성장 차이와 생존율, 번식 능력, 생장 속도 등을 지속적으로 관찰하였다. 또한 주변 생물상에 미치는 영향을 평가하기 위해 각 조건에서 발생한 생태적 변화를 시계열적으로 기록하였다. 공벌레와 같은 생물이 박스 내에서 발견될 경우 기록과 촬영을 수행하여 정성적인 평가를 수행

하였다. 또한, 실험의 전 과정을 통해 LM 갓이 주변 생물체와 생태계에 미치는 영향을 다각도로 분석할 수 있도록 실험 기간 초장을 꾸준히 기록하여 성장 데이터를 수집하였다.

LM 식물의 생산·잔류 유전산물 단백질 대상 환경 위해성평가를 위하여 다양한 주변생태계 상호작용 생물 중 공벌레를 우선적으로 선정하였다. 공벌레는 대표적인 자연생태계의 분해자로, 습한 환경을 선호하여 토양에 주로 분포하며 유기물 분해를 통해 토양의 비옥도를 증가시켜 식물의 성장에 도움을 주는 것으로 알려져 있다 (Lee et al., 2020). 또한 식물의 낙엽을 섭식하여 분해하기 때문에, LM 식물과 야생 식물과 직접적으로 상호작용하는 생물이다. 따라서 이번 실험에서 공벌레에게 LM 갓의 낙엽과 야생형 갓의 잎을 섭식시켜 성장률, 생존율, 섭식률을 확인하여 위해성을 평가하였다 그림 24. 공벌레는 LM 갓이 발견된 군산시 내초동 일대에서 채집하였으며, 12.6 cm 사각 페트리디쉬에 공벌레 20마리와 잎 5 켤을 급여하였다. 각 실험은 3반복으로 수행되었으며, 대조군으로 공벌레가 없는 페트리디쉬에 LM 갓과 야생형 갓 잎 5 을 두었다. 실험은 4월 2일부터 4월 9일까지 총 일간 수행되었으며, 1일차, 4일차, 일차에 공벌레 무게, 잎 무게, 생존율을 측정하였다. 실험이 끝난 4월 9일에 각 페트리디쉬의 공벌레 1개체씩 3반복으로 획득하여 라이브러리 제작 및 박테리아와 곰팡이 프라이머를 이용하여 M DNA 분석을 수행하였다.



그림 24. LM 및 non-LM 갓 사엽을 이용한 공벌레 섭식 실험.

3. 단백질 기반 LM 미생물 유출지 모의환경 위해성평가

2024년 6월, 미국 캘리포니아 공과대학 린데 센터 L
, , 는 환경방출 유전자변형 미생물의 안전하고
효과적인 활용 방안을 주제로 한 워크숍의 후속 조치로 M
M 에 대한 정책 제안서를
발표했다 M ., 2024. 이 제안서는 M 의 위해성을 과학적으로
평가하고 이를 토대로 새로운 규제 시스템을 마련할 필요성을 강조하며,
환경 및 생태계에 대한 잠재적 영향을 최소화하기 위한 방향을 제시했다.
그러나 현재 국내에는 환경정화용 M 의 개발 및 활용을 위한 체계적인
규제와 평가 시스템이 미비하여, 이러한 기술이 가진 잠재력을 안전하게
구현하기 위한 기반 조성이 시급하다. 이에 본 과제에서는 환경부가 환경
정화용 M 의 안전성을 평가하고 활용 가능성을 검토할 수 있는 새로운
위해성 평가 시스템 구축의 필요성을 강조하며, 이를 위한 모델 시스템을
구축하고 유출지 모의환경을 조성하여 실험에 활용하고자 하였다. 환경정
화용 미생물 모델은 2024년 신기술 LMO의 위해성 평가 기술 및 가이드라인
개발 과제에서 개발한 카드뮴 내성 를 이용했다.
해당 미생물은 다양한 오염원에 대한 분해능을 가지고 있어 환경정화용으로
널리 활용되며 형질전환을 통해 다양한 LMO가 개발되고 있다 .
2024. 모델 균주를 모의환경에 적용하기 앞서 카드뮴 내성에 따른 .
의 생장률 변화를 분석하기 위해, 형질전환된 균주의 생리적 특성을
평가하였다. 구체적인 실험 방법은 다음과 같다.

1. 배지 준비

- 96 의 각 에 L 배지와 L 배지에 1 M₂ 를 첨가한 배지를 각각 170 μ L씩 분주하였다.

2. 균주 접종

- *P. putida* 야생형 WT 과 형질전환체 를 각각 30 μ L씩 준비된 배지에 접종하였다.
- 최종 반응 부피는 200 μ L로 설정하였다.

3. 배양 조건

- 2 ° 에서 120 으로 진탕 배양하여 균주를 배양하였다.

4. 흡광도 측정

- 배양 초기 0시간 를 포함하여 일정 시간 간격으로 흡광도 600 를 측정하였다.
- 흡광도 변화는 균주의 성장률과 μ_2 에 대한 내성을 평가하기 위한 지표로 활용하였다.

5. 데이터 분석

- *P. putida* WT와 μ_2 의 L 배지와 L 1 M μ_2 배지에서의 흡광도 차이를 시간별로 비교하였다.
- 성장 곡선을 기반으로 WT와 μ_2 간의 카드뮴 내성 및 성장률 변화를 분석하였다.
- 형질전환체가 μ_2 에 내성을 보이며 성장률이 증가하는 경우, 환경 정화능력을 갖춘 형질전환체로 판단할 수 있다.

이후 카드뮴 내성 LM 미생물의 영향 평가를 위해 모의환경을 구축하고 모의환경 내 근연종 및 주변 생물상을 분석했다. 모의환경은 자연 생태계의 주요 요인을 최대한 재현한 조건에서 수행하기 위해 중금속 오염토를 사용하여 LM 미생물의 유출을 가정할 수 있는 모의환경을 구축하였다. 중금속 오염토는 격리 온실 내 안전한 실험 구역에 배치하였다. 오염토 내 *P. putida*와 수평유전자전달이 가능한 미생물의 다양성을 확인하고 생물 다양성 평가를 통해 위해성평가에 필요한 기초자료를 확보하였다.

실험 구역 주변에는 생물 안전을 강화하기 위해 실험이 종료된 후 모든 시료와 실험 구역을 철저히 멸균 처리 후 폐기하였다.

4. 환경부 자연생태계 통합 위해성평가 체계 구축

환경부의 자연생태계 통합 위해성평가 체계 구축의 일환으로, LMO 도입 유전자 구성요소, 위치, 복제수 등 에 대한 평가 가이드라인을 제시하였다. 본 가이드라인은 정부 제4차 LMO 안전관리계획 2023-2027 에 근거하여 2023년에 초안을 마련하고, 전문가 검토 및 수정을 거쳐 최종 발간되었다 통합고시 별표 10-1 ①-7-가 .

자연생태계 통합 위해성평가 체계 구축에 있어 기존 2세대 시퀀싱 기법을 주로 활용하지만 빠르게 발전하고 있는 3세대 시퀀싱 기법의 적용 가능성

또한 본 과제에서 타진하고 있다. 3세대의 대표적인 시퀀싱 기술은 나노포어 시퀀싱과 기반 시퀀싱이 있으며 각각의 장단점이 있어 시장을 양분하고 있다. 본 과제에서는 크기가 작아 사용이 상대적으로 편리한 나노포어 시퀀싱 시스템을 이용하여 실시간 생물다양성 평가 시스템을 개발하여 현장에서의 즉각적 생태계 모니터링이 가능하도록 하였다. 이 시스템은 들고 다닐 수 있는 형태로 설계되어 현장 연구자들이 손쉽게 운반하고 사용할 수 있으며, 내부에는 노트북, 실시간 추출 키트, 라이브러리 제작 키트, 나노포어 장비 등이 포함되어 있다. 이를 통해 현장에서 토양 생태계의 생물다양성을 실시간으로 평가하고, 다양한 생물 종의 존재 및 변동을 빠르게 확인할 수 있도록 설계하였다. 이 시스템은 생태계 변화에 대한 신속한 대응을 지원하며, 자연생태계 통합 위해성평가의 효율성을 크게 향상시킬 것으로 기대된다.

나노포어 시퀀싱의 경우 최신 10 을 이용하였으며 M O M -101 에 부착하여 사용하였다 그림 25 .

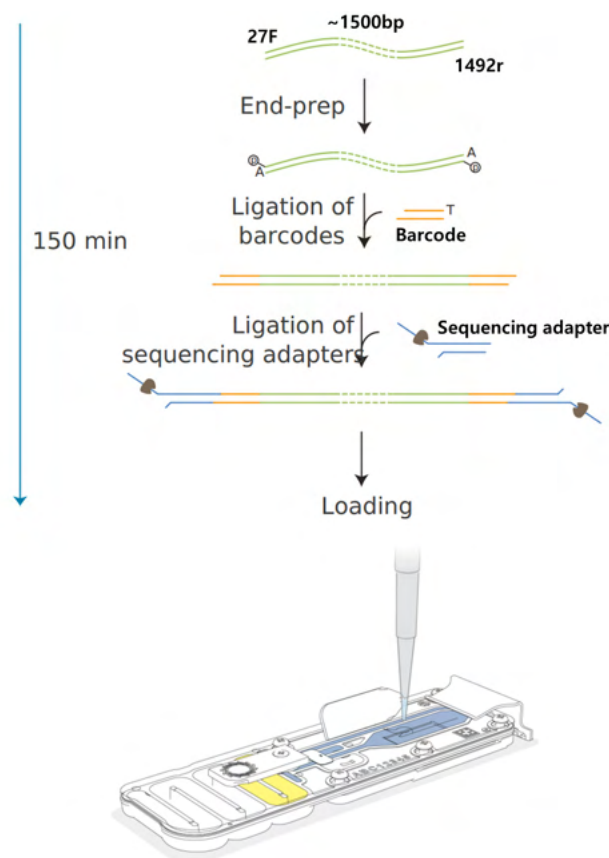


그림 25. 나노포어용 라이브러리 제작 도식도
(출처: Ligation sequencing amplicons – native barcoding).

사용 키트 및 시약은 다음과 같다. L -L 114 ,
- 114 ,[®]
M M6630 ,[®] TM -T M
7546 ,[®] L M 6056 , T L
M M M0367 . 라이브러리 제작은 O 에서 제공하는
L - -L 114
- 114 을 따라 진행하였다. - 16 - 시퀀스 확보를 위해
제작에는 27 1492 27 5 - TTT T T T -3
1492 5 - TT TT TT TT-3 프라이머 세트를 이용해 약 1.5 의
을 제작하였다. 조건은 다음과 같았다 . 200 .
1. 95° 5 2. 30 95° 30 , 50° 30 , 72° 30
3. 72° 10 . 사용 프로그램으로는 M OW . 22.0 .9 을 이용
하였다. 의 경우 3.0.7 를 사용하였다. 분석된
파일은 바코드별로 를 이용해 분석하였다 . 2022
. 구동을 위해 M 2, 2,
, L T, , M 2 등의 툴을 추가적으로 이용했다
L , 201 , W ., 2019, L ., 2017, í - é ., 2021,
., 2016, ., 2019 .

본 과제에서는 기반 통합 위해성평가 체계의 일환으로, 유전자 오염지에서 발생한 LMO 오염을 확인하기 위한 전장유전체 수준의 분석을 지원 및 수행하였다. 해당 분석 결과는 LMO 안전관리 5개 과제 중 하나인 「2024년 LMO 자연환경 모니터링 및 사후관리 연구」 보고서에 포함되었다. 해당 분석은 교잡 및 유전자 전이 가능성을 보다 정밀하게 평가하기 위해 유전체 데이터 수집과 해석을 포함하며, LMO와 근연종 간의 교잡 유무를 확인하는 데 중점을 두었다. 이를 통해 교잡된 개체의 존재 및 유전적 특성을 유전체 수준에서 파악함으로써, 해당 지역 내 LMO의 유전적 영향 및 확산 가능성을 과학적으로 분석할 수 있도록 하였다. 이러한 유전체 분석 지원은 유전자 오염 지역의 생태계 모니터링과 위해성 평가 체계 내에서 중요한 역할을 하며, LMO의 환경 내 안전성 확보를 위한 기초 자료로 활용되었다.

Ⅲ. 연구결과 및 고찰

1. 국내 수입·승인 단백질 기반 LMO 위해성평가 항목 발굴

가. 단백질 기반 LMO의 환경위해성 심사 결과 분석

LMO법이 시행된 200 년부터 환경부의 LMO 위해성심사는 국립환경과학원이 2014년에 국립생태원으로 업무를 이관하기 전까지 수행했으며, 2014년부터 지금까지 국립생태원이 환경부 LMO 위해성심사를 수행하고 있다. 현재까지 환경부 주관인 환경정화용 LMO의 위해성심사는 없었으며, 관계 중앙행정기관으로부터 요청받은 -LMO 위해성 협의심사는 지금까지 9 건이며 작물별로는 옥수수 2 건, 콩 21건, 면화 11건, 카놀라 9건, 카네이션 4건, 알팔파 3건, 잔디 3건, 사탕수수 1건, 감자 3건, 사탕무 1건, 미생물 14건이었다. 이 중에서 심사완료는 7 건이며 신청자의 자진 철회로 11건이 취소되었고, 현재 심사중인 것은 9건이다 표 5 .

도입형질로는 단일형질로 제초제 내성이 36건으로 가장 많았으며, 해충 저항성이 13건, 효소생산이 12건, 기타형질이 13건이며, 복합형질로는 제초제내성과 해충저항성이 16건, 제초제내성과 기타형질이 1 건이었다.

표 5. 환경부 단백질 기반 LMO 자연생태계 위해성 협의심사 진행 현황
(‘24년 10월 기준)

	콩	옥수수	면화	카놀라	알팔파	카네이션	잔디	미생물	사탕수수	감자	사탕무	합계
2008년	1											1
2009년	2	4										6
2010년	1	1	1									3
2011년	4	1	1					1				7
2012년	2	3	1	2								8
2013년	3		2	1								6
2014년	1	1	1	1	1			1				6
2015년	1	1	1									3
2016년	1	3						2				6
2017년		1			2					1		4
2018년								2				2
2019년		1	1	1								3
2020년		1	1					2		1		5
2021년	1		1					2				4
2022년		2		2			1			1		6
2023년		4		1				1				6
2024년		1						1				2
합계	17	24	10	8	3	0	1	12	0	3	0	78

위해성심사에서 우선 요구사항은 위해성평가서의 자료의 적정성이다. 이는 심사대상이 되는 LMO의 생태계위해성에 대한 중요한 요소가 비교 평가 실험의 현실적이며 적절한 수행이 이루어졌는지의 여부를 검토한다. 따라서 위해성평가자료가 충분치 않으나 별도로 다시 생산하는 것이 불합리한지의 여부도 판별하게 된다. 또한 위해성평가자료는 불충분하나 사후관리로 안전관리가 보장된다면, 해당 LMO의 위해성을 어느 정도 낮출 수 있다고 판별하는가에 대한 평가도 이 영역에서 이루어진다.

위해성심사에서 친숙성 과 실질적 동등성 은 LMO의 위해성평가를 구조화하고, 과학적이고 신뢰성 있는 근거를 바탕으로 안전성을 판단하는 데 필수적인 기준으로 작용한다. 두 접근법은 신속하고 효율적인 평가가 가능하게 하며, 비교 대상이 되는 기존 생물체와의 유사성에 기반하여 새로운 유전자변형 생물체의 안전성을 보장하기 위한 과학적, 규제적 지침으로 자리잡고 있다 표 6.

표 6. 위해성심사의 기준이 되는 친숙성과 실질적 동등성

항목	친숙성 (Familiarity)	실질적 동등성 (Substantial Equivalence)
정의	기존 생물체에 대한 생태적·환경적 정보 및 경험을 바탕으로 유전자변형생물체를 평가하는 접근법	유전자변형생물체와 비유전자변형 생물체 간 주요 특성을 비교하여 안전성을 평가하는 방법
평가 기준	유전적 구성, 생리적 기능, 생태적 역할에서 기존 생물체와의 유사성	영양 성분, 독성, 알레르기 유발 가능성, 환경적 반응 등 본질적 특성의 유사성
적용 단계	위해성 평가 초기 단계에서 주요 위해 요소를 식별하고 평가	인체 및 환경 위해성 평가에서 과학적 데이터 기반으로 안전성을 검토
장점	- 기존 생물체 정보 활용으로 평가 용이 - 잠재적 위해요소 효율적 식별 - 신속한 초기 평가 가능	- 과학적이고 규제적인 평가 가능 - 기존 생물체와의 본질적 유사성 확인으로 신뢰도 향상 - 차이점 분석을 통한 안전성 평가 강화
한계	기존 생물체 정보가 부족한 경우 평가 어려움	주요 특성이 아닌 부분에서의 차이점을 반영하지 못할 가능성
활용 사례	- 기존 식량작물(예: 쌀, 옥수수 등) 기반의 유전자변형생물체 평가 - 생태적 역할이 잘 알려진 생물체 평가	- 영양학적 특성 평가 - 알레르기 유발 가능성 비교 - 환경적 반응 검토
결론	유전자변형생물체의 기존 생물체와의 생태적 유사성에 초점	유전자변형생물체와 비유전자변형 생물체의 본질적 차이 여부 확인

친숙성은 기존의 전통적인 생물체에 대해 축적된 생태적·환경적 정보와 경험을 바탕으로 유전자변형생물체를 평가하는 접근법이다

, 2000 . 이 개념은 유전자변형생물체가 기존 생물체와 유전적 구성, 생리적 기능, 생태적 역할에서 얼마나 유사한지를 평가하여 위해성을 예측하는 데 사용된다. 예를 들어, 친숙성이 높은 생물체일수록 그 특성과 잠재적 영향이 잘 이해되어 있어, 새로운 유전자변형 생물체의 평가에 활용하기 용이하다. 이는 위해성 평가의 초기 단계에서 중요한 역할을 하며, 기존 생물체에 대한 친숙성을 통해 잠재적 위해요소를 효율적으로 식별하고 평가할 수 있게 한다.

실질적 동등성은 유전자변형생물체가 비유전자변형 생물체와 영양 성분, 독성, 알레르기 유발 가능성, 환경적 반응 등에서 유사한지 여부를 비교하는 방법이다 M , 1999 . 이 개념은 유전자변형생물체와 기존 생물체 간의 차이점을 찾아내어, 만약 주요 특성에서 유사성을 보인다면 안전성이 크게 다르지 않다고 간주할 수 있다는 가정을 바탕으로 한다. 실질적 동등성 평가 방식은 과학적 및 규제적 판단에 있어 중요하게 적용되며, 특히 인체 및 환경 위해성 평가 시 유전자변형 생물체와 비유전자변형 생물체의 본질적인 유사성을 과학적 데이터로 검토하여, 그 안전성을 평가하는 근거를 제시한다.

나. 주요국의 LMO 위해성 심사제도

의 LMO 위해성심사제도는 카르타헤나 의정서 를 기반으로 하며, 식품 및 사료용 , 환경 방출용, 밀폐 이용으로 구분하여 관리를 수행하고 있다. 가 LMO의 위해성평가를 전담하고, 집행위원회는 위해성 관리 의사결정을 담당한다. 만약 의 심사결정이 회원국의 규제정책과 충돌할 경우, 최종 결정은 회원국의 법 및 제도에 따라 이루어지고, 결과는 집행위원회와 공유된다.

LMO 위해성심사 신청서는 회원국에 제출되며, 평가도 회원국이 수행하는 것이 원칙이다. 회원국은 90일 이내에 평가 자료를 집행위원회에 제출하고, 다른 회원국의 의견을 수렴한다. 의견 차이가 해결되지 않으면 에 추가 평가 요청을 할 수 있다. 의 보고서를 받은 후 3개월 이내에 집행위원회는 승인 여부를 회원국들에게 제시하고, 가중다수결로 승인 여부를 결정한다. 결론이 나지 않으면 항소위원회로 이송되며, 최종 결정은

집행위원회가 내린다. 의 LMO 위해성평가는 LMO 패널과 워킹그룹의 자문을 통해 이루어지며, LMO 패널은 식품 및 사료 안전, 환경 위해성, 분자 생물학 분야의 전문가들로 구성된다.

미국은 19 6년 생명공학 규제를 위한 조정 프레임워크 T 를 통해 새로운 생명공학 제품의 인체 및 환경 위해성을 평가하고 있다. 이 프레임워크는 유전자변형 제품이 기존 제품과 근본적으로 다르지 않다고 판단하여, , , 등 기관들이 기존 규제 프로세스를 동일하게 적용하는 방식으로 운영된다. 주요 목표는 규제 지연 최소화, 혁신 지원, 인체 및 환경 보호와 대중 신뢰 증진이다. 단일 주관기관이 책임을 지며, 복수 기관이 관여할 경우 자료 검토와 조정을 통합한다. 그러나 각 기관의 역할과 책임 구분이 불명확하다는 문제점이 제기되어 2017년에 개선 작업이 이루어졌다. 특히 , , 간의 업무 조정이 완료되어 기관별 권한과 생명공학 제품 영역이 명확히 구분되었다. 결과적으로 LMO에 대한 위해성 평가 기준은 일관되지만, 각 기관의 심사 방식은 다양하며, 협력 체계를 통해 심사의견이 공유된다.

일본은 카르타헤나 의정서의 국내 이행법인 카르타헤나법을 통해 유전자 변형생물체 LMO 를 제1종 사용 환경 방출용 과 제2종 사용 폐쇄계 이용 으로 구분하여 관리한다. 제1종 사용은 환경방출을 목적으로 하며, LMO의 안전성이 확인되어야 주무장관의 승인을 받을 수 있다. 제2종 사용은 환경방출이 아닌 연구개발 및 산업적 이용에 해당하며, 확산 방지 조치를 의무적으로 이행해야 한다. 식품으로 수입될 경우, 후생노동성 M LW 에 신청서를 제출하고 식품안전위원회 의 자문을 받아 위해성 심사가 이루어진다. 사료로 수입될 경우, 농림수산성 M 에서 사료 위원회 등의 전문가 패널을 통해 심사를 진행한다. 일본의 LMO 위해성평가는 식품안전성은 후생노동성, 사료안전성은 농림수산성에서 각각 식품위생법, 사료안전법에 따라 평가한다. 특히 M 는 사료용 LMO의 운송 중 유출 시 생물다양성에 미치는 영향을 평가하기 위해 환경방출용 LMO와 동등한 수준의 안전성 평가 자료를 요구하며, 실제 3단계 포장시험 3- T 을 수행하도록 규정하고 있다. M 와 환경성 MO 의 전문가 패널은 환경 안전성 평가를 6개월간 합동으로 운영하며, 자료 보완이 필요한 경우 심사기간이 중단되는 점은 국내와 유사하다. 일반적으로 식품에 대한 승인을 먼저 받고, 이후 사료와 환경에 대한 승인을 받는 절차를 따른다 표 7 .

표 7. 주요 국가들의 LMO 위해성 심사제도

구분	EU	미국	일본
기본 법적 기반	카르타헤나 의정서(CPB) 기반	생명공학 규제를 위한 조정 프레임워크	카르타헤나법
관리 구분	- 식품 및 사료용(FFP) - 환경방출용 - 밀폐이용	단일 또는 복수 기관(FDA, EPA, APHIS)이 기존 규제 프로세스를 통해 관리	- 제1종 사용(환경 방출용) - 제2종 사용(폐쇄계이용)
주요 기관	- EFSA(위해성 평가 담당) - EU집행위원회(위해성관리 및 최종의사결정)	- FDA(식품, 의약품) - EPA(환경보호) - APHIS(농업)	- 후생노동성(식품 안전성) - 농림수산성(사료안전성) - 환경성(환경위해성)
심사 절차	- 회원국이 신청서 접수 및 초기 평가 수행 - EFSA 추가 평가 요청 가능 - 가중다수결로 승인 여부 결정 - 최종결정은 집행위원회 에서 처리	- 기존 제품과의 차이점을 중심으로 심사 - 기관간 협력을 통해 심사 의견공유	- 환경 방출: 주무장관 승인 필요 - 식품 및 사료: FSC 및 전문가 패널의 심사를 거쳐 승인
특징	- 회원국 간 의견 차이 시 EFSA가 중재 - 최종 승인 결정이 다단계로 이루어짐	- 규제 지연 최소화 및 혁신 지원 - 각 기관간 역할 불명확성 문제로 2017년 개선 작업 수행	- 환경 방출용 LMO는 3단계 포장시험(S3-FT) 요구 - 자료 보완시 심사기간 중단 가능
평가 기준	- FFP: 안전성 평가 - 환경방출: 생태적 위해성	- 인체 및 환경 위해성 - 기존 제품과의 근본적 차이 여부	- 생물다양성에 미치는 영향 - 식품 및 사료 안전성
결정 방식	- 회원국 가중다수결 또는 항소위원회로 이송	- 단일 기관 책임 또는 복수 기관 협력	- 환경, 식품, 사료 승인 절차를 각각 독립적으로 수행

다. 단백질 기반 LMO 환경부 위해성심사 지침서 안 작성

-LMO에 대한 환경위해성 협의심사에서 별표 10-1 위해성평가자료의 모든 범위를 검토할 수 있으나 직접적으로 보완요청할 수 있는 범위는 통합고시 별표10-2의 LMO 협의심사 자료보완범위 기준에 따라 보완요청을 할 수 해당 기준 항목을 대상으로 한다. 이에 따라 생물종 위해성 판단 영역, 도입유전자 위해성 판단 영역, 주변생태계의 위해성 판단로 나뉘 단백질 기반 LMO 환경부 위해성심사 지침서 안 을 작성하였다.

1 생물종 위해성 판단 영역

LMO의 자연생태계 위해성 평가에서 생물종 자체의 위해성을 판단하는 것은, 생물종이 환경과 어떻게 상호작용하고 적응하는지에 대한 과학적 기초를 이해하는 데 중요한 단계이다. 적응은 생물체가 주어진 환경에서 번식 성공률을 높이는 특성으로, 이는 자연선택에 의해 세대 간 축적되며 생태계 내에서 생물 간 경쟁과 생존 우위를 좌우하는 중요한 요소이다. 생물종이 특정 환경에 적응하면서 나타나는 유전적 변화와 적응도는 위해성평가의 중요한 기준이 된다.

LMO는 유전자변형을 통해 자연적 선택을 뛰어넘는 비의도적 특정 압력으로 환경에 영향을 끼칠 수 있다. LMO의 도입유전자가 환경으로 확산되거나 전이될 경우, 특정 생태계 내 유전자 흐름이 변하고, 예상치 못한 생태적 변화를 일으킬 수 있다 (Bennett et al., 2006). 예를 들어, 해충 저항성 유전자가 야생 식물군으로 확산되면, 이는 기존의 생태적 균형을 무너뜨리고 생물다양성에 부정적인 영향을 미칠 수 있다. 최근 연구에서는 생태적 적응도와 유전적 변이가 생물체의 환경 적응과 밀접하게 연결되어 있으며, 이러한 연결 고리를 이해하는 것이 생물다양성과 생태계 안정성을 위한 필수적인 평가 기준이 될 수 있다.

따라서 LMO의 확산 가능성, 근연종으로의 유전자전이 우려, 생존과 번식에 따른 생태적 적응력을 종합적으로 평가해 관리가 어렵거나 환경에 장기적인 위험을 초래할 가능성이 있는 경우 해당 LMO의 위해성이 높다고 판단할 수 있다. 위해성평가 자료에서 생물종의 위해성 판단 영역은 크게 3개 영역으로 구분할 수 있다. 첫 번째는 인류에 의한 이용 내력 평가로, LMO가 기존에 인류가 안전하게 이용해 온 생물과 동일하거나 유사한지를 평가하는 단계이다. 인류가 이미 오랜기간 동안 이용해 온 생물종을 이용한 경우 해당 특성을 고려하여 위해성을 판단할 수 있다. 두 번째는 유해물질 생성 여부이다. LMO가 특정 유해물질을 생성할 가능성을 평가하는 것으로, 유해물질이 자연 환경에 방출되면 생태계에 부정적인 영향을 미칠 수 있기 때문에, 이를 사전에 검토하고 확인하는 것이 필요하다. 세 번째로는 자연생태계 내 확산과 유전자전이 가능성을 판단하는 것이다. LMO가 환경 내에서 자생하거나 원래 목적을 벗어나 확산될 가능성을 평가한다. 확산 가능성이 높을수록 생태계에 미치는 장기적 위해성이 크다고 할 수 있다. 확산과 더불어 LMO가 특정 유전자를 다른 근연종으로 전이할 가능성도 평가한다. 전이가 쉽게 이루어질 경우, 예상하지 못한 생태적 변화와 잠재적 위험이 발생할 수 있다.

① 2. 숙주생물체에 관한 자료

LM 식물의 숙주로서의 자연생태계 위해성을 평가할 때, 우선적으로 국내에 근연종이 존재하는지를 확인하는 것이 필수적이다. 근연종의 존재 여부는 LMO의 유전자가 생태계 내로 확산될 가능성 및 생물 다양성에 미칠 영향을 판단하는 중요한 지표이다. 근연종이 존재하는 경우 LMO의 확산성이 높아질 수 있으며, 이는 자연생태계 위해성 평가에서 주의 깊게 검토해야 할 요소이다. 특히, 이미 알려진 숙주생물체에 대해서는 친숙성과 실질적 동등성을 기준으로 심사할 수 있지만, 새롭게 개발·이용된 숙주생물체와 사용 승인 이력이 적은 숙주생물체는 항목별 제출내용에 대한 철저한 검증을 기준으로 해야 한다. 특히, 나. 자연생태계 또는 해양생태계에 있어서 분포 상황 에서 국내 분포 상황과 차. 국내 생태계 대상 잡초화 가능성을 심도있게 평가해야 한다.

확산성과 생존능을 기준으로 할 때, LMO가 자연생태계에 유출되면 통제가 어려워질 가능성이 존재한다. 특히, 근연종이 풍부하고 활발히 생식하는 환경에서는 유전자전이 위험성이 커지며, LMO의 도입유전자가 근연종의 유전자 풀에 통합될 가능성이 높아진다. 이는 자연생태계에서 존재하지 않았던 유전적 특성이 근연종으로 전달됨으로써 예기치 않은 유전자 오염을 초래하고, 결과적으로 생태계의 유전자 흐름과 중간 균형에 변화를 일으킬 수 있다.

반대로, 근연종이 없거나 드문 경우, LMO의 확산 가능성은 근연종이 다수 존재하는 상황보다 훨씬 낮아진다. 이 경우, LMO 자체만을 통제함으로써 자연생태계로의 유입과 확산을 비교적 용이하게 관리할 수 있다. 다만, 확산성과 생존능이 낮은 LMO라도 근연종이 존재할 경우, 비의도적인 유전자전이를 방지하기 위해 근연종에 대한 추가적인 관리와 통제가 필요할 수 있다.

근연종의 범위는 종-속-과 분류체계 내에서 교잡과 생식이 과학적으로 확인된 종들로 제한되며, 일반적으로 같은 종이거나 동일한 속에 속하는 생물을 근연종으로 간주한다.

② 3. 공여생물체에 관한 자료

공여생물체는 LMO의 위해성평가에서 중요한 요소이다. 이는 공여생물체가 LMO의 유전적 구성에 직접적으로 관여하여, LMO가 환경

내에서 어떻게 상호작용하고 확산될지 예측하는 데 중요한 역할을 하기 때문이다. 먼저, 공여생물체가 독성이나 병원성을 가진 생물체일 경우, 그 특성이 LMO에 포함됨으로써 사람, 동물 또는 식물 및 주변생태계에 예상치 못한 위험을 초래할 수 있다. 예를 들어, 병원성을 가진 공여 생물체에서 유전자를 받은 LMO는 환경 내에서 비의도적인 병원성을 나타낼 가능성에 대해 평가가 필요하다. 질병관리청에서는 병원체 생물 안전정보집에서 생물체 위험군 분류기준을 제시하였다. 공여생물체는 LMO의 위해성 평가에서 중요한 요소로 작용한다. 이는 공여생물체가 LMO의 유전적 구성에 직접적으로 관여하여, LMO가 환경 내에서 어떻게 상호작용하고 확산될지를 예측하는 데 중요한 역할을 하기 때문이다.

먼저, 공여생물체가 독성이나 병원성을 가질 경우, 그 특성이 LMO에 포함됨으로써 사람, 동물 또는 식물에 예상치 못한 위해를 초래할 수 있다. 예를 들어, 병원성을 가진 공여생물체에서 유전자를 받은 LMO는 환경 내에서 비의도적인 병원성을 나타낼 가능성이 있어 사전 평가가 필요하다.

또한, 공여생물체가 생태계에서 수행하는 역할과 환경 내 확산력은 LMO의 환경 내 생존과 확산에 영향을 미칠 수 있다. 공여생물체가 기존 생태계에서 높은 확산성과 생존 능력을 가진 경우, 유사한 생존 및 확산 특성이 LMO에서도 나타날 수 있다. 이로 인해 LMO가 환경 내에서 자생하거나 근연종에 유전자가 전이될 가능성이 증가하여 생태계 균형에 영향을 줄 수 있다. 따라서 공여생물체의 특성은 LMO가 환경과 어떻게 상호작용할지를 예측하는 데 필수적인 자료를 제공하며, LMO의 잠재적 위해성을 종합적으로 판단하기 위해 공여생물체에 대한 평가가 필수적이다.

2 도입유전자 위해성 판단 영역

도입유전자의 위해성 판단은 LMO의 자연생태계에 미치는 잠재적 위해성을 평가하는 핵심 과정으로, 도입된 유전자가 환경적 안정성과 생태계 균형에 미칠 위험을 사전에 분석하는 중요한 기준이 된다. 도입된 유전자가 생산하는 단백질이 독성을 가지는 경우, 혹은 그 유전자가 기존 숙주 생물체에 비해 생존력이나 확산성을 증가시키는 경우, 이러한 특성은 LMO의 주변생태계으로 확산과 유전자전이를 초래하여 자연생태계에 미치는 위해성을 높이는 요인이 된다. 이러한 위해성평가에는 도입유전자로 인한 단백질의 생물학적 독성 여부, 주변생태계 확산 가능성과 위해영향에 대한 정밀한 분석이 포함된다. 특히, 도입유전자가 기존 생태계의 고유 유전자

풀과 상호작용하면서 발생할 수 있는 유전자전이와 같은 잠재적 위험을 예방하기 위해, 단백질의 생리적 안정성 및 독성 여부를 개별적으로 검토하고, 해당 유전자가 비표적 생물체에 미칠 장기적 위해영향을 분석하는 것이 필수적이다.

① . 유전자변형생물체와 비변형생물체의 비교자료

LMO의 개선된 특성과 성질은 위해성심사에서 중점적으로 다루는 부분으로, 대부분의 항목에서 개발된 LMO를 대상으로 생존력, 번식력 등이 환경 내 확산성과 주변생태계 영향에 미칠 가능성을 평가한다. 숙주생물체와 LMO의 생존 및 증식 방법 차이는 자연생태계 내에서 LMO가 의도치 않은 방식으로 자생하거나 확산될 가능성을 평가하는 데 중요한 자료이며, 특히 LMO의 자연생태계 내 생존성과 지속성을 중점적으로 평가하여 위해성정도를 분석하여야 한다.

또한 자연생태계에서의 자생 및 생식 능력과 교잡성은 비변형생물체와 비교해 LMO의 도입유전자가 자연생태계 내에서 전이될 가능성을 평가하는 데 필수적이다. LMO와 근연종 간의 교잡 가능성을 평가하여 유전자전이의 영향이 생태계에 미칠 장기적 위해성을 분석하며, 이는 생물다양성에 영향을 줄 가능성이 있다. 유해물질 생성 및 생태계 잔류와 관련하여 유해물질이 비표적 생물에 미치는 영향을 중점 평가하며, 이러한 물질이 생태계에 부정적 영향을 미칠 수 있는지 판단해야 한다. 이와 같은 항목별 비교자료는 LMO의 잠재적 위험을 사전에 예측하고, 생태계의 안전성을 유지하기 위한 관리 방안을 마련하는 중요한 기초 자료로 활용될 수 있다.

3 주변생태계의 위해성 판단

주변생태계 위해성 판단의 필요성은 LMO가 환경 내에서 생물적 및 비생물적 요소와 상호작용하면서 자연생태계에 미칠 영향을 평가하기 위한 필수적인 과정이다. 생물체는 주변 환경과 다양한 방식으로 교류하며, 이러한 교류는 생태적 요인과 군집의 변화를 유발할 수 있다. 따라서 LMO에 의한 생태적 위해성을 과학적으로 검증하여 평가하는 것이 중요하다.

LMO가 환경에 미칠 잠재적 영향이 미리 파악되지 않거나 예상치 못한 방식으로 나타날 수 있으므로, 지속적인 모니터링을 통해 LMO의 주변 생태계에 미치는 영향을 주기적으로 확인하는 것이 필요하다. 이러한

모니터링은 생태계 내에서의 장기적 변화나 위해 요인을 조기에 발견하여, 필요 시 신속히 통제 조치 등 사후관리를 실행할 수 있게 한다.

또한, 사전 평가에 기반한 영향 예측 외에도, 지속적인 모니터링을 통해 수집된 데이터는 위해성 평가 기준에 활용될 수 있다. 이를 통해 LMO의 자연생태계생태계 위해성이 예상보다 낮거나 높은 경우에 따라 평가 수준을 유연하게 조정하고, 필요한 경우 보다 강화된 관리와 규제를 시행하여 생태계 안전성을 유지할 수 있다.

① 9. 세부 위해 영향 자료

세부 위해 영향 자료는 LMO가 환경과 상호작용할 때 발생할 수 있는 다양한 위험 요소를 종합적으로 평가하는 데 있어 자연생태계 위해성 협의심사의 핵심 자료로 사용된다. LMO가 생태계 내에서 주변 생물 및 생태계에 미치는 영향을 사전에 파악하는 것은 잠재적 위험을 조기에 인식하고 관리 조치를 강화할 수 있는 기초 자료로 작용한다. 먼저, 주변 생물 및 생태계에 미칠 수 있는 영향을 확인하는 과정에서는 LMO가 비표적 생물과의 상호작용을 통해 비표적 생물뿐만 아니라 군집변화 등 생태계 균형에 영향을 미칠 수 있는 가능성을 평가한다. 또한, LMO의 잡초화 및 토착화 가능성은 기존 생태계 내에서 자생하거나 예기치 않은 적응으로 생태적 균형에 영향을 줄 수 있는 요소로, 이를 평가하는 것이 중요하다. 특히, LMO의 예상치 못한 잡초화나 토착화로 인해 주변 식물과 우위 경쟁할 가능성을 평가해야 한다. 마지막으로, LMO가 도입될 환경에 대한 지리적, 기후적 정보는 해당 LMO의 특성이 도입될 환경에 미칠 수 있는 가능성을 사전에 파악하고 평가하는 중요한 자료이다.

② 10. 유전자변형생물체의 환경 방출·모니터링·폐기에 관한 자료

LMO의 환경 방출·모니터링·폐기에 관한 자료 항목은 -LMO의 자연생태계 위해성평가에서 환경에 미치는 영향을 예측하고 사후관리를 설계하는데 중요한 역할을 하지만, 해당 자료가 LMO 생산국에서 수집된 정보에 기반하기에 국내 환경에 그대로 적용하기에는 일정한 한계가 존재한다. 국내 자연생태계와의 차이를 고려해 평가를 보완하는 접근이 필요하다.

이러한 환경 방출 격리포장실험 자료를 통해 LMO의 자생 능력, 이동 경로, 확산 가능성 등을 사전에 파악하여 모니터링 설계 및 폐기 방안을

마련할 수 있다. 모니터링 계획은 환경 중 LMO의 확산과 생태계 영향성을 지속적으로 관찰하여 예기치 않은 위해성을 발견하고, 통제·폐기 같은 사후관리 조치를 취할 수 있도록 해야 한다. 이러한 모니터링 과정에서는 다양한 요인을 반영하여 예측해야 하며, 기본 정보를 포함한 포괄적 검토가 요구된다.

이와 함께 LMO와 환경 방출 장소에 대한 정보는 LMO가 수입될 국내 환경의 특성 및 자연생태계와의 관계를 분석하는 기초 자료가 되며, 모니터링 과정에서는 주기적인 데이터 수집과 분석을 통해 환경 내 위해성을 지속적으로 평가하여야 한다. -LMO의 모니터링 계획에서 수입·유통의 주체는 수입자로서 개발사와 다르므로 법적 책임 부과가 어려운 상황이다. 이에 따라 원론적 수준의 모니터링 계획으로 심사를 대신할 수 있으며, 향후 책임과 복구와 관련한 국제적 합의가 이루어지면 국내법 개정을 통해 해당 사항에 대한 보완이 가능할 것으로 보인다. 불활성화 방법, 긴급 상황 대응 계획, 폐기물 처리 방안은 LMO의 환경 유출, 확산, 유전자 전이 등의 긴급 상황 발생 시 생물적, 물리적, 화학적 대응을 통해 조기에 차단하고 잠재적 위험을 줄이는 데 중요한 역할을 할 것이다.

라. 환경 마이크로바이옴의 중요성과 LMO 환경위해성평가 시사점

최근 가 발표한 환경 마이크로바이옴을 위해성평가에 통합하기 위한 로드맵은 생태계와 인간 활동의 상호작용을 이해하는 데 있어 환경 마이크로바이옴의 중요성을 강조하고 있다. 환경 마이크로바이옴은 생태계 내에서 유기물 분해, 질소 고정, 영양 순환과 같은 주요 생태계 기능을 수행하며, 그 변화는 생태계의 안정성과 생물다양성에 직결된다. 이러한 마이크로바이옴을 활용하여 LMO의 도입이 생태계에 미치는 잠재적 영향을 분석하고, 이를 위해 표준화된 옴믹스 기술 및 데이터베이스 구축, 핵심 미생물군 정의 등 다각적인 접근 방식을 제안하였다.

LMO의 비의도적 유출과 환경 방출은 생태계 마이크로바이옴에 교란을 일으킬 가능성이 있다. 예를 들어, 중국과 미국에서 수행된 연구들은 LM 작물과 중금속 내성 미생물이 토양 마이크로바이옴의 구조와 기능에 영향을 미치고, 생태계 내 특정 유전자 확산을 촉진할 수 있음을 보여주었다. 이러한 연구들은 LMO가 환경 내 미생물 군집과 상호작용하여 토양 탄소-

질소 순환과 같은 생태계 기능에 영향을 줄 수 있음을 시사한다.

우리나라에서도 LMO 환경위해성평가에 환경 마이크로바이옴을 통합할 수 있는 방안을 마련하고 이를 위한 기초 연구가 필요하다. 특히, LMO 방출 이후의 생태계 변화를 추적하기 위해 정기적인 자연생태계 마이크로바이옴 모니터링 체계를 구축하고, 이를 활용한 기초 자료 확보가 중요하다.

의 로드맵은 이러한 방향성을 제공하며, 국내 정책과 연구 기반을 강화하여 글로벌 환경 변화에 선제적으로 대응할 수 있는 역량을 확보할 필요가 있다. 본 과제에서는 아래와 같이 브리핑을 통해 환경 마이크로바이옴을 위해성평가에 통합하기 위한 주요 내용 검토 및 시사점을 제시하였다 그림 26 .

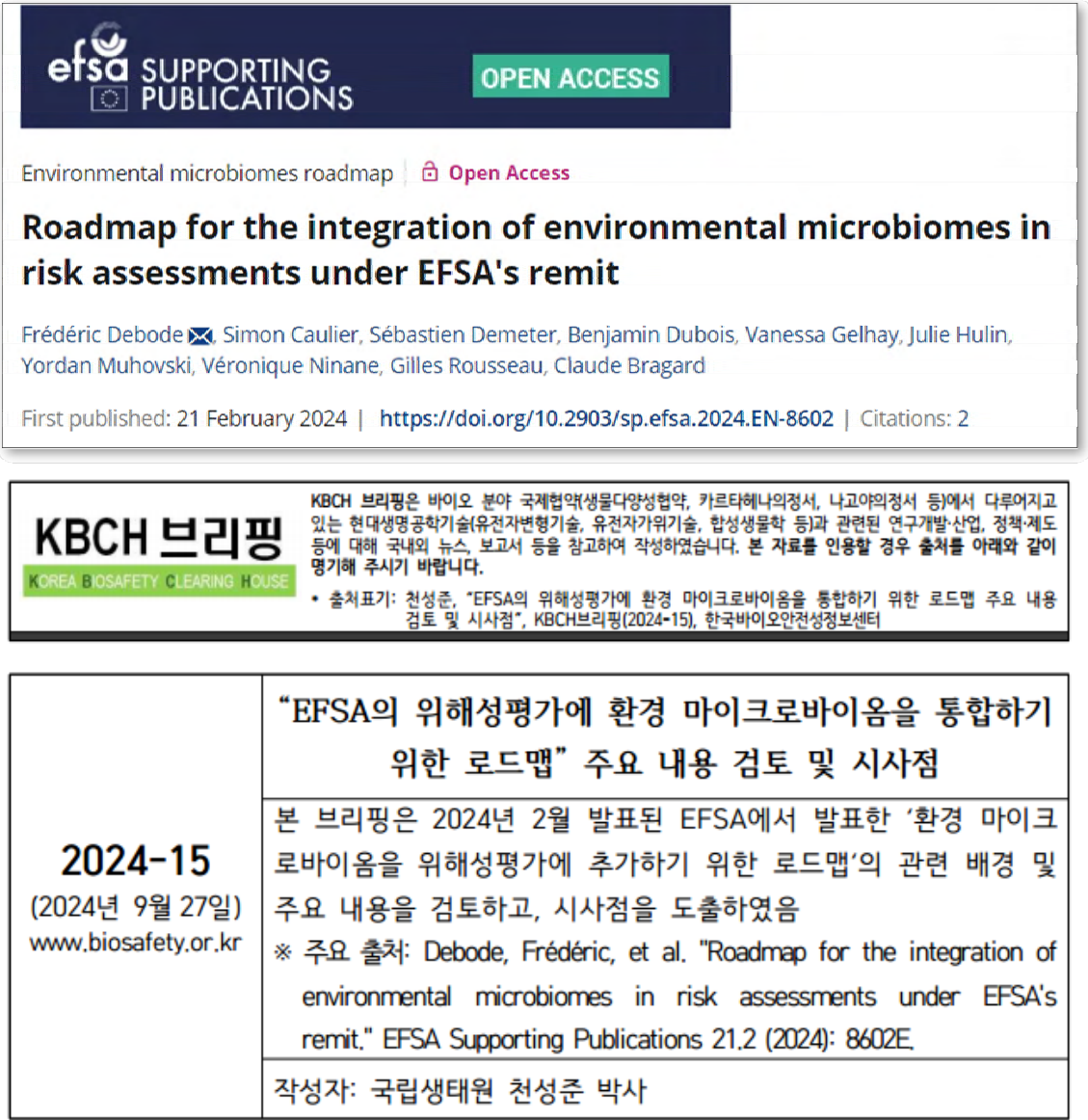


그림 26. EFSA의 환경 마이크로바이옴 로드맵 및 KBCH 브리핑

2. 단백질 기반 LM 식물 자연생태계 유출지 모의환경 위해성평가

가. LMO 유출지 유전자오염 모니터링 및 조사 정점 확인

군산시 내초동 유전자 오염지에서 현장 검출 결과, 양성 개체가 확인된 정점을 중심으로 하여 주변 지역을 대상으로 추가적인 샘플링과 4-간이면역검사를 진행하였으며, 그 결과 그림 25와 같이 1번 정점에서 전체 21개 개체 중 17개가 양성으로 나타나 약 1%로 가장 높은 밀도를 보여 중점 연구 지역으로 설정하였다 그림 27. 이는 해당 지역에서 제초제 저항성 유전자를 보유한 개체의 확산이 활발하게 이루어졌을 가능성을 시사한다. 이후 1번 정점을 중심으로 추가적인 샘플링 결과 그림 2, 3번 정점에서는 전체 11개 개체 중 양성 개체가 전혀 발견되지 않아, 이 지역은 유전자 변형 개체의 영향을 상대적으로 적게 받았거나 유전자가 확산되지 않은 지역임을 나타냈다.

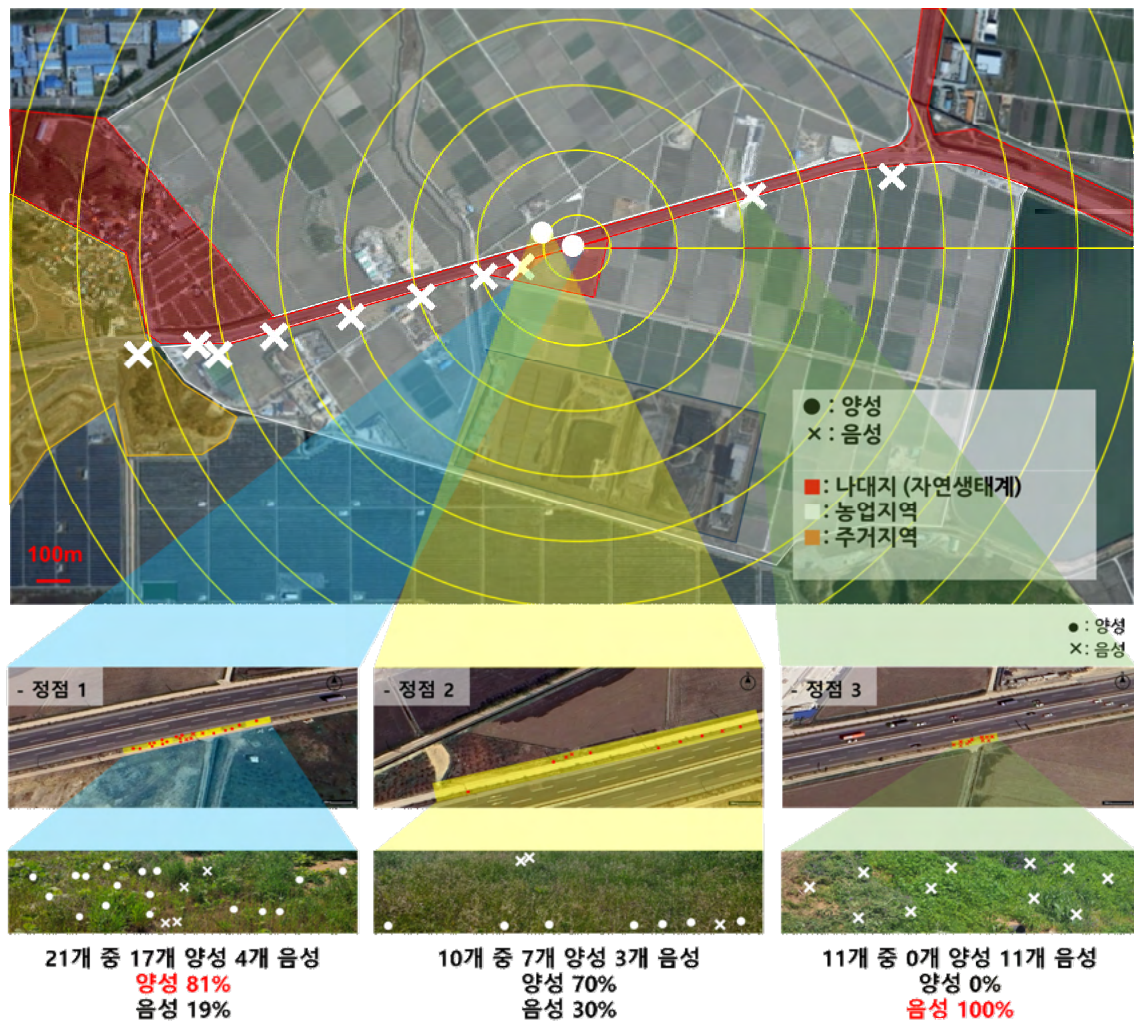


그림 27. 유전자 오염지 위해성평가 수행지.

strip kit 종류	strip kit 분석지	분석 결과	strip kit 종류	strip kit 분석지	분석 결과
CP4EPSPS		5-1	CP4EPSPS		5-5-1
PAT/pat		5-1	PAT/pat		5-5-1
PAT/bar		5-1	PAT/bar		5-5-1
CP4EPSPS		5-2-1	CP4EPSPS		5-5-5
PAT/pat		5-2-1	PAT/pat		5-5-2
PAT/bar		5-2-1	PAT/bar		5-5-2
CP4EPSPS		5-2-2	CP4EPSPS		5-6-1
PAT/pat		5-2-2	PAT/pat		5-6-1
PAT/bar		5-2-2	PAT/bar		5-6-1
CP4EPSPS		5-3	CP4EPSPS		5-6-2
PAT/pat		5-3	PAT/pat		5-6-2
PAT/bar		5-3	PAT/bar		5-6-2
CP4EPSPS		5-4-1	CP4EPSPS		5-7-1
PAT/pat		5-4-1	PAT/pat		5-7-1
PAT/bar		5-4-1	PAT/bar		5-7-1
CP4EPSPS		5-4-2	CP4EPSPS		5-7-2
PAT/pat		5-4-2	PAT/pat		5-7-2
PAT/bar		5-4-2	PAT/bar		5-7-2

strip kit 종류	strip kit 분석지	분석 결과
CP4EPSPS		5-5
PAT/pat		5-6
PAT/bar		5-6
CP4EPSPS		5-9-1
PAT/pat		5-9-1
PAT/bar		5-9-1
CP4EPSPS		5-9-2
PAT/pat		5-9-2
PAT/bar		5-9-2
CP4EPSPS		5-10
PAT/pat		5-10
PAT/bar		5-10
CP4EPSPS		5-11
PAT/pat		5-11
PAT/bar		5-11

그림 28. 유전자 오염지 LMO 간이 면역 검사 결과 일부.

그림 27에서 확인되듯, LM 갯의 비중이 가장 높게 나타난 1번 중점 연구 지역에서 3 폭의 도로를 넘어 15, 0² 면적의 관리되지 않은 자연생태계 버려진 밭으로 추정 의 존재를 확인하고 이에 대한 모니터링을 수행하였다. 해당 지역은 다양한 야생 식물들이 서식하는 환경으로, 십자화과 식물의 존재 가능성이 높은 조건이었다. 그러나 정밀 조사 결과, 해당 자연생태계 내에서 야생 십자화과 식물 갯 과 LM 갯의 서식이 전혀 확인되지 않았다 그림 29 .



그림 29. 조사구 인근 자연생태계.

이 결과는 LM 갯이 현재로서는 운송로와 같은 제한된 환경에서 주로 확산되고 있으며, 자연생태계로의 전파가 아직은 미미한 수준임을 시사한다. 운송로와 같은 인공적 환경은 LMO가 외부 환경으로 유출될 때 초기적으로 영향을 미치는 주요 경로로 작용하지만, 관리되지 않은 자연생태계에서는 확산이 제한적일 수 있음을 보여준다. 이는 야생 십자화과 식물의 분포가

특정 환경 요인 예 토양의 성분, 습도, 경쟁 식물 등 에 크게 영향을 받기 때문일 가능성이 있다. 자연생태계에 퍼져있는 갯의 경우 일반적으로 강둑, 도로변과 같은 제한된 조건에서 우점하는 식물이다. 이는 일반적인 자연 생태계에서는 다른 식물과 경쟁 우위를 점하지 못하는 점을 시사하며 홍수, 제초 작업과 같은 자연적인 혹은 인위적인 요소가 존재하는 조건에서 서식할 수 있음을 나타낸다.

또한, 자연생태계 내에서 LMO와 유전자 교잡이 가능한 근연종이 부재할 경우, 유전자의 확산이 제한될 수 있음을 알 수 있다. 이는 자연생태계의 특정 환경적 조건이 LMO 확산을 억제하는 요소로 작용할 수 있음을 시사하며, LMO의 확산 경로가 주로 인간 활동 운송, 가공 등 과 밀접히 연결되어 있음을 확인할 수 있다. 다만, 이러한 결과는 현재 조사된 특정 지역의 조건에 따라 다를 수 있으며, 다른 자연생태계에서의 모니터링과 비교하여 보다 일반화된 결론을 도출할 필요가 있다. 이를 위해 지속적인 샘플링과 모니터링을 통해 다양한 환경 조건에서 LMO의 확산 경로와 제한 요인을 종합적으로 평가해야 할 것이다.

나. LM 식물 및 야생형 식물의 형태학적 비교

본 연구에서는 유전자 변형 갯 LMO 과 야생형 갯 WT 간의 형태학적 특성을 비교 분석하였다 그림 29 . 분석 항목은 토양 상부 길이, 줄기 폭, 하엽 길이와 폭, 상엽 길이와 폭, 뿌리 건중량으로 구성되었으며, 각 그룹에서 12개체씩 샘플링하여 각각의 항목을 측정하였다. 측정값을 바탕으로 O 검정을 실시한 결과, 모든 항목에서 통계적으로 유의한 차이는 확인되지 않았다 그림 31 .

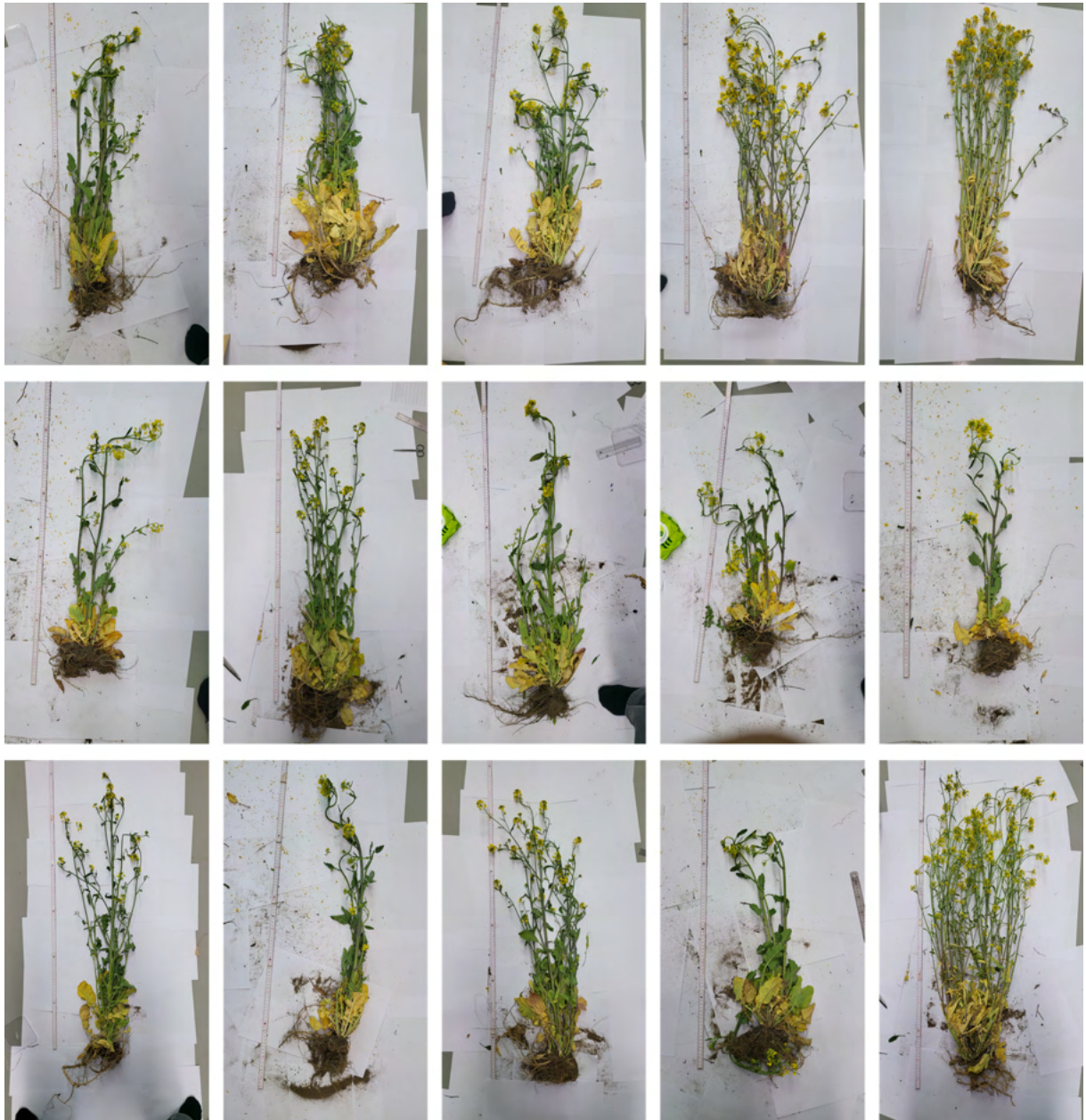


그림 30. LM 식물 및 야생형 식물의 형태학적 비교 사진.

토양 상부 길이 측정 결과, LMO와 WT 간의 평균 길이는 유사하게 나타났으며, LMO가 약간 더 긴 경향을 보였으나 변동성 역시 커서 통계적 유의성은 없었다. 줄기 폭의 경우에도 LMO와 WT 간의 차이는 유의하지 않았다. 줄기 폭은 식물체의 강도와 생리적 안정성을 나타내는 중요한 지표이지만, 두 그룹 간 유의미한 차이가 없다는 결과는 유전자 변형이 줄기 두께에 미치는 영향이 제한적임을 보여준다. 하엽 길이와 폭에서는 LMO와 WT 간에 일부 차이가 관찰되었으나, 이러한 차이는 변동성 내에서 발생한 것으로 통계적 유의성을 나타내지 않았다. 하엽의 크기는 영양분

흡수와 관련된 잎의 역할에 영향을 미칠 수 있으나, 본 연구에서는 유전자 변형이 이러한 측면에서 큰 차이를 만들지 않았음을 알 수 있다. 상업 길이와 폭에서도 LMO와 WT 간의 평균값은 유사하게 나타났으며, 통계적으로 유의한 차이가 없었다. 상업은 광합성과 관련된 역할을 수행하기 때문에, LMO가 야생형 것과 유사한 상업 특성을 보인다는 결과는 유전자 변형이 광합성 효율에 미치는 영향이 크지 않음을 나타낸다. 뿌리 건중량 역시 LMO와 WT 간의 유의한 차이는 발견되지 않았다. 뿌리는 토양 내 수분과 영양분 흡수에 중요한 역할을 하므로, 두 그룹 간 뿌리의 건중량이 유사하다는 결과는 유전자 변형이 뿌리 성장에 미치는 영향이 크지 않음을 시사한다.

본 연구의 결과는 LMO가 야생형 것과 비교했을 때 형태학적 특성에서 유의미한 차이를 보이지 않음을 확인시켜 준다. 이는 유전자 변형이 갖의 외형적 구조나 생리적 특성에 제한적인 영향을 미쳤음을 의미하며, LMO가 야생 생태계에서 WT와 유사한 성장과 생리적 기능을 유지할 가능성을 시사한다. 또한, LMO와 WT가 유사한 생리적 특성을 보이는 것은 유전자 변형이 환경에 미치는 영향이 크지 않을 수 있음을 암시한다.

하지만, 이러한 결과는 단기적인 비교에서 나타난 것이므로, 장기적인 생태적 영향 평가에서는 추가적인 관찰과 연구가 필요하다. 예를 들어, 제초제 저항성 유전자 도입이 식물 성장 초기 단계에서는 유의미한 변화를 일으키지 않더라도, 환경 스트레스에 장기적으로 노출될 경우 다른 특성 변화를 나타낼 가능성도 있다. 또한, 유전자 변형이 식물체의 형태학적 특성에는 큰 영향을 주지 않더라도, 미생물 군집이나 곤충과의 상호작용과 같은 생태적 관계에서 미묘한 영향을 미칠 가능성도 존재한다.

따라서 본 연구의 결과는 LMO의 형태학적 특성이 야생형 것과 유사하다는 것을 보여주지만, LMO의 생태적 안전성을 종합적으로 판단하기 위해서는 다양한 환경적 요소와의 상호작용을 고려한 추가적인 장기 연구가 필요하다.

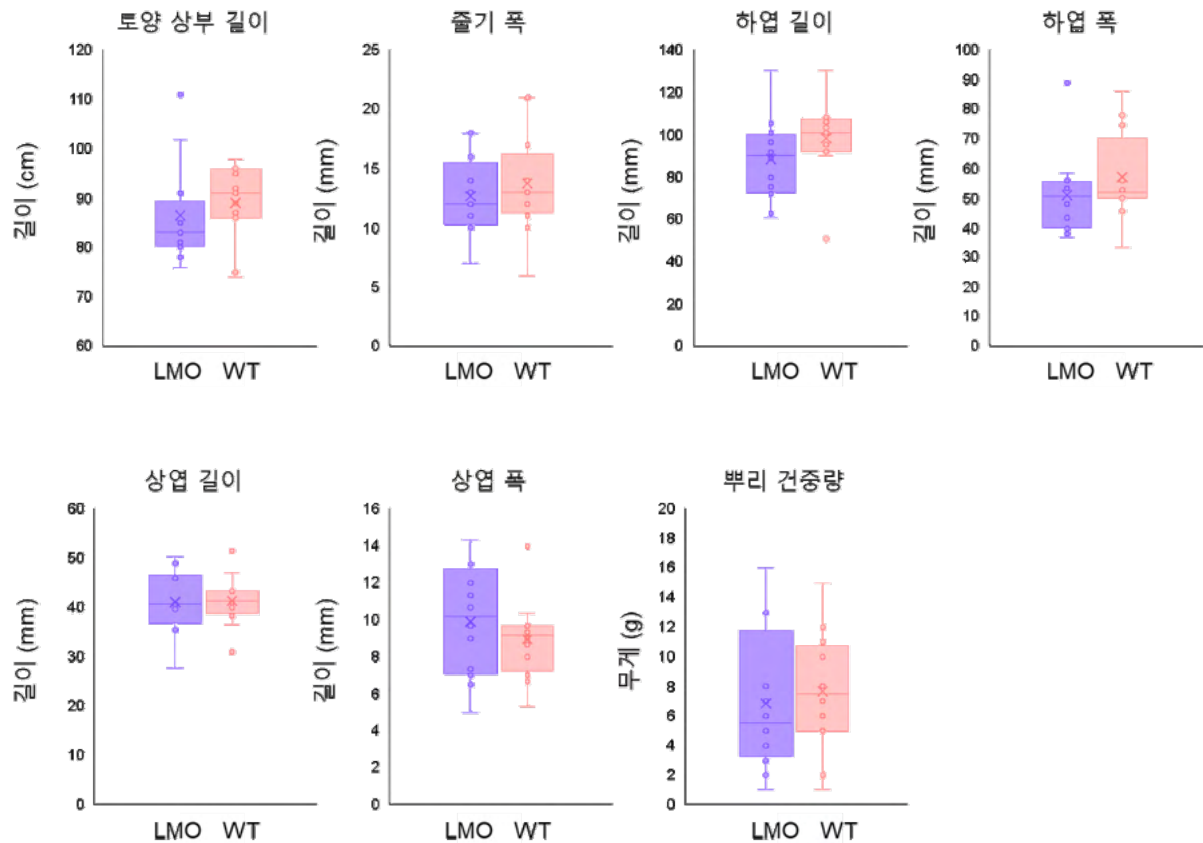


그림 31. LM 식물 및 야생형 식물의 형태학적 비교 결과.

다. 식물 전생물체 및 토양 박테리아 군집 분포

LMO와 WT 간의 미생물 군집 차이를 평가하기 위해, 두 샘플이 동일한 종에 속하는지를 확인하기 위해 미토콘드리아 서열 분석을 수행하였다. 그림 31에서 나타난 바와 같이, 검은색 막대는 갯 관련 미토콘드리아 서열을 나타내며, 이를 통해 LMO와 WT가 동일한 종의 꽃임을 확인할 수 있었다. 그림 32. 반면 토끼풀, 개망초, 그리고 민들레와 같은 다양한 대조군은 갯과는 뚜렷하게 구분되는 미토콘드리아 분포를 보여주었다. 이와 같은 결과는 갯의 미생물 군집 분석 시 야생화 샘플과의 교차 오염을 최소화 하였음을 의미한다.

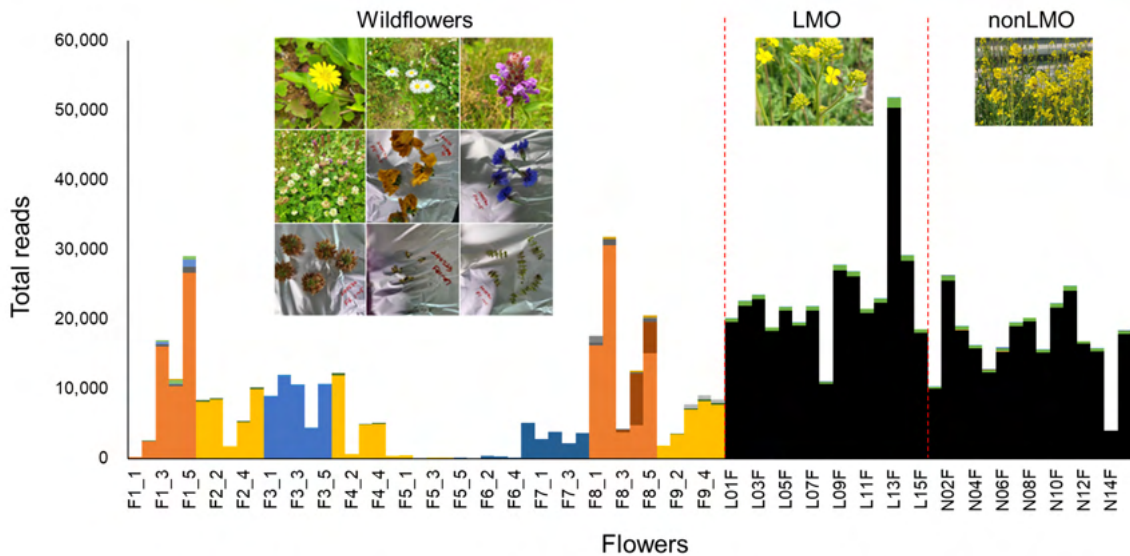


그림 32. 유전자 오염지 LMO, 근연종 및 주변 꽃 미토콘드리아 시퀀스 다양성.

꽃 부위에서 LMO와 WT 간의 미생물 군집 분석 결과, 주요 속들의 평균 상대적 풍부도와 표준편차에서 뚜렷한 차이가 관찰되었다 그림 33. *Pseudomonas* 속은 WT 샘플에서 평균 62.27%로 나타났으며, LMO 샘플에서는 24.94%로 유의미하게 낮았다. 한편, *hodococcus* 속은 LMO에서 평균 29.13%, WT에서 29.57%로 나타나 두 그룹 간 평균 차이는 크지 않았다.

LMO와 WT 간의 잎 부위 미생물 군집 분석 결과, *assilia* 속과 *Bur holderia Caballeronia Parabur holderia* 속에서 두 그룹 간 차이가 두드러졌다. *assilia* 속은 LMO에서 평균 5.02%, 표준편차 5.34%를 나타냈으며, WT에서 평균 7.39%, 표준편차 4.6 %로, 평균값은 WT가 LMO보다 높았지만 표준편차는 LMO에서 더 크게 나타났다. 이는 WT 잎에서 M 속의 풍부도가 더 일정하게 분포하는 반면, LMO에서는 군집의 불균일성이 증가했음을 시사한다. *Bur holderia Caballeronia Parabur holderia*는 WT에서 평균 .99%로 LMO 4.16% 보다 약 두 배 이상 높게 나타났다. 이는 WT 잎에서 해당 미생물이 더 우점적으로 나타날 가능성을 보여준다. 한편, *phingomonas* 속은 LMO에서 평균 2.56%, 표준편차 2.21%로, WT의 평균 2.9%, 표준편차 2.91%와 유사한 분포를 보였다. *Pseudomonas* 속은 LMO에서 평균 0.77%로 매우 낮게 나타난 반면, WT에서 2.26%로 다소 높은 값을 보였으나, 표준편차가 각각 0.70%와 5.23%로 WT에서 더 크게 나타났다. 이는 WT의 *Pseudomonas*속 군집 구조가 더 불안정하게 유지됨을 시사한다.

사엽 부위에서의 미생물 군집 분석 결과, *phingomonas* 속과 *Pseudomonas* 속이 두 그룹 간의 주요 차이를 나타냈다. *phingomonas* 속은 LMO에서 평균 10.1%, WT에서 14.1%로 WT에서 더 높은 분포를 보였으며, 두 그룹 모두 표준편차가 높아 7.3 %와 11.5% , 군집 구조의 불균일성이 존재했다. *Pseudomonas* 속은 LMO에서 평균 15.94%, 표준편차 11.3%로 WT의 평균 17.93%, 표준편차 20.56%와 유사한 수준을 나타냈다. 그러나 WT에서의 높은 표준편차는 군집의 분포가 보다 다양하게 나타남을 의미한다.

LMO와 WT 뿌리 및 주변 흙에서의 박테리아 군집을 분석한 결과, 대부분의 미생물 속에서 두 그룹 간 큰 차이가 나타나지 않았다. 뿌리에서는 미분류된 미생물 가 LMO에서 평균 20.30%, WT에서 17.46%로 나타나 약간 높은 값을 보였다, *la obacterium*과 *assilia*는 WT에서 각각 9.51%와 5.93%로 LMO의 6.91%와 4.27%보다 소폭 높은 경향을 보였다.

*cobacterium*은 LMO 뿌리에서 평균 4.39%로 WT 1.97% 보다 높은 분포를 나타냈지만, 전체 군집의 구조에서 지배적인 차이는 아니었다.

흙에서는 가 WT에서 평균 41.19%, LMO에서 37.54%로 다소 높게 나타났으나, 다른 주요 미생물 속에서는 차이가 더 미미했다. 예를 들어, *la obacterium*과 *assilia*는 WT에서 각각 평균 1.15%와 0.70%로, LMO의 2.46%와 0.91%와 유사한 분포를 보였다. *treptom ces*의 경우 WT 흙에서 평균 1.37%, LMO에서 0.97%로 비교적 작은 차이를 보였다.

해당 연구 결과는 LMO가 식물의 부위별에 따라 미생물 군집 구조와 균일성에 영향을 미칠 수 있음을 보여준다. LMO는 특정 부위에서 특정 속 *Pseudomonas* *assilia* *Bur holderia* *Caballeronia* *Parabur holderia* 등의 풍부도를 감소시키거나 군집 구조의 불균일성을 증가시킬 수 있으며, 이러한 변화는 식물-미생물 간 상호작용 및 생태계 기능에 영향을 미칠 가능성이 있다.

특히, LMO는 꽃 부위에서 *Pseudomonas* 속의 풍부도와 안정성을 감소시켜 미생물 군집 구조에 중요한 생태적 영향을 미쳤을 가능성이 높다. 반면, WT는 특정 속에서 더 높은 풍부도와 안정성을 보이며, 생태계 내에서 보다 안정적인 군집 구조를 유지할 수 있다. 위와 같은 차이는 식물의 상부에서 더 특징적으로 나타나며, 뿌리나 토양과 같은 식물 하부에서는 상대적으로 차이가 적었다.

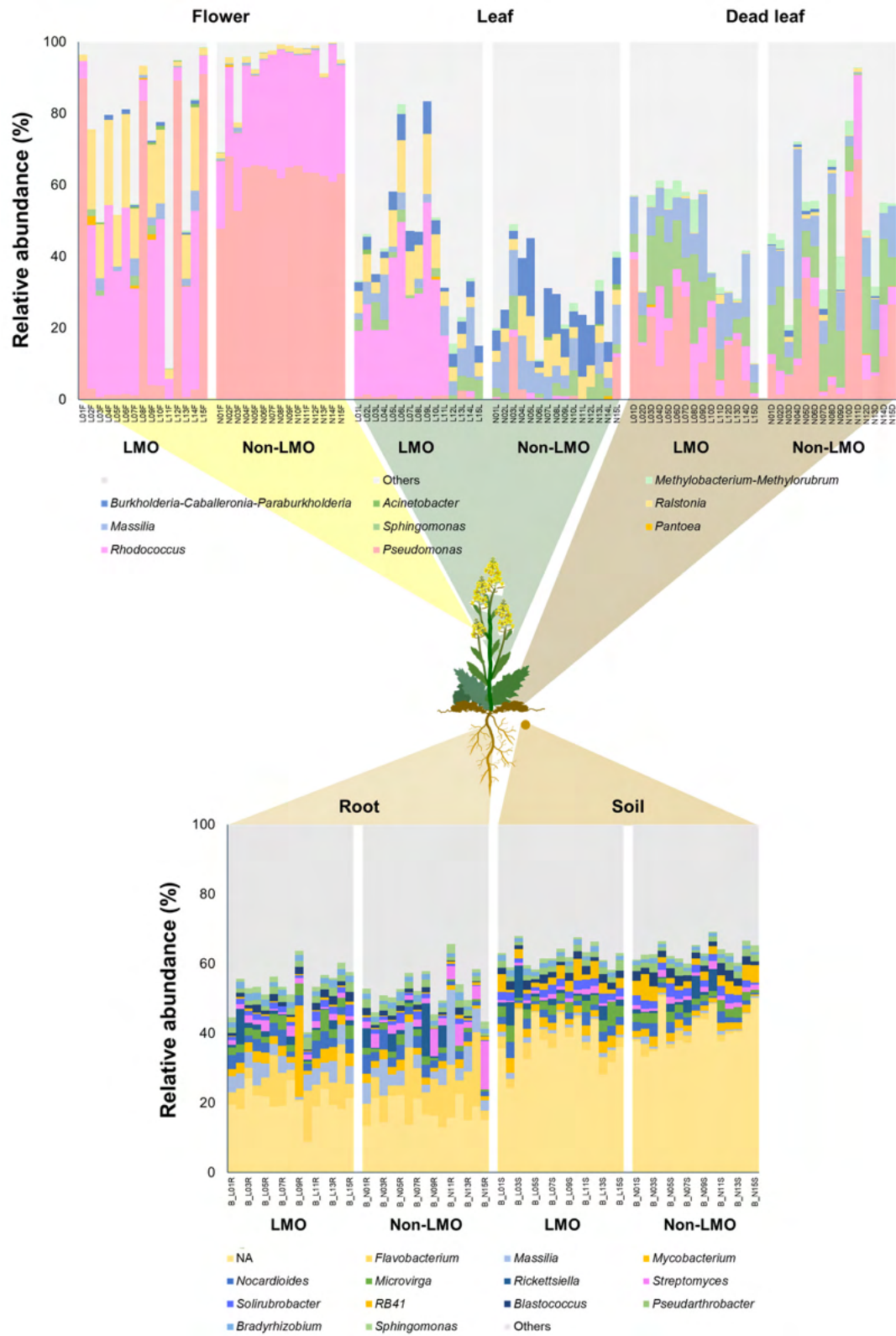


그림 33. 유전자 오염지 현장 LMO 및 WT 전생물체 분석결과(박테리아).

박테리아에 이어 곰팡이의 군집 분포를 확인하고, 박테리아의 군집 분포 결과와 비교하였다 그림 34 . LMO와 WT의 꽃, 잎, 그리고 사엽 부위에서 곰팡이 군집 분석에서는 *Alternaria*와 *Cladosporium*이 꽃, 잎, 사엽 부위 모두에서 주요 우점 균주로 나타났다. *Alternaria*는 LMO와 WT 꽃에서 각각 평균 24.95%와 25.97%의 비슷한 분포를 보였으며, 표준편차는 LMO에서 약간 더 높았다 LMO 5.6%, WT 4.19% . *Cladosporium* 역시 꽃 부위에서 LMO와 WT 간 평균값의 차이가 크지 않았으나 LMO 24.76%, WT 21.51% , 표준편차는 유사하게 낮았다. 그러나 잎과 사엽으로 갈수록 두 그룹 간의 차이가 확대되었다. 예를 들어, 잎 부위에서 *Alternaria*의 분포는 LMO에서 평균 20.57%, WT에서 21.02%로 유사했지만, 표준편차는 각각 11.1 %와 10.50%로 LMO에서 다소 높은 불균일성을 보였다. 사엽 부위에서는 LMO와 WT 모두에서 *Alternaria*의 평균 분포가 상대적으로 높았으나 LMO 23.62%, WT 17.36% , 표준편차는 WT에서 낮아 군집 구조가 더 안정적임을 시사하였다.

식물 뿌리 및 주변 흙에서의 곰팡이 군집 분포를 분석한 결과, 주요 곰팡이 속 대부분에서 두 그룹 간 상대적 풍부도가 유사한 경향을 보였다. 주로 십자화과의 병원성 곰팡이인 *O* 는 뿌리에서 LMO에서 평균 77.1%, WT에서 79.99%로 나타나 두 그룹 간 큰 차이가 없었다. 주변 흙에서도 WT에서 평균 30.3%, LMO에서 25.0%로 유사한 수준을 보였다. 이는 해당 곰팡이가 LMO와 WT 환경 모두에서 안정적으로 분포하고 있음을 시사한다.

곰팡이와 박테리아 군집 간의 비교에서 곰팡이 군집은 상대적으로 LMO와 WT 간 차이가 작고, 특정 균주의 우점도가 더 균일하게 분포하는 경향을 보였다. 박테리아 군집에서는 특정 속에서 LMO와 WT 간의 차이가 뚜렷하게 나타났으며, 특히 *Pseudomonas*와 같은 속에서 이러한 차이가 두드러졌다. 이러한 결과는 LMO에 의해 곰팡이보다 박테리아 군집의 구조와 다양성에 더 큰 영향을 미칠 가능성이 있다.

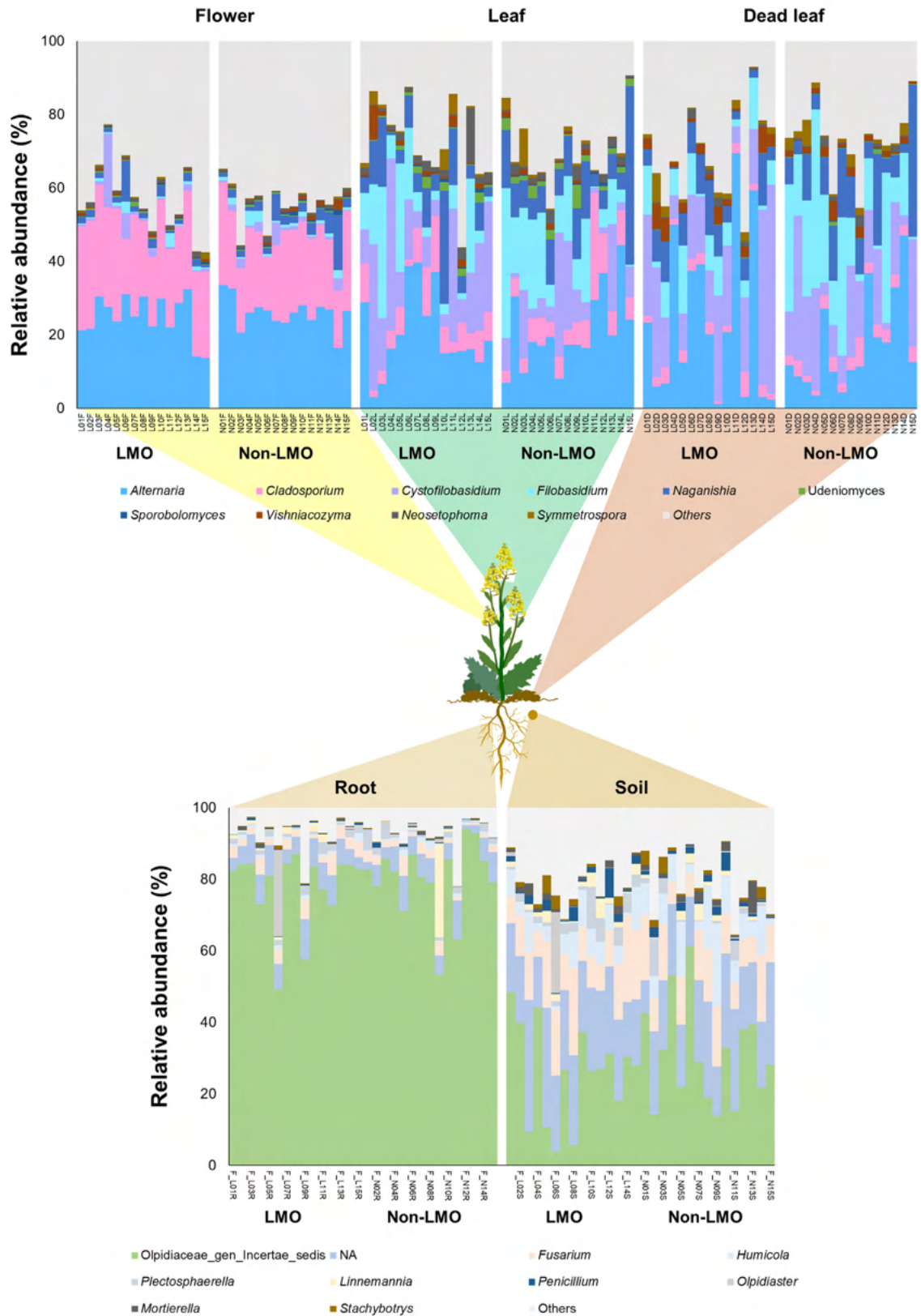


그림 34. 유전자 오염지 현장 LMO 및 WT 전생물체 분석결과(곰팡이).

라. LMO 유전자 오염지 주변 곤충 마이크로바이옴 연구

자연생태계에서 LMO와 WT를 비교 연구하는 과정에서 곤충 미생물 연구는 매우 중요한 역할을 한다. 곤충은 생태계 내에서 중요한 매개체로, 식물의 수분, 병원균의 확산, 분해 과정, 그리고 영양 순환에 크게 기여한다 (Muller et al., 2015). 특히 곤충의 미생물 군집은 곤충과 식물 간의 상호작용뿐만 아니라, LMO가 생태계 전반에 미치는 위해성을 간접적으로 평가하는 데 필수적인 정보원을 제공한다 (그림 35).

곤충은 식물에 서식하는 미생물과 밀접한 관계를 가지며, 이들의 미생물 군집은 곤충의 먹이원, 서식 환경, 그리고 유전자 변형 식물과의 상호작용에 의해 영향을 받을 수 있다 (Muller et al., 2023). 예를 들어, LMO가 생산하는 특정 단백질 예로 독소 이 곤충의 장내 미생물 군집에 변화를 유발할 가능성이 있다 (Lorenzen et al., 2021). 이는 곤충의 생존율, 번식 능력, 그리고 생태계 내에서의 역할에 직접적인 영향을 미칠 수 있다. 따라서 곤충 미생물 군집의 변화를 모니터링하면 LMO가 생태계 내 미생물 네트워크와 생물 다양성에 미치는 영향을 간접적으로 이해할 수 있다.

또한 곤충은 다양한 식물 종과 접촉하기 때문에, 이들의 미생물 군집은 LMO와 WT 간의 차이를 비교하는 데 유용한 바이오마커로 작용할 수 있다 (Muller et al., 2017). 따라서 해당 연구는 LMO가 생태계에 유발할 수 있는 장기적인 변화를 평가하는 데 필요한 과학적 근거를 제공한다. 또한 LMO법 통합고시 별표 10-1라 1에 따라 자연생태계의 다른 생물과의 상호작용 평가의 근거가 된다.

꿀벌

LMO 지역에서 채집된 꿀벌의 미생물 군집은 *Illiumella actobacillus nodgrassella*와 같은 장내 공생균이 주요 우점종으로 나타났다. *Illiumella*는 LMO 꿀벌 군집에서 평균적으로 $31.04 \pm 10.35\%$ 로 분포하였다. 반면 WT 꽃의 꿀벌에서는 *Illiumella*의 분포가 약 $16.65 \pm 9.19\%$ 내외로 LMO 지역보다 낮았다. 한편, *actobacillus*와 같은 젖산균은 LMO 지역과 WT 지역간 큰 차이를 보이지 않았다. *nodgrassella*의 군집은 LMO 지역에서 $9.50 \pm 7.05\%$ 였고, WT 지역에서 $13.73 \pm 9.29\%$ 로 WT의 우점율이 더 높은 경향을 보였다.

이번 결과는 LMO에 의해 꿀벌의 장내 미생물 군집에 영향을 줄 수 있는 것으로 생각된다. 이러한 결과는 LMO 작물이 생산하는 특정 물질

에 유전자 발현 산물 또는 독소 이 주변 생태계에 간접적으로 영향을 미칠 수 있음을 시사한다. 특히 *actobacillus* 5에 속하는 박테리아는 꿀벌 체내 트립토판 대사와 연관되어 기억력과 같은 지능에 긍정적인 영향을 주는 것으로 알려져 있고 ., 2022 , *illiamella* 및 *nodgrassella*는 꿀이나 꽃가루 소화에 도움을 주는 장내미생물로 영양 섭취와 활용에 영향을 미치며, 면역에 중요한 역할을 수행한다 ., 2012 . 꿀벌의 생존과 관련이 있는 만큼 향후 면밀한 연구를 통해 해당 장내미생물 군집에 영향을 주는지 검토하고, 필수적으로 위해성평가 항목에 반영되어야 할 것으로 보인다.

홍비단노린재

분류가 명확하지 않은 분류군 은 LMO와 WT에서 각각 평균 $64.2 \pm 41.99\%$ 와 $55.1 \pm 35.70\%$ 로 나타났으며, 홍비단노린재에서 아직 밝혀지지 않은 장내미생물군이 다수 존재함을 시사한다. 홍비단노린재는 십자화과 식물을 기주식물로 삼으며, 비의도적인 화분 이동 등의 영향을 미칠 수 있기 때문에 메타지노믹스 등의 기법을 활용하여 장내미생물의 군집이나 기능적 차이가 있는지 추가적인 확인이 필요하다.

배추흰나비

LMO와 WT 지역에서 배추흰나비의 애벌레와 번데기는 LMO에서 획득하였고, 성충은 WT가 분포하는 지역에서 채집하여 직접적인 비교는 어렵지만, 향후 연구에서는 LMO와 WT 지역에서 동일한 발달 단계의 배추흰나비를 채집하고, 이를 다양한 환경 요인과 연계하여 분석하는 것이 필요하며, 해당 자료는 그에 따른 기초 자료로 활용될 수 있다. LMO 지역에서는 애벌레 단계에서 *Bacillus*와 *taph lococcus*와 같은 특정 미생물 군집이 우점적인 반면, WT의 성충에서는 *nterobacter*와 *ol ap elia*가 두드러지게 나타났다. 이는 지역적 환경과 발달 단계가 상호작용하여 미생물 군집 구성에 영향을 미칠 수 있음을 암시한다.

호리꽃등에

LMO와 WT에서 호리꽃등에의 미생물 군집 차이를 분석한 결과, 특정 미생물군의 분포 차이가 LMO 작물과 관련될 가능성을 시사하였다. 특히 *olbachia*와 *ol ap elia*는 지역별로 뚜렷한 차이를 보였으며, 이는 지역적

환경 또는 LMO의 영향을 반영할 수 있다. 다만, 본 연구에서 호리꽃등에의 채집 개체 수가 상대적으로 적어 통계적 신뢰도를 확보하기에는 한계가 있었다.

호리꽃등에는 주요 수분매개자로서 생태적 중요성을 지니므로, 2012, 향후 연구에서는 다양한 지역 및 환경 조건에서 채집 개체 수를 증가시켜 보다 정밀한 미생물 군집 분석을 수행할 필요가 있다. 이를 통해 LMO와 WT 지역이 수분매개자의 미생물 생태에 미치는 영향을 명확히 이해할 수 있을 것으로 기대된다.

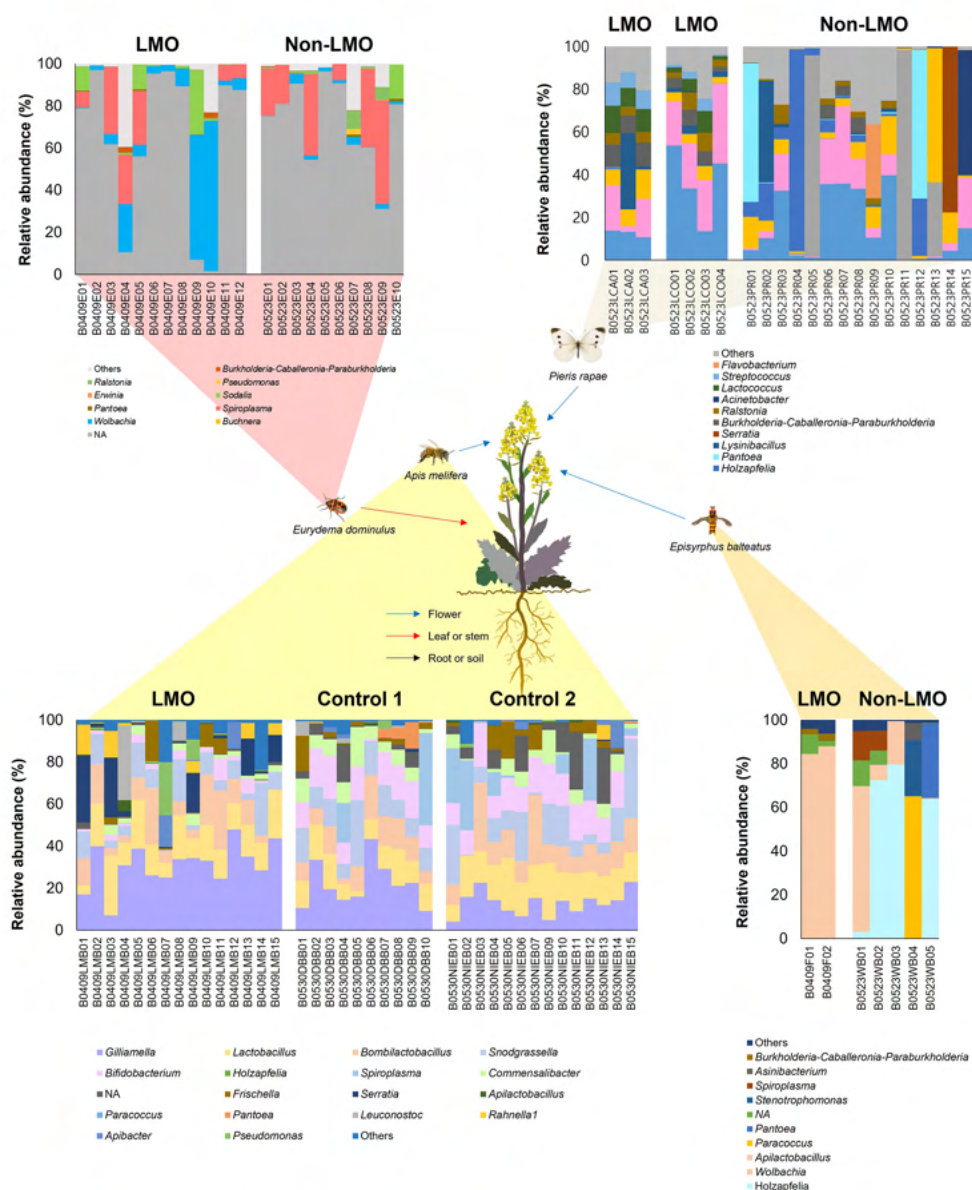


그림 35. LMO 유전자 오염지 주변 곤충 마이크로바이옴 분석 결과.

마. 모의환경 실험

본 연구에서는 온실에서 재배된 LMO와 WT를 모의 환경으로 옮겨 도입 유전자의 생태적 영향과 성장 차이를 평가하였다 그림 36. 실험 결과, LMO 식물과 WT 간 성장 차이는 명확하게 관찰되지 않았으며, 이는 도입 유전자가 직접적인 생장률 증가에 영향을 미치지 않았음을 시사한다. 또한, 후대 새싹에서 도입 유전자의 유전적 전이가 확인되었으며, 이는 도입 유전자가 안정적으로 다음 세대로 전달될 수 있음을 보여준다. 도입 유전자가 포함된 후대 새싹은 비도입 유전자를 가진 새싹과 동일하게 발아하였으며, 이는 도입 유전자가 생태적으로 적응 가능한 특성을 가질 가능성을 뒷받침한다.

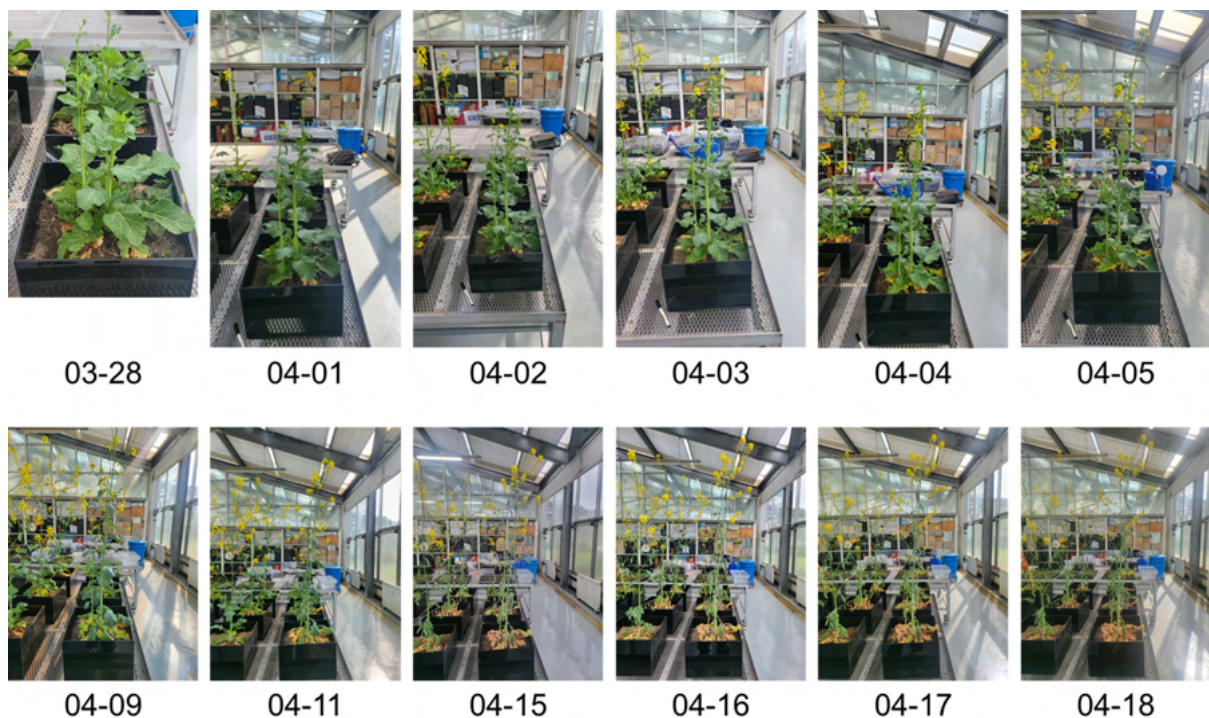


그림 36. 모의환경 내 LMO 성장 사진.

모의 환경에 이식한 LMO와 WT의 초장을 시기별로 측정하여 비교한 결과, 두 그룹 간의 성장 패턴에서 유의미한 차이가 관찰되지 않았다 그림 37. 평균 초장은 모든 시점에서 WT가 LMO보다 약간 더 높았지만, 그 차이는 통계적으로 유의미하지 않은 수준이었다. 예를 들어, 03월 14일에는 WT가 평균 92.2 , LMO가 90.0 로 나타났으며, 04월 30일에는 WT가 100.0 , LMO가 97.2 로 기록되었다. 두 그룹 모두 시간이 지남에 따라

유사한 성장 추세를 보이며, 성장 속도와 최종 초장에서 큰 차이를 보이지 않았다. 이는 유전자 도입이 갯의 초장에 미치는 직접적인 영향이 거의 없음을 시사한다.

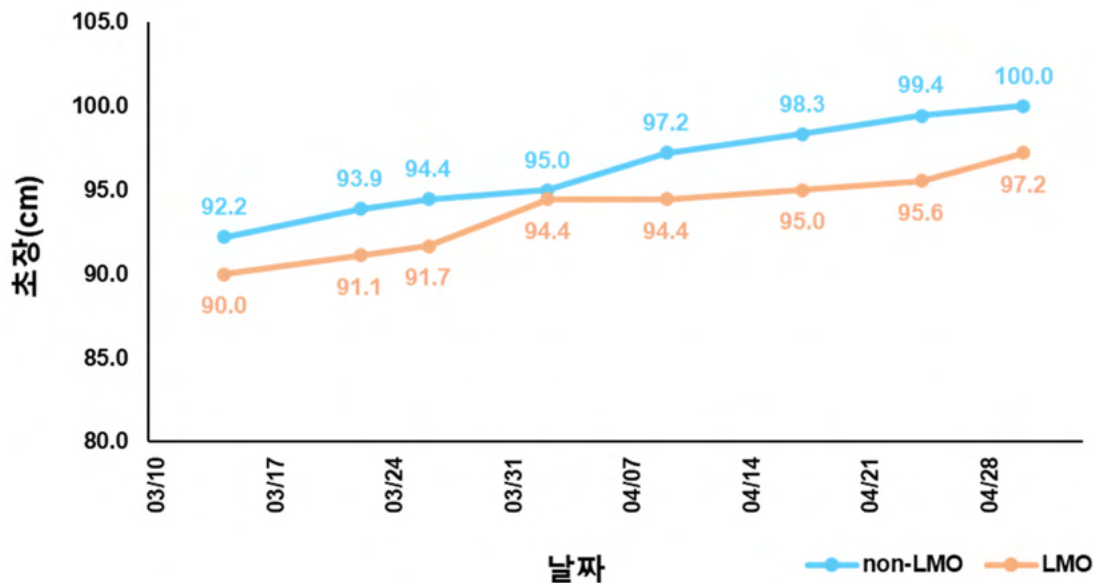


그림 37. 모의환경 내 LMO 및 WT의 시계열 초장 변화.

이어 자연생태계와 온실에서 재배한 LMO 및 WT 주변 생물상을 비교 분석하였다 그림 3 . 자연생태계와 온실 모의환경에서 공통적으로 확인된 주요 생물상은 달팽이, 배추흰나비 애벌레, 번데기, 성충, 화랑곡나방, 진딧물, 공벌레 등이었다. 자연생태계에서만 확인된 생물상으로는 홍비단 노린재, 꿀벌, 호리꽃등에가 포함되었으며, 이는 자연환경에서의 다양한 생물적 상호작용과 풍부한 수분매개자 존재를 반영한다. 반면, 모의환경에서는 소형 딱정벌레류가 추가적으로 발견되었으나, 천적이 없는 특성으로 인해 갯에 피해를 주는 화랑곡나방이나 진딧물의 개체수가 자연생태계보다 높은 빈도로 관찰되었다.

자연생태계에서 생물상을 확인하는 연구는 실제 환경에서 도입 유전자가 생태계에 미치는 영향을 평가할 수 있는 중요한 정보를 제공한다. 특히 다양한 생물적 상호작용과 천적의 존재는 생태계의 균형을 유지하며, LMO 및 WT 간의 잠재적인 차이를 효과적으로 평가할 수 있게 한다. 그러나 자연환경은 여러 요인에 의해 영향을 받을 수 있으며, 환경적 변동성과 생물 다양성이 높은 만큼 실험 재현성과 정밀성이 제한적이라는 단점이 있다.

반면, 온실에서의 모의환경 실험은 통제된 환경에서 연구를 수행할 수 있어 재현성과 정밀성이 높다. 이는 특정 변수의 영향을 명확히 평가할 수 있는 장점을 제공한다. 그러나 천적의 부재와 인위적 조건으로 인해 생태계의 복잡성을 반영하지 못하는 한계가 있다. 예를 들어, 본 연구에서 모의환경에서는 화랑곡나방과 진딧물의 개체수가 자연생태계보다 높은 빈도로 관찰되었으며, 이는 천적이 없는 환경에서 특정 해충이 급증할 수 있음을 시사한다.



그림 38. 모의환경에서 실험 기간 중 확인된 생물 출현종.

자연생태계와 모의환경 연구는 각각의 장단점이 있으며, 상호보완적으로 활용될 때 가장 큰 효과를 발휘할 수 있다. 자연생태계 연구는 실제 환경에서의 생물적 상호작용과 영향을 평가할 수 있는 반면, 모의환경 실험은 특정 변수와 도입 유전자의 직접적인 영향을 통제된 조건에서 확인할 수 있다. 따라서 자연생태계와 모의환경에서의 복합적인 확인을 통해 도입 유전자의 안정성과 생태적 영향을 평가하는 종합적인 접근이 필요하다. 이를 통해 LMO와 WT의 생태적 영향을 보다 명확히 파악하고, 생태계의 안전성을 확보할 수 있을 것이다.

세 가지 그룹 자연 토양 이식 그룹, 자연 토양에서 잡초를 걸러낸 그룹, 배양토 그룹 에서 LMO와 WT 갯을 재배하여 새싹의 발아와 도입유전자의 전이를 확인하였다 그림 39. 자연 토양 이식 그룹에서는 다양한 잡초와 주변 식물이 자랐으며, 이로 인해 갯 새싹의 발아를 확인하는 데 어려움이 있었다. 하지만 세밀한 조사를 통해 드물게 갯 새싹이 발견되었고, 이는 자연 환경에서 갯 씨앗이 생존하고 발아할 수 있는 잠재력을 보여준다. 자연 토양에서 잡초 씨앗을 제거한 그룹에서는 갯 새싹이 자연 토양 이식 그룹에 비해 빈번하게 확인되었다. 이는 잡초와의 경쟁이 줄어들어 갯 새싹의 발아와 생존 가능성이 높아졌음을 시사한다. 배양토 그룹에서는 외부에서 유입된 잡초가 전혀 자라지 않았으며, 갯 새싹만이 발아하여 성장하는 모습을 보였다. 이는 다른 생물학적 상호작용 없이 갯 자체의 성장과 도입유전자의 전이를 확인하는 데 효과적이었다.

세 가지 그룹에서의 실험은 각각 다른 연구 목적에 적합한 정보를 제공하였다. 자연 토양 이식 그룹은 실제 자연 생태계를 모방하여 갯과 주변 생태계 간의 복잡한 상호작용을 탐구할 수 있는 환경을 제공하였다. 하지만 잡초와 주변 식물의 번식으로 인해 갯 새싹의 발아 여부를 세밀히 확인하기에는 어려움이 있었다. 반면, 자연 토양에서 잡초 씨앗을 제거한 그룹은 자연 토양의 특성을 유지하면서도 잡초와 같은 경쟁 요인을 배제하여 갯 새싹의 생존 가능성을 상대적으로 명확하게 관찰할 수 있었다. 배양토 그룹은 갯 이외의 다른 식물의 성장을 완전히 배제함으로써 갯의 발아와 도입유전자의 전이를 확인하는 데 있어 가장 효과적인 환경을 제공하였다. 이 그룹은 갯 새싹의 발아율 및 도입유전자의 안정성을 직접적으로 관찰하는 데 이상적이었다. LMO 갯의 새싹이 자연 토양 이식 그룹, 잡초 제거 토양 그룹, 배양토 그룹 모두에서 도입유전자를 보유하고 있는 것으로 확인된 점은 도입유전자가 후대로 안정적으로 전이될 가능성을 보여준다.

따라서 각 그룹은 연구 목적에 따라 상호보완적으로 활용될 수 있으며, 자연 환경에서 LMO의 장기적 생태적 영향을 보다 포괄적으로 평가하기 위해 다양한 실험 조건이 조합된 연구가 필요하다. 이러한 연구는 LMO의 환경 위해성을 분석하고 관리하기 위한 중요한 기반 자료가 될 것이다.

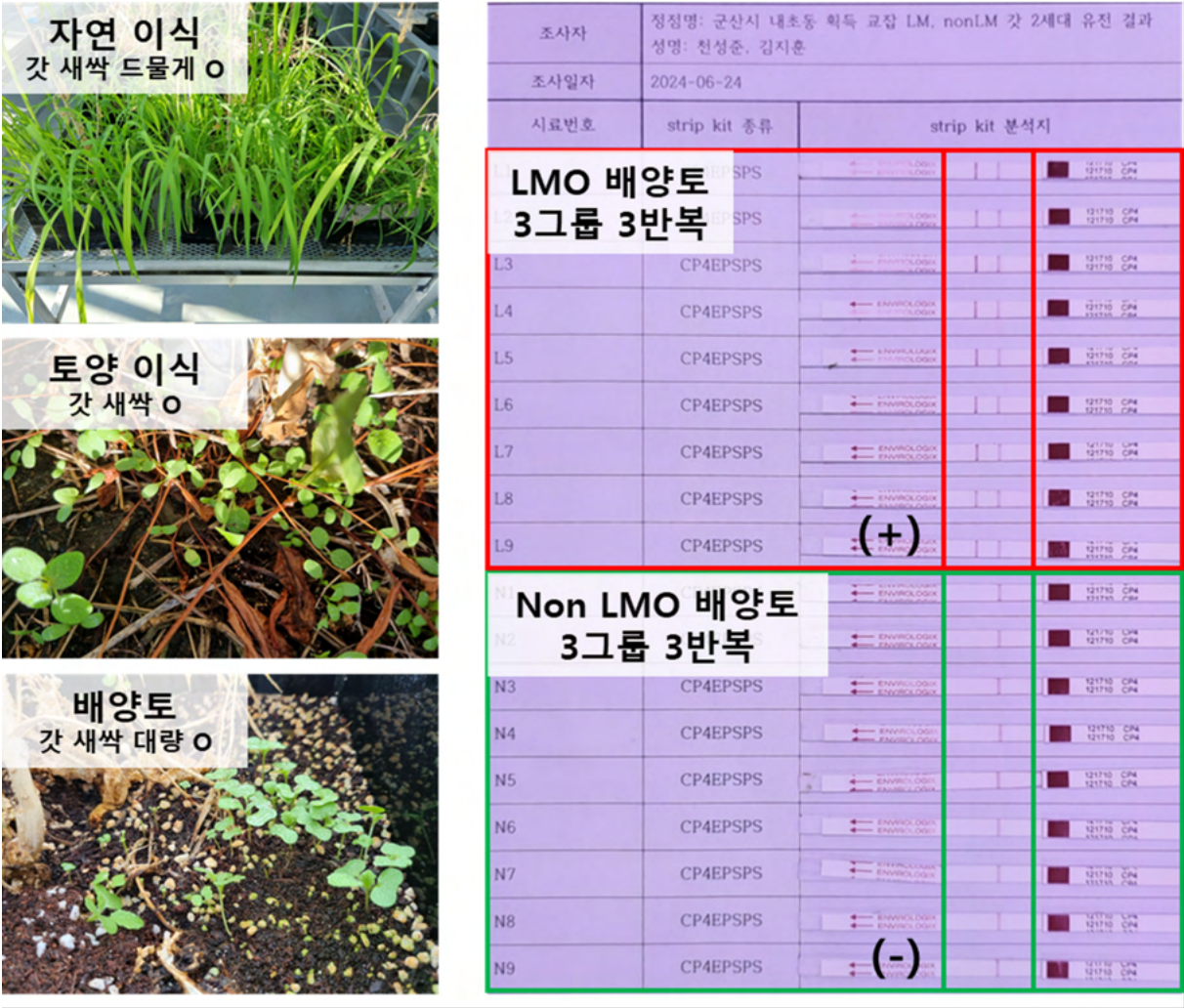


그림 39. 모의환경 내 LMO 발아 가능성 확인.

특히, 자연 토양 이식 그룹에서 드물게나마 새싹이 발견된 점은 LMO 갯의 씨앗이 자연 환경에서도 발아 가능성을 가지고 있음을 시사한다. 이는 유전자 오염의 가능성과 관련하여 자연 생태계에서의 관리가 중요함을 강조한다. 새싹에 대한 간이 면역검사 결과, LMO 그룹에서 자란 모든 갯 새싹은 도입유전자를 보유하고 있음이 확인되었다. 반면, WT 그룹에서 자란 새싹에서는 도입유전자가 전혀 발견되지 않았다. 이는 도입유전자가 안정적으로 후대에 전이될 수 있음을 보여주는 결과이다.

자연생태계 내에서도 갯이 사멸한 뒤 다른 식물군으로 천이가 발생한 환경에서도 드물게 갯 새싹이 발견되었으며 그림 40, 이는 유전자 전이가 자연 환경에서도 이루어질 가능성을 시사한다. 해당 구역은 실험 종료 후 잡초가 무성하게 자라난 상태였지만, 그 속에서도 갯 새싹이 확인되었다. 이를 통해 도입유전자를 포함한 갯이 생존하고 발아하여 세대를 이어나갈 가능성을 확인할 수 있었다.



그림 40. 현장 중점연구지역 시계열에 따른 관리 및 변화.

자연생태계에서 갯 새싹이 드물게 발견되었다는 점은 도입유전자가 경쟁 식생과 같은 자연적 요인에 의해 제한될 수 있음을 암시한다. 그러나 이러한 경쟁 속에서도 새싹이 생존하고 발아한 점은 도입유전자가 자연 환경에서도 일정한 확률로 퍼질 수 있음을 의미한다. 특히, 갯 새싹이 자란 구역에서 잡초가 무성하게 번성하였음에도 도입유전자가 포함된 갯의 새싹이 발견된 점은 유전자 전이가 자연환경에서 예상보다 쉽게 일어날 수 있음을 강조한다.

이 결과는 도입유전자가 포함된 작물이 자연 생태계에서 발아하고 번식할 경우, 수분매개자와 같은 기존 생태계 구성원과의 상호작용에 따라 환경 오염 및 생태계 교란으로 이어질 가능성을 보여준다. 따라서, 이러한 유전자 전이의 가능성은 환경 위해성평가 및 관리 전략에서 반드시 고려되어야 한다. 향후 연구에서는 자연생태계와 모의환경 실험을 병행하여 유전자 전이의 발생 빈도와 영향을 장기적으로 추적할 필요가 있다. 특히, 자연 생태계에서 확인된 잡초와의 경쟁 및 다른 생물학적 요인들이 도입유전자의 확산에 미치는 영향을 정량적으로 평가하여, 유전자오염 방지 및 관리 방안을 마련해야 할 것이다.

실험 기간 동안 공벌레가 있는 환경에서 LMO와 WT 잎의 무게 감소는 서로 비슷한 경향을 보였다 그림 41. 이는 공벌레가 LMO 잎과 WT 잎을 구분하지 않고 섭식했음을 나타낸다. 공벌레가 있는 환경에서의 LMO 잎은 4월 9일까지 3.21 ± 0.3 으로 감소했으며, WT 잎은 3.1 ± 0.4 으로 감소했다. 이는 공벌레가 실험기간 동안 두 유형의 잎에서 충분한 섭식 활동을 했음을 시사한다. 실험 기간 동안 공벌레의 수와 벌레당 무게를 분석한 결과, LMO와 WT 사이에 유의미한 차이는 관찰되지 않았다. 공벌레의 수는 LMO 잎을 먹인 그룹에서는 초기 20마리에서 4월 9일에는 1 ± 2 마리로, WT 잎을 먹인 그룹에서는 같은 기간 동안 19.7 ± 0.6 마리에서 19.3 ± 0.6 마리로 소폭 감소하였다. 공벌레당 무게에서도 비슷한 경향을 확인할 수 있었다. LMO 그룹의 공벌레당 평균 무게는 0.044 ± 0.001 에서 4월 9일 0.052 ± 0.003 으로 증가하였고, WT 그룹에서는 0.041 ± 0.004 에서 0.049 ± 0.002 로 증가하였다. 이는 실험기간 동안 남아있는 공벌레들이 충분한 섭식을 통해 체중이 증가했음을 나타내며, LMO와 WT 잎을 섭식한 공벌레 사이에 뚜렷한 차이가 없음을 보여준다. 이와 같은 결과를 통해 먹이가 되는 잎의 LMO 여부는 공벌레의 생존이나 성장률과 요인에 영향이 낮음을 확인할 수 있었다.

하지만 각 사엽을 먹인 공벌레의 장내미생물 군집 분포는 뚜렷한 차이가 관찰되었다. 이는 잎의 유전적 변형 여부가 공벌레의 장내 미생물 군집에 영향을 미칠 수 있음을 시사한다. 특히, 박테리아 중에서는 *ibrio* 속의

비율이 LMO 그룹에서 평균 $50.96 \pm 10.51\%$ 로, WT 그룹의 $36.65 \pm 11.95\%$ 에 비해 유의미하게 높았다. *Pseudomonas*와 *Carnobacterium* 또한 LMO 그룹에서 각각 평균 $23.42 \pm 9.10\%$ 와 $2.96 \pm 6.19\%$ 로 높은 비율을 보였으나, WT 그룹에서는 $17.96 \pm 7.05\%$ 와 $0.30 \pm 0.61\%$ 로 낮았다. 반면, *Buttiauxella* 종은 WT 그룹에서 $3.33 \pm 3.35\%$ 로 LMO 그룹의 $0.42 \pm 0.51\%$ 보다 상당히 높았다. 곰팡이에서는 *Alternaria*와 *Naganishia*의 차이가 두드러졌다. LMO 그룹에서 *Alternaria*는 평균 $31.76 \pm 11.45\%$ 인 반면, WT 그룹에서는 $54.77 \pm 5.45\%$ 로 매우 높게 나타났다. *Naganishia*도 WT 그룹에서 $17.75 \pm 3.43\%$ 로, LMO 그룹의 $6.24 \pm 4.30\%$ 에 비해 높았다. 그러나 *Plectosphaerella*는 LMO 그룹에서 평균 $39.12 \pm 13.23\%$ 로 매우 높은 반면, WT 그룹에서는 $11.07 \pm 2.72\%$ 에 그쳤다.

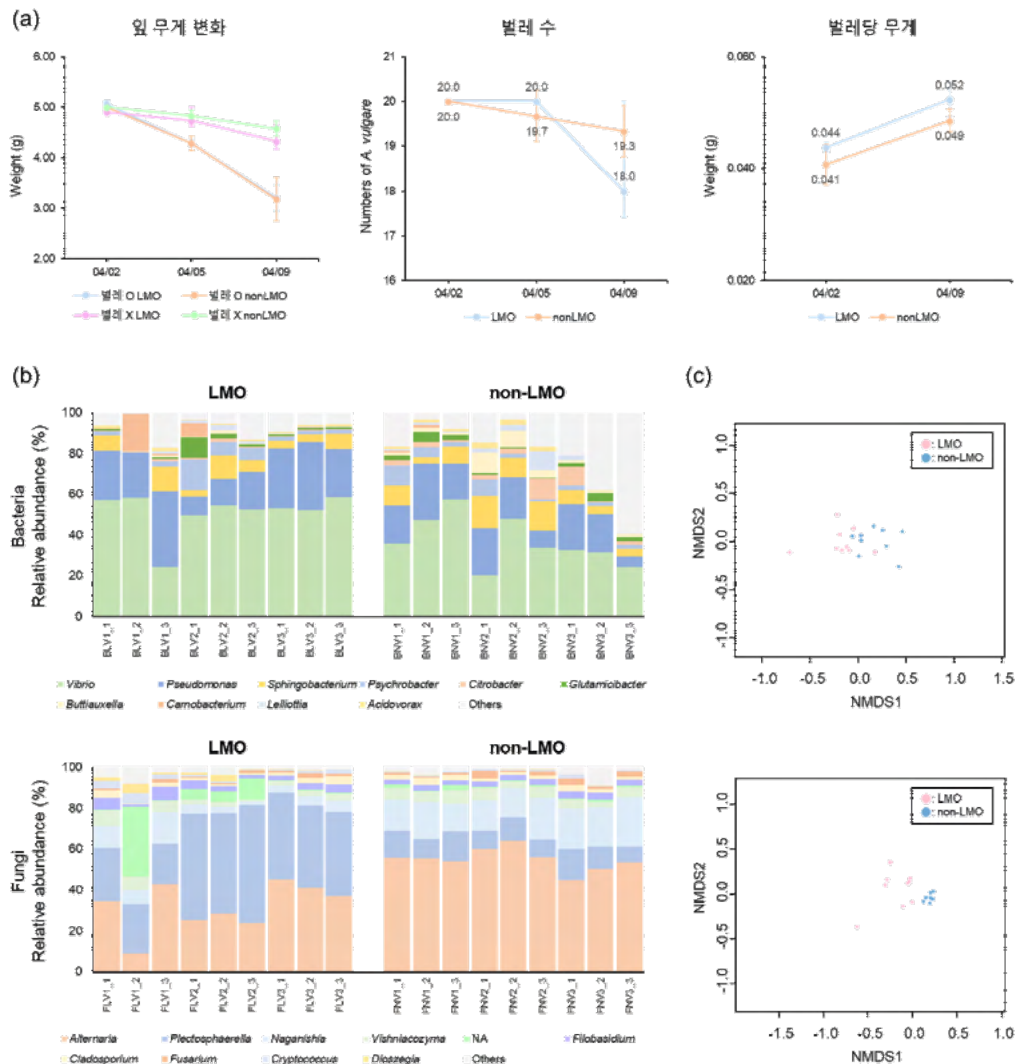


그림 41. 공벌레 LM 및 non-LM 갯 사육 실험 결과.

- (a) 표현형질 특징 변화 (b) 박테리아와 곰팡이 미생물 군집 분포
(c) 박테리아와 곰팡이 미생물 군집 분포 NMDS 분석 및 시각화.

M 에 공벌레의 장내 미생물 군집에 대한 분석 결과를 시각화하였다. 박테리아 위와 곰팡이 아래 그래프에서 보이듯, LMO와 WT 잎을 섭식한 공벌레 사이에 뚜렷한 그룹화가 이루어졌다. 각 그룹의 점들이 서로 다른 위치에 배치되어 있는 것을 통해, 잎의 유전적 변형 여부가 공벌레의 장내 박테리아와 곰팡이 군집에 다르게 영향을 미쳤다는 것을 알 수 있다. 이 결과는 유전적으로 변형된 식물이 공벌레의 미생물 다양성에 중대한 영향을 줄 수 있음을 나타내며, 이러한 변화가 생태계에 미치는 잠재적 영향을 더 깊이 연구할 필요가 있다.

종합적으로, LMO 잎의 특정 유전산물이 공벌레의 생존이나 성장 등에 미치는 영향이 낮거나 적다고 할 지라도, 공벌레의 장내 미생물 군집에 변화를 유발할 수 있음을 보여주며, 이는 장기적으로 공벌레를 포함한 생태계 내 다른 생물 종과의 상호작용에 중요한 영향을 줄 수 있다. 이러한 미생물 군집의 변화는 생태계의 건강과 기능에 영향을 미치므로, LMO의 환경적 영향을 평가할 때는 이러한 미생물학적 관점도 고려되어야 한다.

현재 한국의 평야 지역은 대부분 농업 목적으로 활용되고 있으며, 논이나 밭으로 개간된 인공적인 환경이 주를 이루고 있다. 이러한 이유로 평야 지역에서의 자연 생태계는 사실상 거의 존재하지 않는 상황이다. 이러한 상황은 LMO 유출 모니터링과 위해성 평가에 있어 중요한 문제점을 야기한다. 현재 한국에서 LMO 유출 모니터링은 주로 운송로, 가공 공장 주변과 같은 인공적 환경 주변에서 수행되고 있으며, 이를 통해 자연 생태계의 영향을 제대로 반영하지 못하고 있다.

운송로나 가공 공장 주변은 중금속, 석유 화합물 등과 같은 오염물질로 인해 이미 인간 활동의 영향을 크게 받은 지역이다. 이와 같은 인공 환경은 생물다양성이 낮고 생태계의 복잡한 상호작용이 제한되어 있기 때문에, LMO가 실제 자연 생태계로 유출될 경우 발생할 수 있는 잠재적 영향을 평가하기에는 부적절하다. 자연 생태계에서는 다양한 종 사이의 상호작용, 복잡한 영양 관계, 그리고 환경적 요인 예 토양, 수분, 미생물 군집이 유기적으로 작용하며, 이는 LMO의 생존, 증식, 확산, 그리고 수평 유전자 전달 T 가능성에 중요한 영향을 미친다 , 200 . 그러나 이러한 복잡한 생태적 변수를 반영하지 못하는 인공 환경에서 수행되는 모니터링은 LMO가 자연 생태계에서 나타낼 수 있는 영향을 과소평가하거나 간과할 가능성이 크다.

또한, 이러한 인공적 환경에서의 모니터링은 비표적 생물체 예 야생 곤충,

토착 식물, 미생물 군집 등에 미칠 수 있는 영향을 충분히 평가하지 못한다는 한계가 있다. 특히, 자연 생태계는 다양한 생물군이 밀접하게 상호작용하는 공간으로, LMO 유출이 단순히 국소적인 환경에서 끝나지 않고, 생태계 전체에 연쇄적인 영향을 미칠 가능성이 있다 T ., 2017 . 그러나 현재와 같은 운송로 및 공장 중심의 모니터링은 이러한 생태적 맥락을 반영하지 못하며, 결과적으로 LMO 위해성 평가의 신뢰성과 타당성을 저하시킬 수 있다.

따라서 한국에서의 LMO 유출 모니터링과 위해성 평가 체계를 개선하기 위해서는, 인공 환경뿐만 아니라 자연 생태계와 유사한 환경 조건을 포함한 모니터링 체계가 필요하다. 이를 위해, LMO가 유출될 가능성이 있는 지역 중 일부를 자연 복원 프로젝트와 연계하여 생태적 맥락이 반영된 연구와 모니터링이 수행되어야 한다. 또한, 평야 외의 자연생태계, 예를 들어 산림, 습지, 또는 하천 생태계를 포함하여 보다 다양하고 복잡한 환경에서의 모니터링이 필수적이다. 이러한 접근은 LMO의 실제 환경적 영향을 보다 정확히 평가하고, 한국의 생태적 특성을 반영한 위해성 평가 체계를 구축하는 데 기여할 것이다.

3. 단백질 기반 LM 미생물 유출지 모의환경 위해성평가

가. 환경정화용 LM 미생물 *Pseudomonas putida* 우성형질 선별 및 내성 확인

일반적으로 산업용 LM 미생물은 밀폐된 이용 시설 내에서 활용되며, 비의도적 유출이 발생하더라도 공장 인근의 토양이나 운송로와 같은 인공적인 환경에 제한적으로 노출되는 경향이 있다 L , 2012 . 반면, 환경정화용 LM 미생물은 오염된 자연환경을 정화하는 목적으로 사용되므로, 자연 생태계에 직접 노출될 가능성이 높다 T ., 1999 . 이러한 특성을 고려할 때, 환경정화용 LM 미생물의 환경위해성 평가는 자연 생태계를 반영한 연구 설계와 접근이 필요하다.

본 연구에서는 기개발된 LM 미생물을 기반으로 자연 생태계 모의환경에서의 환경위해성평가를 수행하고자 하였다. 이를 위해, 모의환경 내 위해성평가에 앞서 LMO법 통합고시 별표 10-1 유전자변형미생물의 위해성평가자료 제6항에 따라, 유전자변형미생물체와 비변형미생물체 간 생존 및 증식 특성의 차이를 확인하기 위한 실험을 진행하였다. 해당 실험은 LM 미생물의 특성과 자연 생태계 내 적응 가능성을 평가하는 데 중요한 기초

자료로 활용되며, 이후 위해성평가의 신뢰성을 보장하는 근거가 된다.

야생형과 5개 후보 LM 미생물을 선택하여 를 얻은 다음 그림 42
L 저항성 액체배지에서 대량 증식하였다. 96 에
L 와 1 M 카드뮴을 넣은 L 액체배지 배지에서 5개 후보 LM 미생물을
배양하여, 시간별로 흡광도 O 600 를 측정하였다. 그 결과, L 와 1 M
카드뮴을 넣은 L 액체배지 배지에서 야생형과 LM 미생물의 생존, 증식의
큰 차이를 보이지 않았다 그림 43 .

1 M 농도의 카드뮴이 포함된 배지에서 1 유전자가 도입된 유전자변형
미생물 LM, M1 M5 과 비유전자변형 미생물 WT 이 유사한 성장 패턴을
보인 결과는 여러 요인에 의해 설명될 수 있다. 실험 결과를 통해 확인된
성장 곡선에 따르면, 정상 배지 에서는 LM 미생물과 WT 미생물 간에
명확한 차이가 나타나지 않았으며, 1 M 카드뮴 배지 에서도 두 그룹
간의 성장 차이가 거의 관찰되지 않았다. 이러한 결과는 1 단백질의
작용 한계, 비유전자변형 미생물의 내재적 카드뮴 저항성, 그리고 실험
조건에 따른 1 발현 및 활성화 제한과 같은 다양한 요인의 영향으로
보인다.

먼저, 1 단백질은 T - 트랜스포터로 카드뮴
 $^{2+}$ 과 글루타치온-카드뮴 복합체를 세포 내 액포로 수송하여 독성을
줄이는 역할을 한다 ., 2004 . 하지만 1 M이라는 고농도의
카드뮴은 1 단백질의 해독 능력을 초과했을 가능성이 있다. 1의
작용에는 글루타치온 과 같은 보조 분자가 필수적인데, 카드뮴
스트레스가 강할 경우 세포 내 글루타치온이 부족하여 1의 효과가
저하되었을 가능성도 존재한다. 이러한 요인은 LM 미생물이 WT에 비해
성장에서 명확한 우위를 보이지 못한 이유를 뒷받침한다.

반면, 비유전자변형 -LM 미생물의 내재적 카드뮴 저항성도 중요한
요인으로 작용했을 수 있다. WT는 자체적인 카드뮴 배출 시스템 예
또는 - T 이나 세포벽 보호 메커니즘을 통해 카드뮴 흡수를
제한하거나, 활성산소종 O 을 중화하는 스트레스 반응 경로를 활성화했을
가능성이 있다. 이는 WT가 예상보다 높은 카드뮴 내성을 나타냈을 수
있음을 설명한다. 또한, 1 M 농도의 카드뮴은 매우 높은 독성을 가지므로,
이 조건에서 LM 미생물과 WT 모두 대사 속도가 감소하며, 유전자 변형
여부에 따른 차이가 뚜렷하지 않았을 가능성도 있다.

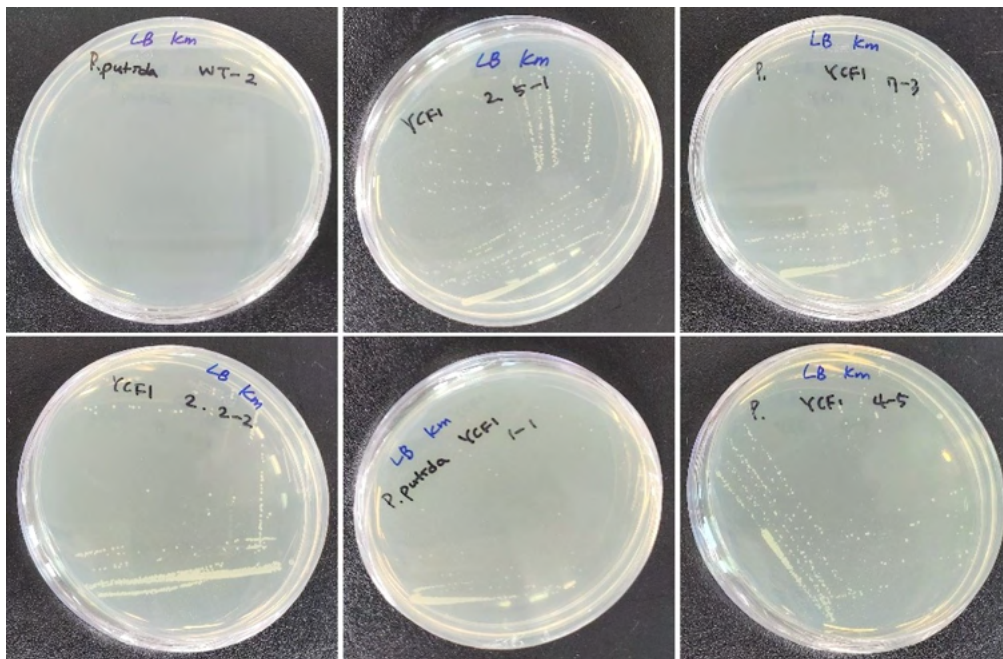


그림 42. 선별된 카드뮴 내성 LM 미생물.

이와 함께, 1 단백질의 발현 수준이나 실험 조건 또한 영향을 미칠 수 있다. 1의 단백질 발현량이 충분하지 않았거나, 배지 내 이온 농도, 또는 글루타치온 수준이 1의 기능을 제한했을 가능성을 고려해야 한다. 더 나아가, 카드뮴으로 인해 세포 에너지 대사가 억제되면서 T 의존적인 1의 작용이 완전히 발휘되지 못했을 가능성도 있다. 따라서 1이 정상적으로 발현되고 기능했는지에 대한 추가적인 확인이 필요하다.

이 실험 결과는 LM 미생물이 자연 환경에서 중금속 정화에 활용될 때, 카드뮴 농도가 1의 효과적 작용 한계 내에 있어야 한다는 점을 시사한다. 정상 배지에서는 LM 미생물이 비유전자변형 미생물과 유사한 성장 능력을 유지하며, 카드뮴 농도가 낮은 조건에서는 1의 효과가 더욱 뚜렷하게 나타날 가능성이 크다. 동시에, 이 결과는 단일 유전자 변형만으로는 고농도의 중금속 환경에서 유의미한 효과를 얻기 어려울 수 있음을 보여 준다. 향후 연구에서는 다양한 카드뮴 농도에서 두 미생물의 성장 패턴을 비교하고, 1 발현 확인 및 글루타치온 합성 경로 강화와 같은 다중 유전자 변형 접근법을 고려할 필요가 있다. 이를 통해 1 기반 시스템의 중금속 내성 효율을 개선하고, 실제 환경 적용 가능성을 높이는 방향으로 연구를 진행할 수 있을 것이다.

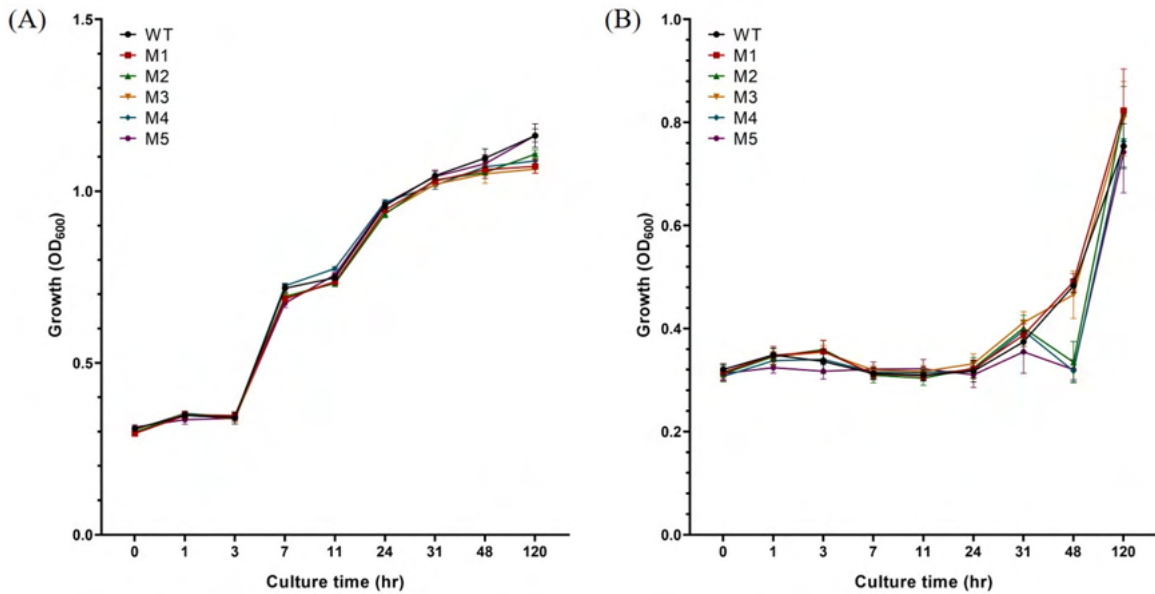


그림 43. 카드뮴 조건에 따른 좌) 일반 배지,
우) 카드뮴(1mM) 조건하 성장 그래프.

나. LM 미생물 환경위해성 평가를 위한 자연생태계 한실 내 모의환경 및 평가시스템 구축

본 연구에서는 중금속 오염 토양을 활용하여 모의환경을 조성하고, 환경정화용 LMO 및 주변 미생물의 상호작용과 수평유전자전달

T, T에 대한 가능성을 평가하였다 그림 44. 모의환경 조성에는 청양 폐광산의 중금속 오염지 토양이 사용되었다. 중금속 오염이 심한 토양에서는 식물의 성장이 제한되며, 식물 부재로 인해 토양 함수율이 낮아지는 동시에 미생물 활성도 또한 감소하는 것으로 알려져 있다

., 2009, 2009. 반면, 중금속 농도가 상대적으로 낮은 경우 일부 식생이 형성되고 일반적인 토양 수준의 함수율을 보여 미생물 활성도가 높은 것으로 보고되고 있다 ó -, ., 2012.

본 연구에서는 중금속 오염 농도에 따라 두 가지 조건의 모의환경을 조성하였다. 첫 번째는 높은 중금속 농도로 인해 식물이 자라지 못하는 조건이며, 두 번째는 중금속 농도가 낮아 일부 식물이 성장할 수 있는 조건이다. 두 가지 모의환경은 격리 온실 내에서 3개월간 유지되었으며, 이 기간 동안 토양 미생물 군집의 안정화와 다양성을 모니터링하였다. 특히, 환경정화용으로 개발된 LMO와 T가 가능한 미생물 군집 및 이들의 다양성에 초점을 맞추었다.



그림 44. 모의환경 조성을 위한 폐광산 시료 샘플링과 모의환경 실험 사진.

다. LM 미생물 유출 모의시험을 통한 모의환경 내 생물다양성 및 상호작용 위해성 평가

LM 미생물 유출 모의시험에 앞서 모의환경 내 T 가능성을 고려하여, 주요 대상으로 *Pseudomonas aeruginosa* *P. fluorescens* 등 *Pseudomonas* 속의 다른 종들을 분석하였다. 이들은 유사한 유전체 구조를 가지며 플라스미드나 트랜스포존을 통해 유전자를 교환할 가능성이 높다 ., 2005 . 또한, *Scherichia coli* *lebsiella pneumoniae* *almonella* .와 같은 계열의 미생물들은 플라스미드 기반의 유전자 전달을 통해 *Pseudomonas putida*와 항생제 내성 또는 병원성 관련 유전자를 교환할 가능성이 있는 것으로 평가되었다 M M ., 2020 . *Bacillus subtilis* *B. cereus* 등 *Bacillus* 속 미생물들은 세포외 를 흡수하여 T를 수행할 가능성이 높으며 ., 2012 , *Acinetobacter* ., *Burholderia* ., *alstonia* .와 같은 그람음성 환경 미생물들은 *P. putida*와 공존하며 유전자 교환의 잠재적 대상이 될 수 있다 M í í L , 2011 . 특히, *Acinetobacter* .는 흡수 능력이 뛰어나 T의 주요 대상으로 주목받고 있다 W ., 2013 .

모의환경에서의 마이크로바이옴 분석 결과 총 4507의 미생물 가
검출되었으며, 전반적인 미생물 구조는 그림 45에 제시되어 있다. 주요
미생물은 *armoricola*, *Polyclostrans* 등으로 비오염지와 확연한
차이를 나타냈다(그림 45).

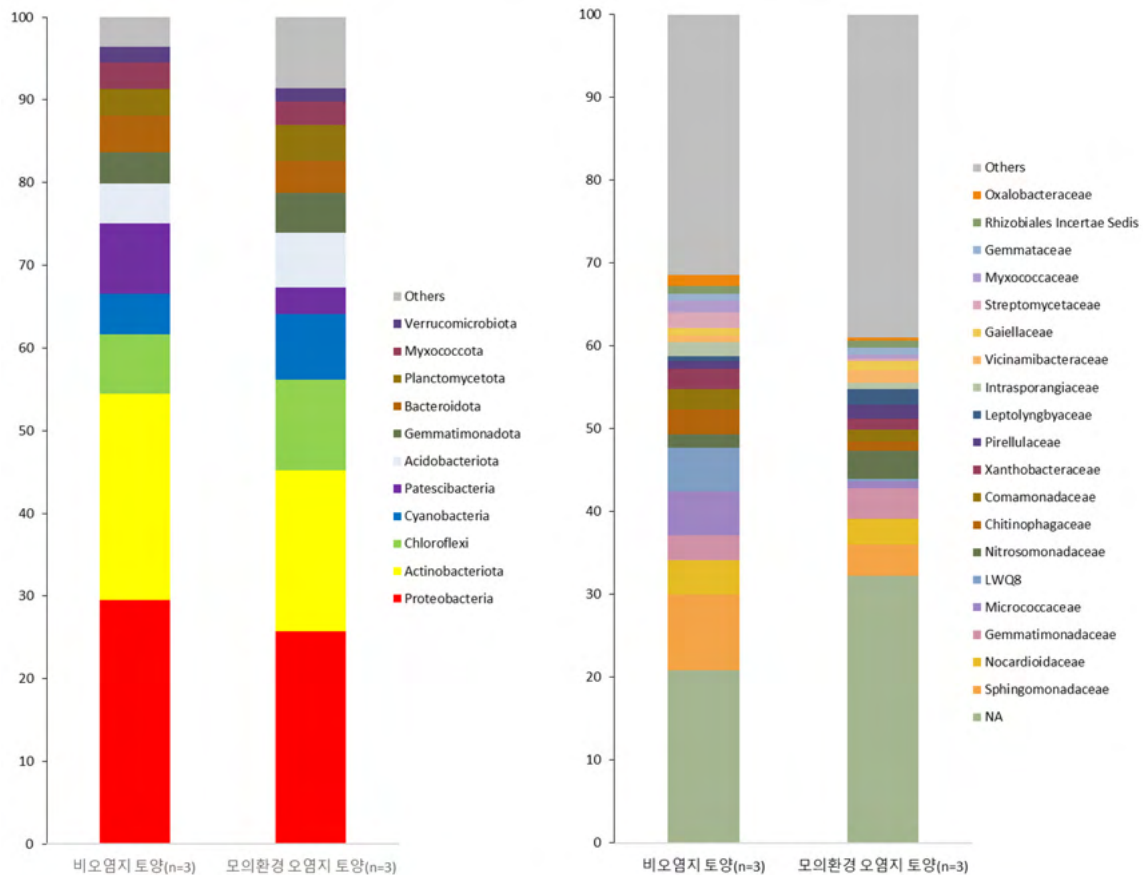


그림 45. 모의환경에서 확인된 미생물 군집 분포.

T 가능성이 높은 미생물을 추출한 결과, *Pseudomonas*, *Acinetobacter*, *alstonia* 등이 검출되었으며, 이들의 정보는 표 4에 정리하였다. 특히 *Pseudomonas* 속으로
되는 13개의 종을 확인하였으며(그림 46), 이는 LM 미생물이 환경에
방출될 경우, 특정 환경에 적응해 개체군을 유지할 가능성을 시사한다.
더불어, 다양한 T 가능 종의 존재는 식물 유래 외래 유전자
가 주변 미생물로 전달될 가능성 또한 뒷받침한다.

표 8. 수평적 유전자 이동 확률이 높은 미생물 출현 목록

ASV	비오염지 토양(n=3)	모의환경 오염지 토양(n=3)	Class	Order	Family	Genus
ASV03573	0.020	0.000	Gammaproteo- bacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>
ASV02621	0.000	0.020				
ASV03740	0.018	0.000				
ASV04626	0.014	0.000				
ASV04842	0.000	0.014				
ASV05722	0.011	0.000				
ASV05283	0.000	0.009				
ASV05833	0.000	0.008				
ASV05834	0.000	0.008				
ASV06723	0.000	0.006				
ASV06724	0.000	0.006				
ASV07779	0.000	0.005				
ASV10082	0.004	0.000				
ASV00517	0.020	0.036	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>
ASV03047	0.000	0.023				
ASV03700	0.000	0.019				
ASV00976	0.000	0.018				
ASV04492	0.017	0.000				
ASV03690	0.000	0.016				
ASV02525	0.006	0.010				
ASV00774	0.000	0.012				
ASV04819	0.000	0.010				
ASV07618	0.008	0.000				
ASV07936	0.008	0.000				
ASV01431	0.000	0.007				
ASV07213	0.000	0.006				
ASV08054	0.000	0.005				
ASV09918	0.000	0.003				
ASV09895	0.000	0.002				
ASV10617	0.000	0.002				
ASV08314	0.000	0.004	Gammaproteo- bacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Acinetobacter</i>
ASV07473	0.000	0.005	Gammaproteo- bacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	<i>Ralstonia</i>

모의환경 연구에서 미생물 군집의 안정화는 위해성 평가 실험의 신뢰성을 확보하는 데 중요한 과정이다. 본 연구에서는 약 1개월 경과 후 안정적인 미생물 군집이 정착함을 확인하였다. 이러한 안정화는 이후 LMO 도입 시 정확한 상호작용 분석과 T 검출의 기반이 될 것으로 판단된다.

안정화 이후 모의환경 내 LM 미생물 유출 모의 시험을 위해 LMO 개발에 사용된 숙주를 접종하였다. 접종 농도는 10^6 로 약 10 정도를 저압스프레이를 이용해 표면에 살포하였다. 이후 생물다양성 평가를 통해

살펴본 결과 접종균이 접종 이후 감소하여 한달 이후 약 0.012%로 안정적인 수치를 보이는 결과를 나타냈다. 이는 기존의 *Pseudomonas* 속에 속하는들과 유사한 수치이며 0.005-0.019% 이는 환경정화용으로 개발된 LMO가 접종이후 장기간 안정적인 개체군을 유지함을 시사하였다.

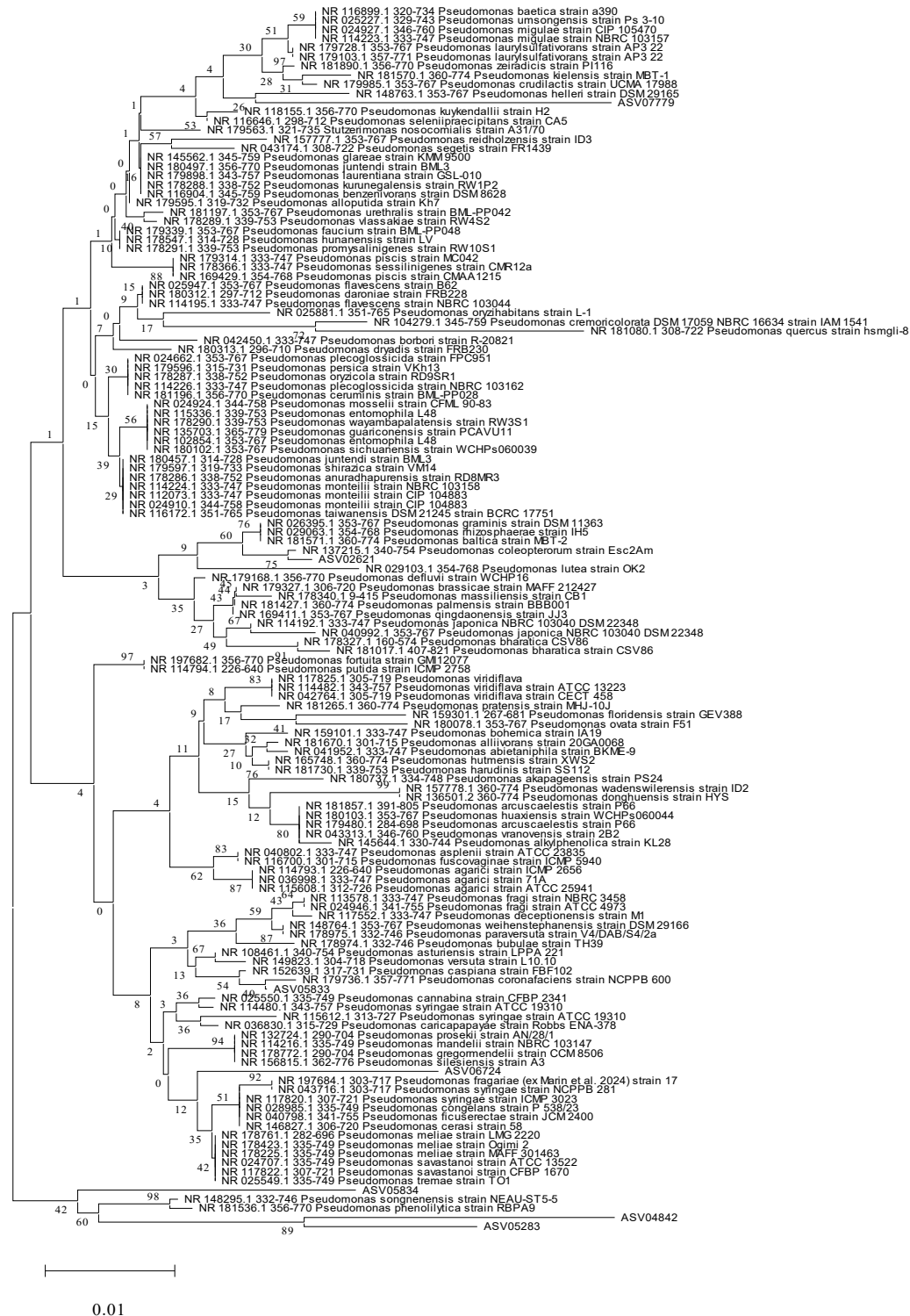


그림 46. 중금속 오염지 모의환경 내 *Pseudomonas*속 ASV 계통도.

향후 과제에서는 본 모의환경에 LM 미생물을 도입하여, 미리 확인된 후 보균과의 T 발생 여부를 추적하고 생물 간 상호작용에 미치는 영향을 세부적으로 평가할 예정이다. 이는 26년까지 수행될 연구 계획의 일환으로, LMO의 환경위해성을 심층적으로 분석하고 생태적 영향을 최소화할 수 있는 평가 체계를 구축하는 데 기여할 것이다.

라. LM 미생물 세부 위해 영향 평가용 환경부 가이드라인 항목 개발

환경정화용 LM 미생물의 환경위해성 평가를 위해서는 생태계에 미칠 수 있는 다양한 영향을 체계적으로 분석하고, 평가 결과를 바탕으로 안전성을 확인해야 한다. 이에 따라 본 연구에서는 환경부 가이드라인 수립을 목적으로, 환경정화용 LM 미생물의 세부 위해성 평가에 필요한 주요 항목 10가지를 선정하고, 각 항목의 필요성과 평가 방법, 평가의 의미를 정리하였다.

1 주요 평가 항목

평가 항목은 유전자변형 미생물의 생존, 증식, 전파 가능성뿐만 아니라, 주변 생물체 및 생태계에 미치는 영향, 수평 유전자 전달 T 가능성, 생태적 기능 변화를 포함하여 다각적인 관점에서 설정하였다. 각 항목은 실험적 검증 가능성과 평가의 과학적 근거를 기반으로 선정되었고, 해당 내용을 표 9에 기재하였다.

표 9. LM 미생물 위해성평가를 위한 세부 평가 항목

평가 항목	필요성	평가 방법	평가의 의미
생존 및 증식 특성	LM 미생물이 환경에서 지속적으로 생존 및 증식할 가능성을 파악하여 유출 시 잠재적 위험성을 평가해야 함.	비변형 미생물(WT)과의 비교 실험을 통해 생장률 및 생존률을 측정.	환경 내에서 LM 미생물의 지속 가능성과 환경 교란 가능성을 평가.
환경 내 전파 가능성	LM 미생물이 환경에서 확산되어 예상하지 못한 지역으로 이동할 가능성을 확인해야 함.	이동성 분석 (e.g., 마커 유전자를 이용한 추적) 및 실험적 방출 후 검출 실험.	LM 미생물이 국소적 활동에 제한되지 않고, 생태계를 교란할 가능성을 예측.
수평 유전자 전달(HGT) 가능성	유전자변형 생물체가 주변 미생물에 유전자를 전달하여 생태학적 영향을 확대할 가능성을 확인해야 함.	LM 미생물과 토양 미생물 간 유전자 이동 분석 (예: PCR 기반 탐지 및 메타유전체 분석).	유전자의 확산 가능성을 평가하여 생태계 내 유전자 안정성을 확인.

평가 항목	필요성	평가 방법	평가의 의미
비표적 생물체에 대한 영향	LM 미생물이 비표적 생물체(예: 곤충, 미생물, 식물)에 미치는 직접적·간접적 영향을 평가해야 함.	비표적 생물체의 생존 및 증식률, 행동 변화를 실험적으로 평가.	LM 미생물이 생태계 구성원의 상호작용에 미치는 부정적 영향을 사전에 파악.
토양 미생물 다양성에 미치는 영향	LM 미생물이 토양 미생물 군집의 구조와 기능적 다양성에 미치는 변화를 평가하여 장기적 생태적 영향을 확인.	토양 미생물의 메타유전체 분석(DNA 시퀀싱 기반) 및 군집 다양성 지표 평가.	LM 미생물이 미생물 생태계의 균형과 안정성에 미치는 영향을 예측.
환경 내 안정성	LM 미생물의 유전적 물질이 환경에서 장기간 잔류하여 잠재적 위험을 초래할 가능성을 평가.	유전자 잔류 분석(예: PCR 또는 시퀀싱) 및 장기 환경 모니터링.	유전자의 안정성과 분해 가능성을 평가하여 환경 잔류 위험성을 판단.
환경 복원 효과	LM 미생물이 실제로 환경정화 목적으로 기대한 효과를 달성하는지 확인.	오염물질 농도 변화, 토양 및 수질 개선 정도 측정.	LM 미생물이 목표 환경에서 기능적 효과를 발휘할 수 있는지 평가.
항생제 내성 유전자 보유 여부	LM 미생물이 항생제 내성 유전자를 보유할 경우, 의료적·환경적 위험성을 증가시킬 수 있으므로 이를 사전에 평가.	항생제 내성 유전자 탐지(PCR 또는 NGS 기반 분석).	LM 미생물의 잠재적 의료적 위험성을 확인하여 안전성을 보장.
기능적 유전자 안정성	도입된 유전자가 예상대로 작동하며 환경에서 변형되지 않음을 확인.	유전자 발현 분석(RT-PCR, 단백질 발현 평가) 및 기능 검증 실험.	도입 유전자의 안정성과 기능성을 보장하여 의도하지 않은 변이를 방지.
생태계 내 상호작용	LM 미생물이 환경 내 다른 생물체와 상호작용하여 생태계 구조에 영향을 미칠 가능성을 평가.	군집 간 네트워크 분석 및 상호작용 실험(예: 미생물-식물, 미생물-미생물 상호작용 평가).	LM 미생물이 생태계의 상호작용 네트워크와 종다양성에 미치는 영향을 이해.

2 평가의 의의

이러한 항목들은 환경정화용 LM 미생물의 환경위해성을 다각적으로 평가하여 안전성을 확보하는 데 필수적이다. 각 항목은 생태계 내 미생물과 환경 간의 상호작용 및 유전적 안정성을 기반으로 평가하도록 설계되었으며, 이를 통해 LM 미생물의 실용적 활용 가능성을 높이면서도 환경 교란을 최소화할 수 있다. 특히, 수평 유전자 전달 가능성, 비표적 생물체에 대한 영향, 그리고 토양 미생물 다양성에 미치는 영향을 정밀히 평가함으로써, 자연 생태계에 미칠 수 있는 예기치 못한 위험 요소를 사전에 파악할 수 있다.

향후, 이러한 항목들은 환경정화용 LMO 미생물의 활용 시 반드시 검토되어야 할 표준 지침으로 발전될 수 있으며, 국가 환경정책 및 국제적 가이드라인 수립에도 기여할 수 있을 것이다.

4. 환경부 자연생태계 통합 위해성평가 체계 구축

가. LMO 도입유전자 구성요소 위치 복제수 등 평가 가이드라인 제시 통합고시 별표 ① 가

환경부 자연생태계 통합 위해성평가 체계 구축은 정부 제4차 LMO 안전 관리계획 2023-2027에 근거하며 기존에 다양한 방식으로 수행되던 자연생태계 위해성평가를 와 같은 생태계의 복잡한 생물상을 평가 할 수 있는 기법을 이용하여 통합 평가하는 체계이다. 본 과제에서는 2023년에 초안을 마련하고, 전문가 검토 및 수정을 거쳐 환경부 이용 환경정화용 LMO 도입유전자 분석 가이드라인 안 을 최종 발간되었다 그림 47.

본 가이드라인은 「유전자변형생물체의 국가간 이동 등에 관한 법률」 이하 LMO법 제 7-2조 신규 유전자변형생물체에 대한 위해성 심사 및 동법 통합고시 별표 10-1의 유전자변형생물체 특성에 관한 자료와 관련하여, 차세대 염기서열 분석법 - , 기술을 이용한 환경정화용 유전자변형생물체 LMO의 도입 유전자 특성 자료에 관한 이론과 작성 지침을 제공한다. 또한, 안전한 LMO 개발, 심사 및 활용을 촉진하기 위해 고려 사항과 권고 사항을 제시하였다. 이 가이드라인은 법적 효력을 가지지 않으므로, 본문 내용과 형식을 반드시 준수해야 하는 것은 아니다. 실제 심사 과정에서는 환경정화용 LMO의 위해성 평가를 담당하는 전문가 심사위원회가 LMO법 통합고시 별표 10-1에 근거하여 추가 또는 보완 자료를 요청할 수 있음을 사전에 알려야 한다.

이 문서는 2024년 10월 현재의 과학적·기술적 사실과 유효한 법규를 토대로 작성되었으므로, 가이드라인에서 제시하는 분석 방법과 관련 매개 변수는 법적 구속력이 없다. 또한, 향후 법규 개정이나 과학 기술의 발전 및 연구 대상의 변화에 따라 추후 변경되거나 달리 적용될 수 있다.

LMO의 특성과 연구 환경에 따라 각 단계에서 유연하게 적용될 수 있는 이 가이드라인은, 실험과 분석 과정에서 발생할 수 있는 다양성을 고려하고 있다. 필요한 경우, 여기서 제공되는 방법과 지침을 바탕으로 실험적 목적에 맞게 적절히 수정·보완하여 사용할 수 있으며, 이는 연구팀의 전문성과

현장 경험을 반영하는 방향으로 수행될 수 있다. 앞서 언급한 것처럼 가이드라인에 담긴 정보와 권장사항은 법적 구속력이 없으며, 실제 심사 과정에서는 각 사례의 특수성과 법적 요구에 따라 전문가의 판단이 반영될 수 있다.

환경정화용 LMO는 환경 오염 문제 해결에 중요한 역할을 할 잠재력이 있지만, 이와 동시에 생태계에 미치는 영향을 세심하게 평가해야 한다. 이 가이드라인은 이러한 평가에 있어 과학적 근거를 바탕으로 한 참고 자료를 제공하며, 특히 를 이용한 유전자 분석에서 발생할 수 있는 오류를 최소화하고 데이터 신뢰성을 확보하는 데 필요한 기본 원칙을 안내하는 데 중점을 두었다. 향후 과학 기술의 발전과 규제 요건의 변화에 따라, 가이드라인의 내용은 업데이트될 수 있다. 연구자와 개발사는 본 가이드라인을 유연하게 활용하여, 환경정화용 LMO의 안전성 평가에 필요한 자료를 작성하고 제출하는 데 실질적인 도움을 받을 수 있기를 기대한다.



환경부 이용 환경정화용 LMO 도입유전자 평가 가이드라인 책자

그림 47. 환경부 NGS 이용 환경정화용 LMO 도입유전자
평가 가이드라인 책자.

1 도입유전자 관련 위해성심사 자료 제출

환경부 LMO 위해성심사 자료 제출 시 도입유전자 항목 관련하여 다음과 같이 위해성평가 자료를 작성할 것을 권장한다. 도입유전자 관련 자료로 기존에 활용하던 서던 블롯 결과 또한 제시 가능하다.

① 유전자변형식물 위해성평가 자료

7. 유전자변형생물체 특성에 관한 자료

가. 유전자변형생물체 내 도입유전자에 관한 자료

(1) 유전자변형생물체 내 도입유전자 구성 요소 확인

NGS를 통해 생성된 리드를 형질전환에 사용된 플라스미드에 매핑하여 플라스미드의 어떤 유전자 구성 요소가 LMO 유전체로 이동하였는지 확인하고 도입 유전자 구성 요소를 분석 결과를 제시한다. 구체적으로는 도입된 염기서열의 완전성 여부, 선발 표지 유전자 및 백본(Backbone) 염기서열의 유무 등을 확인하고, 이를 통해 발생 가능한 변이 또는 예상치 않은 구성 요소에 대한 평가 자료를 제시할 것을 권장한다.

예시) LMO에 단일 T-DNA I 단일 사본이 재배열없이 포함되어 있지만 플라스미드 선발 표지 카세트, backbone 및 T-DNA II 서열이 포함되어 있지 않음을 확인하였다. 또한 삽입된 T-DNA I 서열은 플라스미드의 서열과 일치함을 확인하였다.

① 유전자변형식물 위해성평가 자료

7. 유전자변형생물체 특성에 관한 자료

가. 유전자변형생물체 내 도입유전자에 관한 자료

(2) 유전자의 도입 위치 (염색체 또는 세포 미소기관) 및 염기서열 (숙주 게놈 주변염기서열 포함)

삽입된 도입유전자의 도입 위치(염색체 또는 세포 미소기관) 및 염기 서열 정보는 앞서 확인된 접합부 서열 정보를 이용해 알려진 숙주생물체의 유전체 데이터베이스에 BLAST를 통해 검색하거나 레퍼런스가 불분명 할 경우 주변 염기서열 정보(양쪽 각각 최소 500bp)를 제공할 것을 권장한다. 추가적으로 의도하지 않은 추가 서열 삽입 여부를 확인하고 이에 대한 결과를 제시한다.

예시) LMO 접합부 시퀀스 중 숙주 생물체의 시퀀스를 레퍼런스에 매핑한 결과 숙주생물체의 염색체 8번 부위에 삽입된 것으로 나타났으며 이 위치는 레퍼런스 상 유전자 OOO(transcript)가 위치하였다. Sanger sequencing을 통해 확인된 접합부 주변 염기 서열은 다음과 같다.

① 유전자변형식물 위해성평가 자료

7. 유전자변형생물체 특성에 관한 자료

가. 유전자변형생물체 내 도입유전자에 관한 자료

(3) 도입 유전자의 복제수

도입유전자가 삽입되며 발생하는 접합부(Junction) 서열 분석 결과를 제시한다. 서로 다른 2개의 접합부가 발생할 경우 한개 도입유전자가 삽입되었음을 의미하며 4개의 접합부가 나타날 경우 복제수가 2개임을 보여준다.

예시) LMO에서 2개의 접합부가 확인되어 도입유전자가 단일 사본임을 보인 반면, 대조군에서는 검출되지 않았다. 두 접합부 모두 인접한 게놈서열과 연결된 플라스미드 서열을 포함하고 있어 해당 접합부가 플라스미드로부터 유래했음을 보여주었다.

① 유전자변형식물 위해성평가 자료

7. 유전자변형생물체 특성에 관한 자료

가. 유전자변형생물체 내 도입유전자에 관한 자료

(4) 도입유전자의 검출 및 발현의 확인에 사용된 방법

도입유전자의 검출 및 발현의 확인의 경우 NGS를 통해 확인된 도입유전자 산물에 대한 Western blot 혹은 효소연결면역흡착검사법 자료(Enzyme-linked Immunosorbent Assay, ELISA)와 같은 기법을 활용한다. 이에 구체적으로 사용된 방법을 평가 자료로 제시한다.

① 유전자변형식물 위해성평가 자료

7. 유전자변형생물체 특성에 관한 자료

가. 유전자변형생물체 내 도입유전자에 관한 자료

(5) 도입유전자 안정성에 대한 자료

(가) 도입된 유전자의 복수 세대 동안 후대 안정성

(나) 도입된 유전자의 생장시기(Growth Stage)별, 생장부위(Growth Site)별 복수세대 동안 유전자 수준 변화 확인

도입된 유전자의 복수 세대 동안 후대 안정성의 경우 복수 세대 시료에서 접합부가 동일하게 나타나는지 확인하여 결과를 제시한다. 또한 접합부 서열이 동일한 지 확인하여 제시할 것을 권장한다. 도입된 유전자의 생장시기(Growth Stage)별, 생장부위(Growth Site)별 복수세대 동안 유전자 수준 변화 확인은 위와 같이 NGS를 통해 확인된 도입유전자 산물에 대한 Western blot 혹은 효소연결면역흡착검사법 자료(Enzyme-linked Immunosorbent Assay, ELISA)와 같은 기법을 이용하여 결과를 제시한다.

예시) 복수 세대에서 접합부 수는 예상한 바와 같이 각각 2개씩 확인되었으며 대조군에서는 검출되지 않았다. 복수 세대에서 접합부 서열은 LMO와 동일하게 나타나 단일 도입유전자가 안정적으로 유지되었음을 보여주었다.

① 유전자변형식물 위해성평가 자료

7. 유전자변형생물체 특성에 관한 자료

가. 유전자변형생물체 내 도입유전자에 관한 자료

(6) 유전자변형생물체 게놈에 도입된 유전자가 독소, 알레르겐을 암호화하지 않음을 증명하는 자료

유전자가 독소, 알레르겐을 암호화하지 않음을 증명하는 자료의 경우 NGS를 통해 확인된 도입 유전자 정보를 기반으로 알레르겐 상동성 검색을 수행한다. 데이터베이스는 AllergenOnline, COMPARE, SDAP 2.0 등과 같은 데이터베이스를 기반으로 결과를 제시한다.

또한 추가적으로 평가서 작성시 다음과 같은 자료를 제출할 것을 권장한다.

1. 대조군 및 실험군 정보, 추출 방법 및 퀄리티, 라이브러리 제작 방법, 염기서열생산 플랫폼 정보 등
2. 사용한 키트 및 바이오인포매틱 분석 시 사용된 툴 정보 및 버전
3. 의 염기서열 생산량 , 등 , 퀄리티 정보, T 결과, 정보 등

5. T 파일 . 혹은 이에 상응하는 형식 압축 예 또는 비압축
6. M 혹은 M 파일

해당 자료는 도입유전자 평가의 유효성을 확인할 수 있는 기초 자료로 활용 가능하며 품질 검증, 신빙성, 재현성 등을 확인하기 위해 접근 가능한 파일 형태로 제출할 것을 권장한다.

2 가이드라인 요약

이 가이드라인은 환경정화용 LMO의 안전성 평가를 지원하고, 평가 과정에 필요한 참고 사항을 제공하기 위해 마련된 자료이다. 본 가이드라인은 법적 의무를 부과하는 엄격한 규정이 아니라, 차세대 염기서열 분석을 활용하여 도입유전자에 대한 평가를 수행하고자 하는 연구자와 개발사에게 참고용으로 제공된다. 이를 통해 환경정화용 LMO가 환경 내에서 안전하게 활용될 수 있도록 기본 방향을 제시하고, 평가 절차의 신뢰성을 높이는 데 도움이 되는 정보를 담고자 하였다.

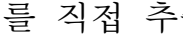
LMO의 특성과 연구 환경에 따라 각 단계에서 유연하게 적용될 수 있는 이 가이드라인은, 실험과 분석 과정에서 발생할 수 있는 다양성을 고려하고 있다. 필요한 경우, 여기서 제공되는 방법과 지침을 바탕으로 실험적 목적에 맞게 적절히 수정·보완하여 사용할 수 있으며, 이는 연구팀의 전문성과 현장 경험을 반영하는 방향으로 수행될 수 있다. 가이드라인에 담긴 정보와 권장사항은 법적 구속력이 없으며, 실제 심사 과정에서는 각 사례의 특수성과 법적 요구에 따라 전문가의 판단이 반영될 수 있음을 미리 고지한다.

환경정화용 LMO는 환경 오염 문제 해결에 중요한 역할을 할 잠재력이 있지만, 이와 동시에 생태계에 미치는 영향을 세심하게 평가해야 한다. 이 가이드라인은 이러한 평가에 있어 과학적 근거를 바탕으로 한 참고 자료를 제공하며, 특히 를 이용한 유전자 분석에서 발생할 수 있는 오류를 최소화하고 데이터 신뢰성을 확보하는 데 필요한 기본 원칙을 안내하는 데 중점을 두었다.

향후 과학 기술의 발전과 규제 요건의 변화에 따라, 가이드라인의 내용은 업데이트될 수 있다. 연구자와 개발사는 본 가이드라인을 유연하게 활용

하여, 환경정화용 LMO의 안전성 평가에 필요한 자료를 작성하고 제출하는데 실질적인 도움을 받을 수 있기를 기대한다.

나. 기반 나노포어 기술 실시간 자연생태계 생물다양성 평가 시스템 개발

2022년 과제에서는 나노포어 시퀀싱을 통해 다양한 식물 부위의 미생물 군집을 분석하여 생물다양성 평가를 수행하였다. 이를 통해 식물 근권 및 상부 부위에서 미생물 군집 구성이 차별화되어 있다는 점을 확인하였고, 근권에서는 , M , 등이, 상부에서는 , - , 등이 우점하는 것으로 나타났다 국립생태원, 2022. 이 같은 결과는 향후 생태계 내에서 LMO 유출에 따른 영향을 평가하는 데 중요한 기초 자료로 활용될 수 있을 것이다. 이후 2023년 과제에서는 나노포어 기술을 이용한 LMO 도입유전자 검출 시스템을 구현하였다 국립생태원, 2023. 2024년 과제에서는 이러한 연구 결과를 바탕으로, 현장에서 실시간으로 생물다양성을 평가할 수 있는 포터블 시스템을 개발하는 단계로 나아갔다. 이 시스템은 LMO 유출지와 같은 생태학적 위험 지역에서 환경 를 직접 추출하여 현장에서 바로 시퀀싱할 수 있는 장비를 포함하고 있으며, 나노포어 기술의 이동성과 빠른 분석 속도를 최대한 활용하였다. 이를 통해 전통적인 연구실 기반 생물다양성 평가 방식을 현장에서 실시간으로 적용할 수 있는 형태로 개선한 것이다.

포터블 시스템 개발은 현장 테스트를 통해 실효성을 검증하였다 그림 49. LMO 유출 가능성이 있는 지역에서 환경  샘플을 채취하여 현장에서 바로 분석을 진행하였으며, 실험적 결과로 시스템이 유출 지역 생물다양성의 변화를 신속하게 탐지할 수 있음을 확인하였다. 현장에서의 실시간 분석은 기존 연구실 분석 대비 빠르게 데이터를 얻을 수 있는 장점이 있으며, 특히 실험 환경의 통제에서 벗어나 현장의 미생물 다양성을 더욱 정확하게 반영하는 데이터를 확보할 수 있었다. 하지만 현재 프로토타입 개발 상태로 고성능 노트북 및 분석 파이프라인의 추가적인 보완이 필요하다.

또한, 본 시스템의 개발은 LMO 유출과 같은 긴급 상황에서 신속한 대응이 가능하게 한다는 점에서 큰 의미가 있다. 예를 들어, 특정 유전자 변형 생물체가 유출되었을 때 생물다양성에 미치는 영향을 즉각적으로 평가하고 관리할 수 있는 기초 자료를 제공할 수 있다. 이러한 현장 기반 평가 시스템은

미생물 군집 변화가 생태계 내 다른 생물군에 미치는 영향을 예측하는 데 중요한 역할을 할 수 있으며, 조기 경고 체계로도 기능할 수 있다. 이를 통해 신속한 의사결정과 사후 관리 방안을 마련할 수 있어, 생태계 보호 및 환경위해성 관리 측면에서 중요한 기여를 할 수 있을 것이다.



그림 48. 실시간 자연생태계 생물다양성 평가 시스템(프로토타입)

향후 이 시스템을 보완하여 실용화하는 과정에서는 정확도와 분석 속도를 더욱 향상시키기 위해 지속적인 기술 개선이 필요할 것이다. 특히, 현재의 10 나노포어 셀을 도입하여 시퀀싱 정확도를 높임으로써, 현장에서 더욱 정밀한 데이터 수집이 가능해질 것이다. 또한, 데이터 처리 및 해석을 위한 분석 툴을 현장 환경에 최적화하여, 분석의 정확성을 유지하면서도 사용자가 손쉽게 조작할 수 있도록 하는 것이 과제로 남아 있다. 이를 통해 시스템이 다양한 생태계 환경에서 적용 가능하도록 발전시키고자 한다.

본 연구의 결과는 단순히 LMO 유출지 모니터링에 그치지 않고, 전반적인 생태계 보존을 위한 생물다양성 모니터링 시스템으로 확대 적용될 수 있는 가능성을 시사한다. 특히 기후 변화로 인해 생태계의 동적 변화가 가속화되고 있는 현 상황에서, 다양한 생물군의 변화를 실시간으로 추적할 수 있는 도구로 활용될 수 있다. 결과적으로, 환경위해성 평가 및 생태계 모니터링의 패러다임 전환을 이끌어내며, 향후 다양한 국가 및 연구기관에서 본 시스템을 활용한 생물다양성 모니터링을 진행할 수 있는 기초 자료로서 활용될 수 있을 것이다.

이번 연구를 통해 개발된 나노포어 기반의 현장 생물다양성 평가 시스템은 환경위해성 평가와 생물다양성 모니터링에 혁신적인 도구로서의 가능성을 보였으나, 현재 기술의 한계로 인해 일부 제한이 존재한다. 이러한 한계점에 대해 다음과 같이 고찰하고자 한다.

첫째, 최신 나노포어 셀 10 기반의 시퀀싱 장비는 실시간 데이터 처리와 고해상도 시퀀싱을 지원하기 위해 고성능 및 데이터 처리 장치가 필수적이다. 그러나 현장용 시스템으로 이를 구현하는 데는 몇 가지 어려움이 따른다. 고성능 을 장착한 이동식 노트북은 현재까지는 한정된 모델만이 지원 가능하며, 대체로 고가의 장비로 구비가 어려울 뿐만 아니라, 현장에서의 사용에 적합한 휴대성과 내구성을 갖추기 어려운 상황이다. 또한, 고성능 와 관련 장비는 많은 전력을 소모하기 때문에, 전원 공급이 제한적인 현장에서는 사용이 제한적일 수밖에 없다. 이러한 이유로, 현재 현장 시스템에서는 최신 고성능 나노포어 셀의 최대 성능을 온전히 발휘하지 못하고 있으며, 이로 인해 시퀀싱 정확도가 낮아질 가능성이 있다.

둘째, 나노포어 시퀀싱은 표준화된 연구실 환경에서는 비교적 정확한 시퀀싱 결과를 제공하나, 현장에서는 시료의 종류와 추출 조건에 따라 성능이 크게 달라질 수 있다. 특히 현장에서 직접 환경 를 추출할 때, 토양 및 식물 근권 시료와 같이 복잡하고 이질적인 조성의 시료는 불순물 제거가 충분히 이루어지지 않아 순도와 수율이 낮아질 가능성이 있다. 이러한 문제는 시퀀싱 결과의 신뢰도와 분석 결과에 영향을 미칠 수 있으며, 표준화된 환경과 동일한 품질의 데이터를 얻기 어렵게 한다. 즉, 복잡한 시료를 현장에서 직접 처리할 때는 추출 과정에 더 많은 시간이 소요되거나, 경우에 따라 분석 결과의 신뢰성이 떨어질 수 있다.

셋째, 현장 시스템에서 수집된 1차 데이터를 즉시 해석할 수 있는 맞춤형 데이터 분석 프로그램의 부재 또한 주요 한계점으로 지적된다. 나노포어 시퀀싱 데이터는 기본적으로 높은 데이터량과 빠른 데이터 생성 속도를 가지기 때문에, 실시간으로 분석을 수행하기 위해서는 자동화된 고효율 데이터 해석 프로그램이 필수적이다. 현재 연구에서는 수집된 데이터의 처리와 분석에 외부 소프트웨어와 다수의 단계가 필요하지만, 현장 실시간 분석을 위해서는 모든 단계가 통합된 맞춤형 프로그램이 필요하다. 이를 통해 현장 담당자들이 전문적인 생물정보학 지식 없이도 신속하게 결과를 확인할 수 있도록 하는 것이 중요하다. 맞춤형 프로그램 개발이 이루어지지

않은 상태에서는, 결과 해석이 지연되거나 분석 오류가 발생할 가능성이 있어 현장 상황에서 즉각적인 의사결정에 어려움을 초래할 수 있다.

향후 이러한 한계점을 보완하기 위해, 저전력 소모형 고성능 의 개발과 전원 공급이 어려운 지역에서도 사용할 수 있는 자가 전력 생산 장치의 도입이 필요할 것이다. 또한, 복잡한 시료에 적합한 간편한 추출 키트 및 프로토콜 개발이 요구되며, 데이터 해석을 자동화하고 효율적으로 통합할 수 있는 현장 맞춤형 소프트웨어 솔루션의 구축이 필수적이다.

IV. 결론 및 제언

본 연구 과제는 국내 수입·승인된 LMO의 99%를 차지하는 단백질 기반 LMO의 환경위해성을 체계적으로 평가하기 위한 과제로, 환경부의 자연생태계 위해성평가 체계 구축 및 관련 가이드라인 개발을 목표로 한다. 환경위해성이란 LMO가 환경에 방출되거나 유출될 경우 생물다양성 보전과 지속 가능한 이용에 미칠 부정적인 영향을 의미하며, 최근 비의도적인 환경 유출 및 유전자 오염 사례가 지속적으로 보고되면서 이에 대한 관심과 우려가 증가하고 있다.

특히, 2022년 제15차 유엔 생물다양성회의 O 15 에서 채택된 쿤밍-몬트리올 글로벌 생물다양성 프레임워크 는 생물다양성 보전과 지속 가능한 이용을 위한 전 지구적 전략을 제시하였으며, 그 실천 목표 중 하나인 T17은 LMO의 안전관리와 생물다양성에 미치는 영향을 다룰 예정이다. 이는 기존 생물다양성협약 조 와 유사한 원칙을 기반으로 하고 있으며, 앞으로 각국의 생물다양성 정책과 연계되어 구체적인 실행 방안이 수립될 것으로 보인다. 이러한 글로벌 동향은 국내 LMO 관리 체계에도 영향을 미치며, 보다 정교하고 과학적인 위해성평가 체계의 필요성을 강조하고 있다.

국내에서 수입·승인된 대부분의 LMO는 식품용·사료용·가공용 단백질 기반 LMO로, 환경 방출을 전제로 하지 않고 LMO법 제2조제4호, 소규모 비의도적 환경 유출 을 고려한 수준에서 평가되고 있다. 그러나 최근 환경 방출을 목적으로 한 환경정화용 LMO의 개발이 활발히 이루어지고 있으며, 이러한 유형의 LMO는 기존 LMO와 달리 자연 생태계를 대상으로 하는 심층적 환경위해성평가가 필요하다. 환경 방출 LMO는 기존 평가 체계만으로는 잠재적 환경 영향을 충분히 평가할 수 없으므로, 이를 위한 새로운 평가 기법과 관리 체계가 필수적이다.

국내에서는 현재 LMO 환경위해성평가의 명확한 가이드라인 부재로 인해 다국적 LMO 개발사, 환경부 위해성심사위원회, 관계 기관에서 연구 및 지침 개발에 대한 요구가 꾸준히 제기되고 있다. 특히, 최근 국제적 논의에서 LMO와 관련된 책임과 복구 L 원칙이 주요 이슈로 부각되고 있어, 국내에서도 이를 반영한 정책 수립 및 법적 근거 강화가 필요한 상황이다. 이러한 원칙은 LMO의 비의도적 환경 유출로 인한 생태적 피해에 대한 책임 소재를 명확히 하고, 복구 방안을 마련하는 데 중점을 둔다. 이는 유엔 생물다양성협약과 나고야-쿠알라룸푸르 보환의정서의 주요 의제로, 향후 국내 환경위해성평가 체계에도 반영될 가능성이 크다.

본 연구는 이러한 정책적·학술적 요구에 부응하여 「유전자변형생물체의 국가간 이동 등에 관한 법률」 통합고시 별표 10-1 위해성평가자료 중 생물다양성 관련 항목 별표10-1 ①- 3, ①-9, ②-7-다 과 도입유전자에 관한 자료 ①-7, ②-5-나 를 우선적으로 검토하였다. 이를 기반으로 국내 자연 생태계를 대상으로 한 환경위해성평가 기법을 개발하고, 기초 연구 결과를 확보함과 동시에 관련 가이드라인을 마련하였다.

특히, 본 연구에서는 최신의 기반 생물다양성 분석을 기반으로 기존 평가 방식의 한계를 보완하였다. 이러한 과학적 접근은 LMO와 주변 생물군 간의 상호작용과 생태적 영향을 보다 정밀하게 평가할 수 있는 기틀을 마련한다. 연구 결과는 향후 단백질 기반 LMO 뿐만 아니라 환경정화용 LMO의 안전한 개발과 관리뿐만 아니라, 국제적 기준에 부합하는 국내 환경위해성평가 체계 구축에 기여할 것이다. 나아가, 생물다양성 보전 목표와 연계하여 지속 가능한 생태계 관리 방안을 수립하는 데 중요한 과학적·정책적 기반을 제공할 것으로 기대된다. 연구를 통해 도출된 결과는 다음과 같다.

1. 현재까지 다양한 작물에 대한 위해성 협의 심사가 진행되었으며, 대부분 -LMO에 초점을 맞추고 있다. 그렇기 때문에 실제 환경 방출을 목적으로 하는 LMO의 경우는 별도의 심층적 평가가 요구된다. 이에 따라 본 과제에서는 주요 국가들의 LMO 위해성 심사제도를 분석하고 위해성심사 지침 안 을 제시하였다. 또한 국제 동향을 조사하여 위해성 평가시 환경 마이크로바이옴 적용 가능성과 시사점을 제시하였다
2. 단백질 기반 LMO 식물의 자연생태계 유출지 모의환경 위해성 평가를 통해 군산시 내초동 유전자 오염지에서 LMO 잣이 주로 운송로와 같은 제한된 환경에서 확산되었으며, 자연생태계로의 확산은 미미한 수준임이 확인되었다. 형태학적 비교에서는 유전자 변형 잣과 야생형 잣 간에 유의미한 차이가 관찰되지 않았다. 그러나 미생물 군집 분석에서는 LMO가 특정 부위에서 미생물 군집 구조와 풍부도에 영향을 미치는 것으로 나타났으며, 특히 꽃과 잎 부위에서 박테리아 군집의 불균일성이 증가했다. 곤충 마이크로바이옴 연구에서는 LMO가 일부 곤충의 장내 미생물 군집에 변화를 유발하며, 이는 생태계 내 상호작용에 미칠 잠재적 영향을 보여주었다. 모의환경 실험에서는 LMO와 야생형 잣 간 성장 차이는 없었으나, 도입 유전자가 안정적으로 후대에 전이될

수 있음을 확인하였다. 자연생태계와 모의환경에서의 연구는 각각 다른 장단점을 지니며, 자연생태계에서는 다양한 생물적 상호작용과 경쟁 요인이 도입 유전자 확산을 제한할 수 있음을 나타냈고, 모의환경에서는 특정 변수에 대한 통제된 평가가 가능했다. 이는 유전자 오염 가능성과 관련하여 보다 정교한 관리와 모니터링 체계가 필요함을 시사한다. 본 연구는 LMO의 환경적 영향을 평가하기 위해 자연생태계와 모의환경 연구를 상호보완적으로 활용해야 함을 보여주었다. 자연생태계에서는 생물적 상호작용과 환경적 요인을 포함한 포괄적 평가가 필요하며, 모의환경에서는 도입 유전자의 직접적인 영향을 확인할 수 있다. 향후 다양한 생물군과의 장기적인 상호작용, 도입 유전자의 환경적 확산 빈도와 영향을 정량적으로 평가하여 생태계 교란 가능성을 최소화하는 관리 방안을 마련해야 할 것이다. 이를 통해 LMO의 환경 위해성을 보다 신뢰성 있게 평가하고, 생태적 안전성을 확보할 수 있을 것으로 보인다.

3. 단백질 기반 환경정화용 LM 미생물의 유출지 모의환경 위해성 평가 연구 결과, 일반 배지와 카드뮴 조건에서 유의미한 생장 차이가 나타나지 않았다. 이는 1 단백질의 작용 한계, WT의 내재적 카드뮴 저항성, 실험 조건에 따른 유전자 발현 제한 등이 영향을 미쳤을 가능성을 시사하며, 중금속 농도가 유전자의 효과적 작용 한계 내에 있어야 한다는 점을 보여준다. 모의환경 연구에서는 LM 미생물이 안정적으로 개체군을 유지하며 *Pseudomonas*와 *Acinetobacter* 등 T 가능성이 높은 미생물과의 상호작용이 관찰되었고, 유전자 전달 가능성을 뒷받침하는 결과를 확인하였다. LM 미생물의 T 가능성은 생태계 교란 가능성을 내포하므로, 이를 평가할 때 다중 유전자 변형 접근과 장기적 생태적 영향을 고려해야 한다. 향후 연구에서는 다양한 카드뮴 농도에서 LM 미생물과 WT의 성장 패턴과 1 단백질의 발현 및 기능을 정밀히 분석하고, T 가능성을 정량적으로 추적하여 생태계 안정성을 보장할 관리 전략을 수립해야 한다.
4. 환경부는 제4차 LMO 안전관리계획 23-27에 따라 자연생태계 통합 위해성평가 체계를 구축하기 위해 기반 평가 방법을 도입하였다. 이를 통해 이용 환경정화용 LMO의 도입유전자 평가 가이드라인 초안을 2023년 발표하고, 2024년 최종 발간하였다. 가이드라인은 도입 유전자 구성, 위치, 복제수 및 발현 안정성을 분석하기 위한 표준 절차를

제시하였다. 또한 나노포어 기술을 활용해 생물다양성을 평가할 수 있는 포터블 시스템을 개발하였다. 해당 시스템은 현장에서 실시간으로 LMO 유출지의 생태학적 변화를 평가할 수 있는 도구로 활용 가능성을 확인하였다. 본 시스템을 다양한 생태계 환경에 적용하고, 생물다양성 모니터링 및 환경 위해성 평가의 실용화를 추진할 수 있을 것이다. 이를 통해 환경정화용 LMO의 안전성을 확보하고, 생태계 보호 및 관리에 기여하는 통합 평가 체계를 구축할 수 있을 것으로 기대된다.

참고문헌

- 국립생태원. 2021 . 2021년 단백질 기반 LMO의 환경위해성 연구. 국립생 태원,
서천. -법정연구-2021-10.
- 국립생태원. 2022 . 2022년 단백질 기반 LMO의 환경위해성 연구. 국립생 태원,
서천. -법정연구-2022-10.
- 국립생태원. 2023 . 2023년 LMO 자연환경 모니터링 및 사후연구. 국립생태원,
서천. -법정연구-2023-07.
- 국립생태원. 2023 . 2023년 단백질 기반 LMO의 환경위해성 연구. 국립생 태원,
서천. -법정연구-2023-10.
- 한국바이오안전성정보센터 2017 . 2017 바이오안정성백서
- , . , 2003 .
- , 29, 1403-1415.
- , ., L , ., M. . 2013 . TL
- . , 64 6 , 1745-1753.
- , . , 2000 .
- , 27 1 , 2-12.
- , . , O , M. . 2007 . -
- . , 22- .
- , ., M. , ., ., ., ., .
- , ., ... , . . 2019 . , ,
M 2.
- , 37 , 52- 57.
- , ., M M , ., , M. , , . W., , . .
. , . . 2016 . 2 -
- . , 13 7 , 5 1-5 3.
- , ., M. M., , , , , .
... , . 2023 . T

, 7 2 , 172-173.
 , . , , . , L , . . 2022 . O
 . M ,
 13, 920759.
 , , , , , , ...
 , . 2024 .
 .
 , 21 2 , 602 .
 , M., Lü , . , . 2020 . -
 . , 15, 1-29.
 , . , . 2014 . T
 - 9. , 346 6213 , 125 096.
 , . . 2015 . M
 . , 60 1 , 17-34.
 , . , . 2004 .
 - - .
 , 33 3 , 06- 15.
 , ., M , . , M , . . 2012 .
 .
 , 109 27 , 11002-11007.
 , , , ., L , ., L , ., O , ., ... T , .
 2009 . - .
 , 323 5910 , 133-13 .
 , ., M í - , M., ó - é , . M., , ., M ó ,
 M. . 2004 . 1-
 90 T 911. , 577 3 ,
 322-326.
 , . . 2005 .
 .
 , 27 9 , 1517-1523.

, „ , „ , „ , „ W , „ L , . 2024 .
6-2 . ,
00 45-24.
, . M., , . „ , . „ , . „ , . „
, . . 2010 .
.
107 , 3606-3610.
, . „ L - , „ , „ W , . W.,
, . „ ... , M. T. 201 .
. M , 6 1 , 1-10.
, . „ , . „ , „ W , . „ W , . „
O , . . 200 .
16 .
, 74 , 2461-2470.
, . „ W , „ M , . . 2009 .
, 41 10 , 2031-2037.
ó - , M. T., , „ , . M., , L., , M.,
, . 2012 . M
. W , , ,
223, 3249-3262.
, L., , „ W , „ , L., , „ W , . 201 .
- 007 1
, 4 4 , 12430.
, „ , . 2006 .
,
20 6 , 1620-1625.
ö , „ , „ , . T., , . „ , „ T ,
W. 2014 . -
— -
, 472, 662-671.

, . . , T. M., , . L., , .
. 201 .

. , 52 4 , 2314-2322.

, . 2013 . 16 M .
16 M
, 1, 2 .

2017 . M 2017
22

. , 53, 25-26.

201 . M 201
M
, 54.

, M., O , . . , . M. 2016 . T O
M O .

, 17, 1-11.

, . . , . . - , . 2012 .

. , 14 1 , 1- 7.

, . 200 . MO .
, 7 3 , 123-149.

, . L., , . . L. 2016 .
.

, 26 12 , 1721-1729.

, . M , . . 200 .
M .
.
- , 15, 322-331.

, . . , T., , M., , . M , .
, T. ., ... W , M. 2015 .
- . ,
, 214, 96-106.

-W , . „ , . „ M , T. „ , . „ ,
. „ L , . . 2016 .

, 104 5 , 1299-1310.
, . „ , „ , . . 2020 . T

- .

T , 29 5 , 4 7-49 .

L , W. „ L , L. „ , . . 2000 .

, 6 5 ,
75- 99.

L , . 201 . M 2 .
, 34 1 , 3094-3100.

L , „ , „ M , „ , M., , „ , . „ ... ,
. 2021 .

1 .

, 271, 116271.

L , „ , „ L , „ , „ W , „ W , „ ... , . 201 .
2- M -
. W

M , 34, 1-10.

L , „ , . „ T , „ , . L. 2017 .

, 3, 104.

L , . „ , „ M , „ , . „ , . L.
2013 . - .

, 10 10 , 999-1002.

M , . „ M , M. „ M 2024 , .M.
M .

L , , .

M í - í , „ L , . 2011 .

- -

T2440.

, 13 10 , 2702-2716.

M M , . . , . . . 2020 . T

M 11 5621 1.

M , . , . , . á , . , . M , . , T. 2020 .

, 1 6 , 1 061.

M , . . 1999 .

, 17 11 , 1042-1043.

M , . , . , . , . . 2023 .

M , 11 11 , 2665.

M , . . , . W., M , . . 2009 . M , , 30 , 909-920.

, . . , L , . . , T , . . . - , . , T. . , . , . . 2019 . T T

, 47 1 , 259- 264

, . , . , . , M. . 2013 . , 1 129.

, . . , O. O., , . L., , L. , , . . 2020 .

, 2 4 , 3 4-3 9.

, . , . , . , T., , . , . 100 - ö , . O. 2012 . T L

, 41 1 , 590- 596.

, . , M., M , . 2010 .

W .

, 50 2 .

, „ , . . 2015 .

, 13 5 , 27 -2 9.

í - é , „ , L., , . 2021 . L T

- 16 .

, 37 11 , 1600-1601.

, . M., , . „ , M. . 2019 . , ,

, ,

, 17, 00547.

, . . „ , „ L , „ , „ M , . . „ ,

„ , . 2019 .

, 7, 7346.

á , M. „ , „ , „ , „ ó , „ , „

, . 2016 . O 11

.

, 14 2 , 625-637.

, . „ , . 2009 . -

, ,

, 66 2 , 334-340.

, M., L , . 2012 .

, 5 6 15 , 2199-2206.

, M., , T., , „ O , T., , . 2005 . L

2 T 4676

-

.

, 67, 370-3 2.

T , . „ , „ , . „ T , L. . 2020 .

.

, 4 4 , 291-302.

T , T., , ., L , ., , ., L , L., , . 2019 .
- L.

M , 106, 246-252.

T , . M., , . ., , . L., , . ., L , . .,
M , . ., , . . 19 9 . T

., 70 2 , 29 -315.

T , . M., , . ., , . L., , . ., L , . .,
M , . ., , . . 19 9 . T

., 70 2 , 29 -315.

T , . ., , . ., , . L. 2024 .

., 19 5 , 02954 9.

T , . M., , M. ., , ., , ., , .,
T , . ., ... , . 2017 .
., 156,
1 - 33.

W , . ., , . ., , L. M. 2009 . , ,
., 116 1 , 72-99.

W , ., , ., L , M., , . 2013 .

W , . . 1996 . T

-

., 9 6 , 737-752.

W , . ., L , ., L , . 2019 .
2. , 20, 1-13.

, ., , . M., , L., , ., , ., , ., ... ,
M. 2017 . M

.

, , 663.

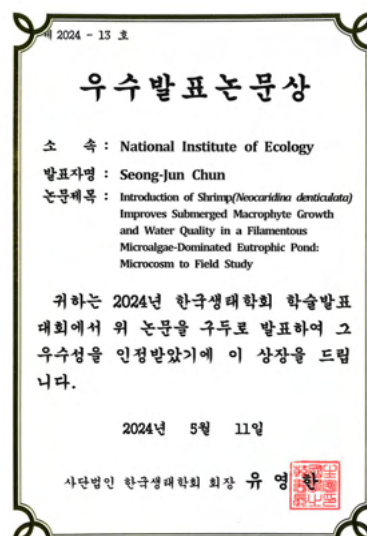
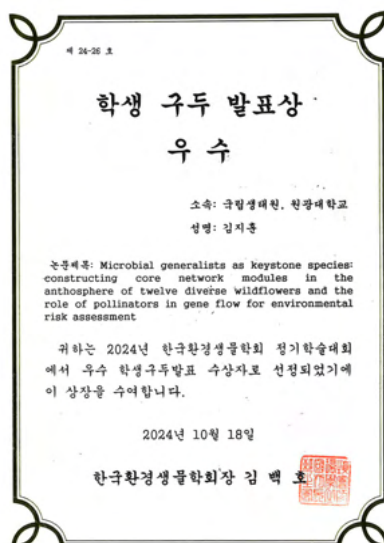
, „ T , „ M , . 2016 .
 .
 , 50 4 , 335-343.
 , O., L - í , M., , . „ á - , .
 . 2012 .
 . , 7 11 , 4 716.
 , „ , M., , M., Mü , . „ - , M.
 „ , . „ , . 201 . 9
 . , 9, 145.
 , „ M , „ , „ , „ , . 2022 .
 L
 . , 13 1 , 2037.
 , „ L , „ L , „ , „ , . 2021 .
 09 034
 . , , 67 5 .

부록

1. 연구 결과 활용

논문발표

1. , , , , . , L , . W., , . . M
 . n ironmental icrobiome
 분야 상위 10%
2. , , , . , L , . W., , . . 2024 . W
 .
litura L . ata in Brie 111127.
3. 2024년 한국생태학회 학술대회 참석 및 구두 발표 2건
 - 우수구두발표상 책임자 천성준
4. 2024년 한국환경생물학회 정기학술대회 참석 및 구두 발표 2건
 - 우수 학생구두 발표상 수상 실무자 김지훈



연구책임자 및 실무자 학회 발표 및 수상

- 5 교육 강연 4회 총 50명 1 충북대학교 대학원생 대상 LMO 안전관리 정책 및 환경위해성평가 교육, 2 경상국립대학교 대학원생 대상 LMO 위해성평가 통계분석 전문 교육, 3 국립해양생물자원관 LMO 안전관리 교육, 4 재 경상남도환경재단 환경교육활동가 역량강화 과정 LMO의 환경위해성, 5 군산대학교 생명과학과 대상 교육



단백질 기반 LMO 위해성평가 연구결과 강연 및 교육

- 6 전문가패널 활동 환경마이크로바이옴 관련 브리핑 작성

KBCH 브리핑
KOREA BIOSAFETY CLEARING HOUSE

KBCH 브리핑은 바이오 분야 국제협약(생물다양성협약, 카르타헤나 의정서, 나고야 의정서 등)에서 다루어지고 있는 현대생명공학기술(유전자변형기술, 유전자가위기술, 합성생물학 등)과 관련된 연구개발·산업, 정책·제도 등에 대해 국내외 뉴스, 보고서 등을 참고하여 작성하였습니다. 본 자료를 인용할 경우 출처를 아래와 같이 명기해 주시기 바랍니다.

- 출처표기: 천성준, "EFSA의 위해성평가에 환경 마이크로바이옴을 통합하기 위한 로드맵" 주요 내용 검토 및 시사점, KBCH브리핑(2024-15), 한국바이오안전성정보센터

2024-15 (2024년 9월 27일) www.biosafety.or.kr	“EFSA의 위해성평가에 환경 마이크로바이옴을 통합하기 위한 로드맵” 주요 내용 검토 및 시사점
	본 브리핑은 2024년 2월 발표된 EFSA에서 발표한 ‘환경 마이크로바이옴을 위해성평가에 추가하기 위한 로드맵’의 관련 배경 및 주요 내용을 검토하고, 시사점을 도출하였음 ※ 주요 출처: Debode, Frédéric, et al. "Roadmap for the integration of environmental microbiomes in risk assessments under EFSA's remit." EFSA Supporting Publications 21.2 (2024): 8602E.
	작성자: 국립생태원 천성준 박사

KBCH 전문가패널 활동: 환경마이크로바이옴 관련 KBCH 브리핑 작성

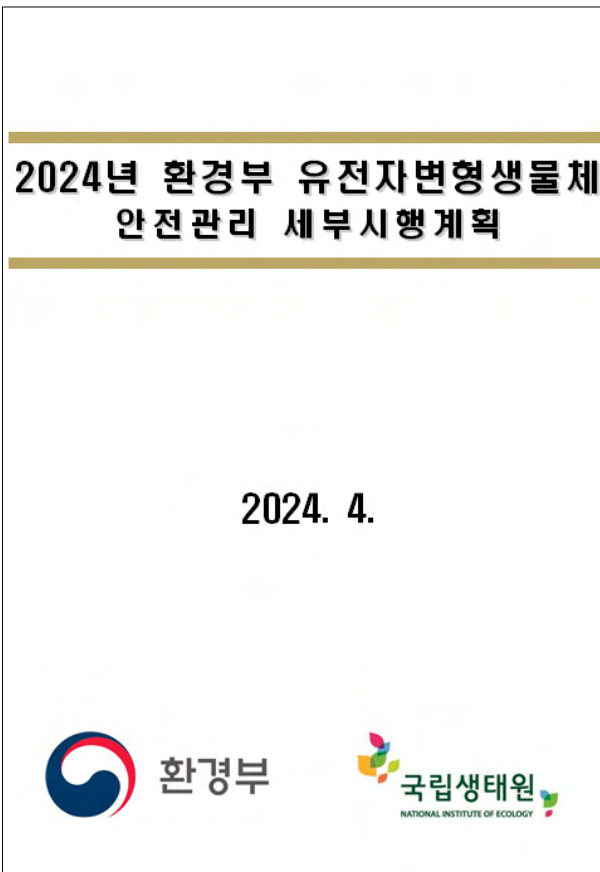
- 7 콘텐츠 3건 1 위해성평가기술이용 연구 협업 결과 원내 전시, 2 환경부 이용 환경정화용 LMO 도입유전자 평가 가이드라인 발간, 3 단백질 기반 LMO 환경위해성 연구 홍보 영상 마이크로바이옴 기반 LMO 환경 위해성평가



위해성평가기술이용 연구 협업 결과 원내 전시, ‘환경부 NGS 이용 환경정화용 LMO 도입유전자 평가 가이드라인’ 발간, 단백질 기반 LMO 환경위해성 연구 홍보 영상

정책 활용

- 제4차 환경부 LMO 안전관리 계획 23 27 이행
- 2024년 환경부 LMO 안전관리 세부시행계획 수립
- 2025년 환경부 LMO 안전관리 세부시행계획에 반영 예정



2024년 환경부 LMO 안전관리 세부시행계획 수립·이행

사사 증빙

1 M 24.12예정

Funding[↵]

We would like to thank the National Institute of Ecology (NIE) funded by the Ministry of Environment (MOE) of the South Korea (Grant Number: NIE-A-2024-10; NIE-A-2024-04; NIE-A-2024-11).[↵]

2 , 2024. 57, 111127.

Acknowledgments

This research was supported by the National Institute of Ecology (NIE) funded by the Ministry of Environment (MOE) of the Republic of Korea ([NIE-A-2024-10](#); [NIE-A-2024-04](#); [NIE-A-2024-11](#)).