

**유전자변형 옥수수 MZHGOJG
안전성 심사결과 보고서**

2017. 10. 20.



식품의약품안전처

식품의약품안전평가원

<차례>

I. 요약	3
II. 심사경위	4
III. 심사경과	4
IV. 심사방법	4
V. 심사 신청 자료 검토	4
1. 유전자변형농축수산물의 개발목적 및 이용방법	5
2. 숙주	5
가. 분류학적 특성	5
나. 재배 및 품종개량의 역사	5
다. 이미 알려져 있는 독성, 알레르기 유발성 또는 병원성 외래인자와 관련성	5
라. 안전한 식경험의 유무	6
3. 공여체	6
가. 분류학적 특성	6
나. 안전한 식경험의 유무, 식품용 이외의 노출 경로	6
다. 공여체 및 근연종의 독성, 항영양성, 알레르기성	6
4. 유전자변형	7
가. 형질전환과정에 대한 정보	7
나. 도입 유전자에 대한 정보	8
5. 유전자변형농축수산물의 특성	11
가. 유전자변형농축수산물 내 도입된 유전자에 관한 정보	11
나. 유전자산물에 관한 정보	12
다. 독성	14
라. 알레르기성	15
마. 숙주와의 차이	16
바. 유전자산물이 대사경로에 미치는 영향	17
사. 식품용으로서의 저장 및 가공에 관한 설명	18
아. 외국의 식품유통 승인 및 식품용 등의 이용 현황	18
6. 심사신청 자료 검토 결과	18
7. 기타	18
[붙임] 영양성분 분석 자료	19

유전자변형 옥수수 MZHG0JG

안전성 심사결과 보고서

I. 요약

신젠타코리아는 글리포세이트 및 글루포시네이트 제초제내성을 나타내는 유전자 변형 옥수수 MZHG0JG에 대해 식품의약품안전처에 안전성 심사를 신청하였고, ‘유전자변형식품등 안전성 심사위원회’(이하 ‘심사위원회’라 한다)는 「유전자변형 식품등의 안전성 심사등에 관한 규정(이하 ‘심사규정’이라 한다)」에 따라 안전성을 심사하였다.

MZHG0JG는 *mepsps-02* 및 *pat-09* 유전자 도입을 통한 mEPSPS 및 PAT 단백질 발현으로 제초제인 글리포세이트 및 글루포시네이트에 내성을 나타내는 옥수수이다.

MZHG0JG에 도입된 *mepsps-02* 및 *pat-09* 유전자는 southern blot을 통해 5세대에 걸쳐 안정적으로 유지되는 것이 확인되었다.

mEPSPS 및 PAT 단백질은 인공위액 및 인공장액에서 빠르게 분해되었으며, 물리화학적 처리(열안정성)에 쉽게 불활성화 되는 것으로 나타났다.

기존에 알려진 독소와의 유사성을 알아보기 위해 NCBI 단백질 데이터베이스(2015) 및 Syngenta Toxin 데이터베이스(2015)를 이용하여 독소 및 항영양소의 아미노산 서열과 mEPSPS 및 PAT 아미노산 서열을 비교 분석한 결과, 서열 상동성이 없는 것으로 확인되었다. 또한 mEPSPS 및 PAT 단백질에 대한 마우스 단회투여 독성 평가 자료를 검토한 결과, 독성이 없는 것으로 확인되었다.

기존에 알려진 알레르겐과의 유사성을 알아보기 위해 FARRP 데이터베이스(2015) 및 NCBI 단백질 데이터베이스(2015)를 이용, mEPSPS 및 PAT 아미노산 서열에 대하여 기존의 알려진 알레르기 유발물질을 대상으로 80개 이상의 아미노산 서열에서 35% 이상 상동성을 가지는지 여부와 8개의 연속적인 아미노산이 일치하는지 여부를 검색한 결과, 기존 알레르기 유발 물질과 상동성이 없음이 확인되었다.

MZHG0JG와 기존 옥수수의 주요영양성분, 미량영양성분, 항영양소 등의 함량을 비교한 결과, 생물학적 차이가 없었다. 육계를 대상으로 MZHG0JG 옥수수를 42일 동안 급여한 결과, 기존 옥수수와 영양성에 차이가 없는 것이 확인되었다.

결론적으로 MZHG0JG 옥수수는 지금까지 식품으로 섭취해온 옥수수와 비교하여 안전성에 문제가 없음이 확인되었다.

II. 심사경위

- 신젠타코리아는 글리포세이트 및 글루포시네이트 제초제내성을 나타내는 유전자 변형 옥수수 MZHGOJG를 식품위생법 제18조에 따른 안전성 심사를 받기 위하여 2016년 3월 3일 식품의약품안전처에 심사규정에서 규정한 관련 자료를 첨부하여 심사 신청하였다.
- 이에 식품의약품안전처장은 본 품목이 심사규정에 따라 안전성 평가가 이루어졌는지 여부에 대하여 심사위원회에 심사 의뢰하고,
- 심사위원회는 신청인이 제출한 자료에 근거하여 아래와 같이 심사규정에 따라 안전성평가가 이루어졌는지 여부를 확인하였다.

III. 심사경과

- 심사대상품목

대상품목	신청자	개발자	제외국의 안전성 승인 현황
유전자변형 옥수수 MZHGOJG	신젠타코리아	Syngenta Crop Protection LLC.	미국(2016), 호주(2016), 캐나다(2016), 남아프리카공화국(2016) 일본(2017)

- 심사경과

- 2016년 3월 3일 : 안전성 심사 신청
- 2016년 12월 20일 : 1차 심사위원회
- 2017년 3월 21일 : 2차 심사위원회
- 2017년 8월 29일 : 3차 심사위원회

IV. 심사방법

- 본 품목과 관련하여 심사 신청된 유전자변형농축수산물이 심사규정의 적용대상 인지를 검토하였고,
- 제출된 안전성 심사 자료가 심사규정에서 요구하는 자료를 갖추었는지를 확인한 후 자료의 내용을 토대로 안전성 심사 자료를 심사하였다.

V. 심사 신청 자료 검토

- 심사 신청된 식품의 개요

- 신젠타코리아가 심사 신청한 유전자변형 옥수수 MZHGOJG는 *mepsps-02* 및 *pat-09* 유전자가 도입된 것으로 mEPSPS 및 PAT 단백질을 발현하여 제초제인 글리포세이트 및 글루포시네이트에 내성을 나타낸다.

○ 식품으로의 적합성 검토

- 본 품목과 관련하여 제출된 안전성 평가자료가 심사규정 제12조에서 요구하는 자료를 만족시키는지 여부를 검토하였으며,
- 자료의 내용을 토대로 다음과 같이 식품으로서의 안전성이 확보되어 있는지를 심사하였다.

1. 유전자변형농축수산물의 개발목적 및 이용방법

- 유전자변형 옥수수 MZHG0JG는 *mepsps-02* 및 *pat-09* 유전자가 도입된 것으로 **mEPSPS** 및 **PAT** 단백질을 발현하여 제초제인 글리포세이트 및 글루포시네이트에 내성을 나타낸다.
- 그 밖의 재배방법 및 이용방법은 기존의 일반 옥수수와 동일하다.

2. 숙주

가. 분류학적 특성

- 종(Species) : *mays* L.
- 속(Genus) : *Zea*
- 과(Family) : *Gramineae*
- 일반명(Common Name) : 옥수수

나. 재배·사육 및 품종개량의 역사

- 현재 경작되고 있는 옥수수의 기원은 테오신테로 추정되며, 옥수수 재배종은 16세기 구대륙으로 전해져 전세계적으로 재배되고 있다. 옥수수는 북아메리카 원주민에 의해 수천년간 재배되어 왔으며, 세계 인구 대다수가 주식으로 섭취하고 있다.
- 20세기 초 옥수수 교배종(hybrid)이 자가수분품종(open-pollinated varieties)에 비해 더 나은 수확률을 보인다는 것이 알려졌고, 1930년~1940년 사이에 교배종이 자가수분품종을 점차 대체하게 되었다. 미국에서 상업적으로 재배되는 대부분의 옥수수는 교배종 종자이며, 현재 자가수분품종은 거의 상업적으로 이용되지 않고 있다.

다. 이미 알려져 있는 독성, 알레르기 유발성 또는 병원성 외래인자와 관련성

- 옥수수가 속해있는 *Zea* 속은 영양학적으로 유해한 수준의 유해생리활성물질을 생산하지 않는 것으로 알려져 있다. 현재 옥수수는 세계적으로 대규모로 소비되고 있는 식품중의 하나이며, 음식 알레르겐에 관한 보고는 매우 미미한 수준이며 유의한 음식 알레르겐이 아닌 것으로 보고되고 있다(Frisner et al. 2000).

라. 안전한 식경험의 유무

- 옥수수는 인류의 주요 식량 중 하나로 전분당, 녹말, 오일, 옥수수가루 등 다양하게 가공되어 식품원료로 사용되고 있다.

3. 공여체

가. 분류학적 특성

- 1) *mepsps-02* 유전자는 옥수수에서 유래하였으며 *mepsps*의 변형 형태이다.
 - 종(Species): *mays* L.
 - 속(Genus): *Zea*
 - 과(Family): *Gramineae*
- 2) *pat-09* 유전자는 *Streptomyces viridochromogenes strain Tü494*에서 유래하였다.
 - 일반명: *S. viridochromogenes*
 - 종(Species): *viridochromogenes*
 - 속(Genus): *Streptomyces*
 - 과(Family): *Streptomycetae*

나. 안전한 식경험의 유무, 식품용 이외의 노출 경로

- 옥수수는 광범위하게 재배되고 있으며, 식품으로서 안전하게 사용되어온 이력이 있다.
- **EPSPS** 단백질은 자연계 어느 곳이나 존재하며, 미생물, 옥수수, 면화, 콩 등을 통해 다양한 기원으로부터 소량의 **EPSPS**에 오랜기간 동안 안전하게 노출된 내력이 있다. **MGHZ0JG**에서 발견되는 **mEPSPS**는 이미 승인된 **GA21** 옥수수에서 생산되는 **mEPSPS**와 동일하다. 또한 미국에서는 모든 **EPSPS** 발현 작물에 대한 식품으로의 이용에 대해 최대 허용량이 없음을 결정하였다(**US EPA 2007a**).
- **PAT** 단백질 또한 미생물, 옥수수, 유채, 콩 등을 통해 다양한 기원으로부터 오랜기간 동안 노출되었으며, **MGHZ0JG**에서 발견되는 **PAT**은 이미 승인된 **Bt11** 옥수수에서 생산되는 **PAT**과 동일하다. 또한 미국에서 모든 **PAT** 발현 작물에 대한 식품으로의 이용에 대해 최대 허용량이 없음을 결정하였다(**US EPA 2007b**).

다. 공여체 및 근연종의 독성, 항영양성, 알레르기성

- *mepsps-02* 유전자의 공여체인 옥수수는 광범위하게 재배되고 있으며, 식품으로서 안전하게 사용되어온 이력이 있다. 옥수수와 관련된 유의적인 독성이 보고된 바가 없으며 알레르기성 작물로 알려지지 않았다.
- *pat-09* 유전자의 공여체인 *S. viridochromogenes*는 독성 및 알레르기 물질로 알려지지 않았으며, 인간이나 동물에 대한 병원성 생물체로 알려지지 않았다.

4. 유전자변형

가. 형질전환 과정에 대한 정보

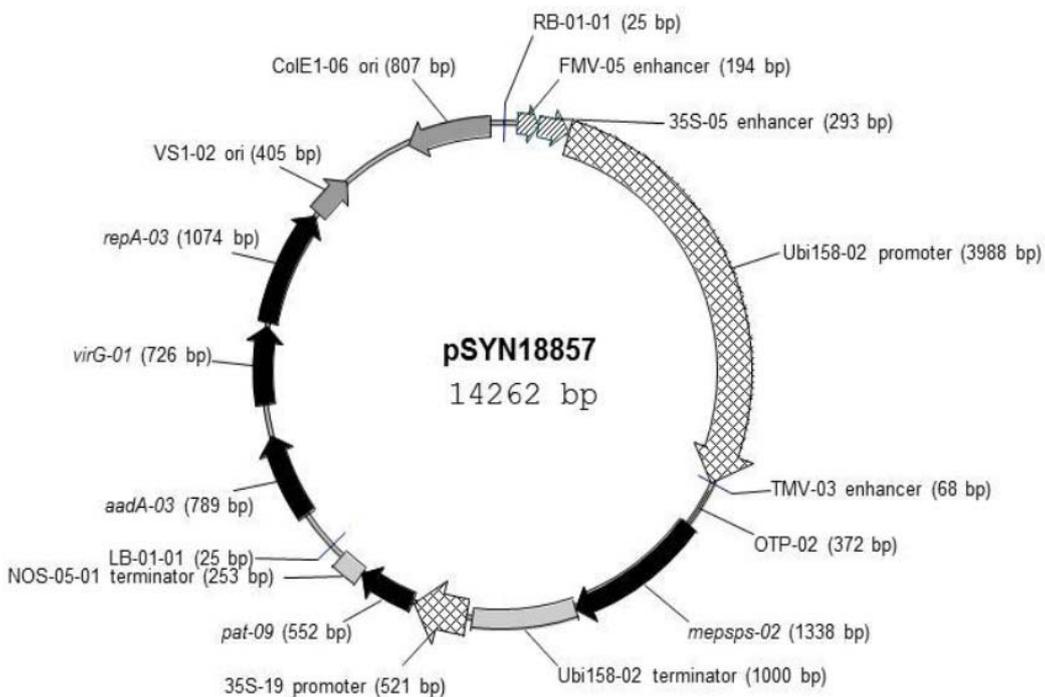
1) 형질전환 방법

- 아그로박테리움법을 사용하였다.

2) 벡터에 대한 정보

가) 기원

- 플라스미드 pSYN18857은 두 개의 카세트를 포함하고 있다.
- *mepsps-02* 발현 카세트는 ubiquitin promoter와 terminator(Ubi158-02), figwort mosaic virus(FMV-05), cauliflower mosaic virus 35s(35s-05), tobacco mosaic virus(TMV-03) enhancer sequences, optimized transit peptide(OTP-02)에 의해 조절되는 암호영역을 포함하고 있다.
- *pat-09* 발현 카세트는 cauliflower mosaic virus 유래 35s promoter(35s-19), *A. tumefaciens* 유래 nopaline synthase terminator(NOS-05-01)에 의해 조절되는 암호영역을 포함하고 있다.



< 플라스미드 벡터 pSYN18857 >

나) 숙주에서의 확인

- 삽입부위의 안정성은 Southern blot 분석과 삽입유전자 유전 양상을 통해 평가하였으며, 염기서열분석으로 T-DNA 내의 각 구성요소의 예상된 카피수 및 인접부의 옥수수 게놈 염기서열을 확인하였다.

다) 숙주에서의 기능

- *mepsps-02* 및 *pat-09* 유전자로 인해 글리포세이트 및 글루포시네이트에 대해 내성을 나타낸다.

라) 제한효소 절단 지도

- 제시되었다.

마) 유해염기 서열 유무

- 유해염기 서열은 존재하지 않는다.

바) 전달성에 관한 정보

- 플라스미드 벡터 pSYN18857은 숙주이외의 다른 생물체로 스스로 이동될 수 있는 전달성과 관련된 유전자를 포함하고 있지 않다.

3) 중간숙주에 대한 정보

- *A. tumefaciens* strain LBA4404는 비병원성으로 *A. tumefaciens* 매개 형질 전환은 다른 생물학적 안전성에 관한 문제없이 식물체 형질전환에 널리 사용되고 있다.

나. 도입유전자에 대한 정보

1) 구성 유전자의 특성, 염기서열, 제한효소 절단지도

가) 선발표지유전자

- *pat* : *S. viridochromogenes* strain Tü494 유래 유전자로, *pat-09* 유전자는 잠재 접합부위, 제한효소 부위, 비의도적 ORF를 제거하기 위해 몇 개의 염기서열을 바꿔 만들었다. 글루포시네이트에 대해 내성을 나타낸다.

나) 조절인자

- Ubi 프로모터 : 옥수수 Ubiquitin ZmU29158-3 유전자를 기반으로 한 옥수수 구성 프로모터로 기존 Ubi158 프로모터에서 비의도적 외래전사 해독프레임을 없애기 위해 6bp를 변경하였다.
- 35S 프로모터 : cauliflower mosaic virus 프로모터 부위이다.
- Ubi 터미네이터 : 옥수수 Ubiquitin ZmU29158-3 유전자를 기반으로 한 종결 염기서열이며, 기존 Ubi158 터미네이터에서 비의도적 외래전사 해독 프레임을 없애기 위해 1bp를 변경하였다.
- NOS 터미네이터 : *A. tumefaciens* 유전자의 NOS 종결 염기서열이다.

다) DNA의 기능에 영향을 주는 기타 인자

- 삽입유전자 발현과 관련된 인자 이외의 다른 염기 서열은 삽입되지 않았다.

2) 크기 및 명칭

- 벡터 내 유전자 요소의 크기 및 명칭이 다음의 표로 제시되었다.

< 벡터 내 유전자의 크기, 위치 및 기능 >

구성요소	크기(bp)	위치	설명
<i>mepsps-02</i> cassette			
Region-01	102	26 - 127	cloning 에 사용되는 부위
FMV-05 enhancer	194	128 - 321	유전자 발현을 향상시키는 Figwort mosaic virus(FMV) 인핸서 부위(NCBI 의 accession number X06166.1 와 유사)(Maiti <i>et al.</i> 1997).
Region-02	6	322 - 327	cloning 에 사용되는 부위
35S-05 enhancer	293	328 - 620	이형 중심 프로모터(heterologous core promoters)를 활성화 시킬 수 있는 Cauliflower mosaic virus(CaMV) 35S 인핸서 부위(Ow <i>et al.</i> 1987).
Region-03	10	621 - 630	cloning 에 사용되는 부위
Ubi158-02 promoter	3988	631 - 4618	옥수수 Ubiquitin ZmU29158-3 유전자를 기반으로 한 옥수수 구성 프로모터. 옥수수 polyubiquitin(Ubi) promoter(NCBI accession number S94466.1; Christensen <i>et al.</i> 1992)와 유사. 기존 Ubi158 promoter 에서 비의도적 open reading frames(ORFs)을 없애기 위해 6 bp 를 바꿈.
TMV-03 enhancer	68	4619 - 4686	Tobacco mosaic virus(TMV) 유래 5' 말단 비암호화 선도서열 (Gallie <i>et al.</i> 1987)로 식물체 내 번역 인핸서로 기능함(Gallie 2002).
Optimized transit peptide (OTP-02)	372	4687 - 5058	해바라기(<i>Helianthus annuus</i>)와 옥수수의 chloroplast transit peptide (CTP) 시퀀스를 기반으로 한 N-terminal CTP 시퀀스로, mEPSPS 단백질을 엽록체로 수송하는 기작에 관여함(Lebrun <i>et al.</i> 1996).
<i>mepsps-02</i>	1338	5059 - 6396	glyphosate 내성에 관여하는 변형된 옥수수 mEPSPS 단백질을 암호화하는 염기서열(Lebrun <i>et al.</i> 2003).
Region-04	7	6397 - 6403	cloning 에 사용되는 부위
Ubi158-02 terminator	1000	6404 - 7403	옥수수 Ubiquitin ZmU29158-3 유전자를 기반으로 한 종결 염기서열. 옥수수 polyubiquitin terminator(NCBI accession number S94466.1; Christensen <i>et al.</i> 1992)와 유사. 기존 Ubi158 terminator 에서 비의도적 ORF 를 없애기 위해 1 bp 를 바꿈.
Region-05	57	7404 - 7460	cloning 에 사용되는 부위
<i>pat-09</i> cassette			
35S-19 promoter	521	7461 - 7981	Cauliflower mosaic virus 프로모터 부위(Odell <i>et al.</i> 1985). 식물 내 지속적인 발현을 제공.
Region-06	13	7982 - 7994	cloning 에 사용되는 부위.
<i>pat-09</i>	552	7995 - 8546	<i>S. viridochromogenes</i> strain Tü494 유래 유전자로 선발표지 단백질인 PAT 을 암호화함. PAT 을 암호화하는 본래의 염기서열(Wohlleben <i>et al.</i> 1988)에서 발현을 향상시키기 위해 코돈을 최적화시킴. 합성된 <i>pat</i> 유전자는 독일의 AgrEvo 사에서 얻음(NCBI accession number DQ156557.1). <i>pat-09</i> 유전자는 AgrEvo 사의 <i>pat</i> 유전자와 동일한 아미노산 서열을 암호화하고 있으나, 잠재 접합 부위, 제한효소 부위, 비의도적 ORF 를 제거하기 위해 몇 개의 염기서열을 바꿔서 만들. PAT 단백질은 glufosinate-ammonium(phosphinothricin)을 함유한 제초제에 내성을 부여함.

Region-07	4	8547 - 8550	cloning 에 사용되는 부위
NOS-05-01 terminator	253	8551 - 8803	<i>A. tumefaciens</i> 유전자의 NOS 유전자 유래 종결 염기서열(NCBI accession number V00087.1). polyadenylation site 를 제공(Bevan <i>et al.</i> 1983).
Region-08	125	8804 - 8928	cloning 에 사용되는 부위
Border Region			
LB-01-01	25	8929 - 8953	<i>A. tumefaciens</i> nopaline Ti plasmid 로부터 유래한 T-DNA 의 왼쪽 경계 부위(NCBI accession number J01825.1). T-DNA 측면의 short direct repeat 로서 T-DNA 가 식물세포 내로 전이되는데 필요한 부위(Yadav <i>et al.</i> 1982).
Plasmid backbone			
Region-09	349	8954 - 9302	cloning 에 사용되는 부위
<i>aadA-03</i>	789	9303 - 10091	대장균 transposon Tn7 유래 Aminoglycoside adenyltransferase 유전자(NCBI accession number X03043.1 와 유사). Streptomycin 과 spectinomycin 에 대한 저항성을 제공하여 박테리아의 선택마커로 사용됨(Fling <i>et al.</i> 1985).
Region-10	299	10092 - 10390	cloning 에 사용되는 부위
<i>virG-01</i>	726	10391 - 11116	pAD1289 유래 VirGN54D 유전자(NCBI accession number AF242881.1 와 유사). N54D 치환으로 구성 성분인 <i>virG</i> 표현형을 생성함. <i>virG</i> 유전자는 <i>A. tumefaciens</i> 내 <i>virulence regulon</i> 에 대한 두 가지 성분의 조절 시스템의 일부분임(Hansen <i>et al.</i> 1994).
Region-11	29	11117 - 11145	cloning 에 사용되는 부위
<i>repA-03</i>	1074	11146 - 12219	<i>Pseudomonas aeruginos</i> 유래 pVS1 복제 단백질(NCBI accession number AF133831.1 와 유사), 식물 관련 그람 음성 세균에서 작용하는 최소 pVS1 복제단위(replicon)의 한 부분임(Heeb <i>et al.</i> 2000).
Region-12	42	12220 - 12261	cloning 에 사용되는 부위, <i>P. aeruginosa</i> 유래 pVS1 복제단위의 염기서열을 포함하고 있음.
VS1-02 ori	405	12262 - 12666	<i>P. aeruginosa</i> 의 플라스미드 pVS1 에서 유래한 복제기점과 분할지역에 대한 보존서열(NCBI accession number U10487.1). <i>A. tumefaciens</i> 숙주에서 복제 시작점으로 작용(Itoh <i>et al.</i> 1984).
Region-13	677	12667 - 13343	cloning 에 사용되는 부위
ColE1-06 ori	807	13344 - 14150	대장균 내 복제기점으로 플라스미드의 복제를 가능케 함(NCBI accession number V00268.1 와 유사)(Itoh and Tomizawa 1979).
Region-14	112	14151 - 14262	cloning 에 사용되는 부위
Border region			
RB-01-01	25	1 - 25	<i>A. tumefaciens</i> nopaline Ti plasmid 유래 T-DNA 의 오른쪽 경계 부위(NCBI accession number J01826.1). T-DNA 측면의 short direct repeat 로서 T-DNA 가 식물세포 내로 전이되는데 필요한 부분(Wang <i>et al.</i> 1984).

3) 완성된 발현 벡터내의 유전자 염기서열의 위치 및 방향성

- 벡터 내 유전자 서열의 위치 및 방향은 4, 가, 2), 가)에 제시되었다.

4) 구성 유전자의 기능

- *mepsps-02* 유전자는 mEPSPS 단백질을 발현하여 글리포세이트에 대한 내성을 나타내며, *pat-09* 유전자는 PAT 단백질을 발현하여 글루포시네이트에 대한 내성을 나타낸다.

5) 유해염기서열의 유무

- mEPSPS 및 PAT 단백질 아미노산 서열이 알려져 유해한 단백질을 생산하는 서열과 유의한 상동성을 나타내는지 확인하기 위해 FARRP Allergen Online 데이터베이스(2015) 및 NCBI Entrez 단백질 데이터베이스(2015)를 이용하여 FASTA, BLASTP 프로그램으로 검색한 결과, 삽입유전자 내에 어떠한 유해 서열도 존재하지 않는 것으로 나타났다.

6) 외래전사해독프레임의 유무와 그 전사 및 발현 가능성

- 도입 유전자에 대해 Vector NTI Advance 프로그램을 이용하여 추정 외래전사해독프레임을 검색하고 FARRP Allergen Online 데이터베이스(2015) 및 NCBI Entrez 단백질 데이터베이스(2015)를 이용하여 기존의 유해물질과 비교한 결과, 목적하는 단백질의 발현과 관련된 서열이외의 전사 및 발현 가능성이 있는 새로운 외래전사해독프레임이 존재하지 않는 것으로 나타났다.

7) 목적하는 유전자 이외의 염기서열의 혼입

- 목적하는 유전자 이외의 염기서열은 혼입되지 않았다.

5. 유전자변형농축수산물의 특성

가. 유전자변형농축수산물 내 도입된 유전자에 관한 정보

1) 유전자변형농축수산물의 계놈에 삽입된 유전자의 특성 및 기능

- *mepsps-02* 유전자는 mEPSPS 단백질을 발현하여 글리포세이트에 대한 내성을 나타내며, *pat-09* 유전자는 PAT 단백질을 발현하여 글루포시네이트에 대한 내성을 나타낸다.

2) 삽입부위의 수

- *mepsps-02* 및 *pat-09*는 단일 사본으로 삽입되었으며, T-DNA 부분만 삽입되고 플라스미드 backbone은 존재하지 않음이 확인되었다.

3) 각 삽입부위의 삽입유전자의 구성

가) 복제수, 염기서열

- MZHG0JG 삽입유전자와 측면 염기서열을 형질전환 플라스미드 pSYN18857의 T-DNA와 비교한 결과, 8,910bp의 MZHG0JG 삽입유전자의 재배열이나 염기쌍의 변화가 없이 온전하였다.

나) 이미 알려져 있는 독소나 항영양소를 암호화하는 유전자와의 상동성

- mEPSPS 및 PAT 단백질 아미노산 서열이 알려져 있는 독소 및 항영양소와 유의한 상동성을 나타내는지 확인하기 위해 NCBI Entrez 단백질 데이터베이스(2015)를 이용하여 BLASTP 프로그램으로 검색한 결과, 삽입유전자 내에 어떠한 유해 서열도 존재하지 않는 것으로 나타났다.

4) 삽입유전자 및 인접하는 숙주 게놈 유전자의 외래전사해독프레임의 유무와 그 전사 및 발현가능성

- 목적하는 단백질의 발현과 관련된 서열 이외의 전사 및 발현 가능성이 있는 새로운 외래전사해독프레임이 존재하지 않는다.

5) 안정성에 관한 사항

가) 복수세대에서 삽입된 유전자의 서열, 크기

- MZHG0JG에 존재하는 삽입 DNA의 안정성을 평가하기 위해 5세대에 걸친 Southern blot 분석을 실시한 결과, 도입 DNA가 안정적으로 유지됨이 확인되었다.
- 3세대의 분리 자료를 통계 분석한 결과, 멘델법칙에 따라 유전됨을 확인하였다.

나) 복수 세대에서 발현부위, 발현시기, 발현량

- 유전자변형 옥수수 MZHG0JG에서 발현되는 mEPSPS 및 PAT 단백질의 발현 수준을 복수 세대 잎(V6, R1 성장단계), 뿌리(V6, R1 성장단계), 알곡(R6, Senescence 성장단계)에 대해 ELISA 방법으로 측정된 결과, 발현 단백질이 3세대에 걸쳐 안정적으로 발현됨이 확인되었다.

나. 유전자산물에 관한 정보

1) 유전자산물의 화학적 성질

- mEPSPS의 펩타이드 서열은 445 아미노산의 폴리펩타이드로 47.4 kDa을 암호화한다. MZHG0JG 옥수수 내 mEPSPS와 내재의 EPSPS 간의 아미노산 상동성은 99.6% 이상이다. 따라서, 두 단백질은 glyphosate와의 친화력을 제외하고는 기능적으로 동일할 것이라 예상된다.
- PAT 단백질은 183 아미노산 폴리펩타이드로 20.5kDa을 암호화 한다.

2) 유전자산물의 기능

- 옥수수 유래 내재 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase(EPSPS)는 방향족 아미노산 생합성에 관여하며 glyphosate에 의해 저해된다. EPSPS 효소는 shikimate-3-phosphate(S3P)와 phosphoenolpyruvate(PEP)로부터 5-enolpyruvylshikimate -3-phosphate(EPSP) 생합성을 촉매한다. MZHG0JG 옥수수에서 생성되는 mEPSPS는 옥수수 내재의 EPSPS에서 2개의 아미노산을 변형시켜 glyphosate 제초제에 내성을 가지도록 만들어 졌다. mEPSPS 효소는 옥수수 내재 EPSPS보다 glyphosate에 대해 유의적으로 낮은 친화력을 가지고

있다. 옥수수 식물체에 glyphosate를 처리하면 내재 EPSPS가 저해되어 방향족 아미노산 생합성을 막고 고사하게 한다. 하지만 mEPSPS를 생성하는 옥수수 식물체에 glyphosate를 처리하면 glyphosate에 의해 내재 EPSPS는 저해되지만 mEPSPS는 저해되지 않아 지속적인 방향족 아미노산을 생합성함으로써 제초제를 처리해도 식물체가 살아 남게 된다.

- PAT은 glufosinate-ammonium을 아세틸화하여 이를 불활성화하고 glufosinate-ammonium을 함유하는 제초제에 내성을 부여한다. Glufosinate-ammonium (L-phosphinothricin)은 질소동화작용 내 glutamine 생합성을 저해한다. PAT은 glufosinate-ammonium을 아세틸화시키는 특이적 효소이지만, glutamate(glufosinate-ammonium과 구조적으로 가장 가까운 유사체)나 다른 L-아미노산을 아세틸화하진 않는다(Wehrmann *et al.* 1996, Hérouet *et al.* 2005). PAT 단백질은 식물 및 동물에 흔한 acetyltransferase 효소의 종류이다.

3) 발현단백질의 아미노산 서열의 번역 후 변이 유무

- MZHG0JG에서 발현되는 mEPSPS 및 PAT 단백질과 미생물 유래 단백질의 아미노산 서열은 서로 동일하였으며, mEPSPS 및 PAT 단백질에 대한 당화분석을 수행한 결과, 발현된 단백질에서 당화반응은 일어나지 않아 번역 후 변이가 일어나지 않음이 확인되었다.

4) 발현단백질의 구조적 변화 여부

- *E. coli* 생산 mEPSPS 및 PAT 단백질과 MZHG0JG에서 생산된 단백질의 동등성을 확인하였다.
- Western blot 분석결과 두 단백질의 분자량이 47.4kDa 및 20.5kDa으로 확인되었고, 특이 항체에 면역반응성이 확인되었다.
- 당화분석결과 두 단백질 모두 당화가 일어나지 않은 것이 확인되었다.
- N-말단과 C-말단의 아미노산 서열을 비교한 결과에서도 두 단백질이 동등함이 확인되었다.
- MALDI-TOF MS/MS에 의해 식물체 유래 단백질의 아미노산 서열 88% 및 90% 이상이 확인되었다.

5) 새로운 특성의 표현형

- 새롭게 도입된 *mepsps-02* 및 *pat-09* 유전자는 mEPSPS 및 PAT 단백질을 발현하여 글리포세이트 및 글루포시네이트 제초제 내성을 나타낸다.

6) 유전자산물의 발현부위 및 발현량

- MZHG0JG의 성장단계별 잎, 뿌리, 식물체 전체, 화분, 알곡 시료의 단백질 수준을 효소면역측정법(ELISA)으로 측정하였다.
- mEPSPS는 잎(R1)에서 평균 1,934 µg/g DW으로 가장 많이 발현되었으며,

뿌리(R1)에서 367 µg/g DW, 식물전체(V6)에서 1,496 µg/g DW, 알곡(R6) 58.23 µg/g DW 및 화분(R1)에서 LOD(37.50 µg/g DW) 또는 LOQ(75.0 µg/g DW) 미만으로 발현되었다.

- PAT은 잎(R1)에서 평균 9.95 µg/g DW으로 가장 많이 발현되었으며, 뿌리(V6)에서 1.68 µg/g DW, 식물전체(V6)에서 6.70 µg/g DW, 알곡(R6)에서 LOD(0.025 µg/g DW) 미만, 화분(R1)에서 LOD(0.025 µg/g DW)으로 발현되었다.

다. 독성

1) 유전자산물이 단백질인 경우

가) 발현단백질의 안전한 식경험의 유무

- EPSPS 단백질은 자연계 어느 곳이나 존재하기 때문에 다양한 기원으로부터 섭취해온 이력이 있다. 미국에서는 모든 EPSPS 내성 작물의 식품으로서 섭취에 대해 최대 허용량이 필요하지 않는 것으로 결정하였으며(최대 허용량 항목에서 제외, US EPA 2007a), MZHGOJG에서 발현되는 mEPSPS 단백질은 기존 승인된 GA21 등에서 발현되는 mEPSPS 단백질과 동일하다.
- PAT 단백질의 안전성 관련 평가는 이미 보고되어 있다(Herouet 등, 2005). 미국에서는 모든 PAT 내성 작물의 식품으로서 섭취에 대해 최대 허용량이 필요하지 않는 것으로 결정하였으며(최대 허용량 항목에서 제외, US EPA 2007b), MZHGOJG에서 발현되는 PAT 단백질은 기존 승인된 Bt11 등에서 발현되는 PAT 단백질과 동일하다.

나) 발현단백질의 이미 알려져 있는 독소 및 항영양소와의 아미노산 서열 유사성

- mEPSPS 및 PAT 단백질과 독소 및 항영양소와의 서열 유사성을 확인하기 위해 NCBI Entrez® 단백질 데이터베이스(2015) 및 Syngenta Toxin 데이터베이스(2015)를 이용하여 BLASTP 검색결과, 알려진 독소 및 항영양소 단백질과 유사성이 없는 것으로 확인되었다.

다) 발현단백질의 물리화학적 처리에 대한 감수성

< mEPSPS >

- *E. coli* 유래 생산 mEPSPS의 인공위액 및 장액에서의 소화성에 대해 SDS-PAGE 및 western blot 분석을 통해 확인하였다.
 - 인공위액 안정성 : mEPSPS 단백질은 인공위액에서 1분 이내에 분해되는 것으로 확인되었다.
 - 인공장액 안정성 : mEPSPS 단백질은 인공장액에서 10분 이내에 분해되는 것으로 확인되었다.
- *E. coli* 유래 생산 mEPSPS의 열 안정성 평가 결과 65°C 이상, 30분 열처리 결과 기능활성이 완전히 손실되었다.

< PAT >

- *E. coli* 유래 생산 PAT의 인공위액 및 장액에서의 소화성에 대해 SDS-PAGE 및 western blot 분석을 통해 확인하였다.
 - 인공위액 안정성 : PAT 단백질은 인공위액에서 1분 이내에 분해되는 것으로 확인되었다.
 - 인공장액 안정성 : PAT 단백질은 인공장액에서 5분 이내에 분해되는 것으로 확인되었다.
- *E. coli* 유래 생산 PAT의 열 안정성 평가 결과 65°C 이상, 30분 열처리 결과 기능 활성이 완전히 손실되었다.

라) 발현단백질의 단회투여독성

- CD-1 마우스(암, 수 각 5마리)를 대상으로 mEPSPS 및 PAT 단백질을 각각 2,000mg/kg bw(각각 순도 83% w/w, 85.9 % w/w) 용량으로 투여하고 14일 동안 관찰한 결과, 생존율, 임상 관찰 소견, 체중증가, 사료 섭취량 또는 육안 병리소견에 미친 영향은 없었다.

라. 알레르기성

1) 유전자산물이 알레르겐으로 알려져 있는지 여부

- EPSPS 단백질은 자연계 어느 곳에서나 존재하기 때문에 다양한 기원으로부터 소량의 EPSPS가 식품 및 사료 공급을 통해 항상 존재한다. mEPSPS는 옥수수 내재 EPSPS에서 2개의 아미노산을 변형시켜 만든 것으로 알레르기성 단백질을 생성하는 것으로 알려진 물질로부터 유래하지 않았다.
- PAT 단백질은 *S. viridochromogenes*로부터 유래하였으며, 공여체는 알레르겐을 포함하지 않는 것으로 알려져있다(Taylor and Hefle 2001, FAS/WHO 2001).

2) 유전자산물의 물리화학적 처리에 대한 감수성

- mEPSPS는 인공위액에서 1분 이내 및 인공장액에서 5분 이내에 빠르게 분해되었으며, 65°C 이상, 30분 열처리 결과 기능 활성이 완전히 손실되었다.
- PAT는 인공위액에서 1분 이내 및 인공장액에서 5분 이내에 빠르게 분해되었으며, 65°C 이상, 30분 열처리 결과 기능 활성이 완전히 손실되었다.

3) 유전자산물 중 이미 알려져 있는 알레르겐과의 상동성

- mEPSPS 및 PAT 단백질과 알려진 알레르겐 및 알레르겐 추정 물질과의 서열 유사성을 확인하기 위해 FARRP 데이터베이스(2015) 및 NCBI 단백질 데이터베이스(2015)을 이용하여 FASTA 검색과 연속하는 8개 아미노산 서열 검색을 수행한 결과, 데이터베이스 엔트리 간에 유의한 서열 상동성이 발견되지 않았다. 80개 이상의 아미노산 서열 중 35% 이상의 유의한 상동성을 보인 서열이 없었으며, 8개 이상의 연속하는 아미노산 서열에 대해서도 상동성이 없었다.

4) 유전자산물이 1일 단백질섭취량의 유의한 양을 차지하고 있는지 여부

- 국내 옥수수 소비량의 전부가 MZHG0JG 옥수수라고 가정할 때 MZHG0JG 옥수수에 대한 국내 식이 노출량 평가를 수행하였다.
- 국민건강영양조사(KHIDI, 2014년)에 따르면 1인당 1일 단백질 평균 섭취량은 73.73g이다. 1일 옥수수 평균 섭취량은 2.68g이며, 30~49세 연령에서 3.27g으로 가장 많은 옥수수를 섭취하였다. 가공과정 중 손실이 없으며, 모든 옥수수의 섭취가 MZHG0JG로 섭취된다는 가정 하에 MZHG0JG 옥수수 알곡에서 mEPSPS 및 PAT의 최대 발현량인 86.15 µg/g DW 및 0.04 µg/g DW를 사용하여 계산한 결과, 일인당 mEPSPS 및 PAT의 하루 평균 섭취량은 0.230mg 및 0.00011mg이며 일일 총 단백질 섭취량 중 mEPSPS 단백질이 차지하는 비율은 각각 0.00031%, 0.00000015%였다. 30~49세 연령의 3.27g 섭취량을 사용하여 계산하여도 일일 총 단백질 섭취량 중 mEPSPS 및 PAT이 차지하는 비율은 각각 0.00038%, 0.00000017%였다.
- 2013년 식품수급표(한국농촌경제연구원, 2014년)에 따르면 국민 1인당 연간 옥수수 공급량은 25.11kg(1인 1일당 68.8g)이었다. 가공과정 중에 손실이 없으며 모든 옥수수의 섭취가 MZHG0JG 옥수수로 이루어진다는 전제 하에 해당 단백질의 최대 발현량을 이용하여 계산한 결과, MZHG0JG 옥수수 유래 mEPSPS와 PAT의 하루 섭취량은 각각 5.927mg, 0.00275mg이다. 식품수급표에 따른 1인당 일일 평균 단백질 섭취량은 99.2g으로 1인당 1일 단백질 공급량 중 1인당 1일 mEPSPS와 PAT 단백질이 차지하는 비율은 0.00597%와 0.0000028%였다.

마. 숙주와의 차이

- 2013년 미국 8개 지역에서 4반복으로 MZHG0JG 알곡과 6종의 일반 옥수수 알곡을 수확하여 성분 분석을 실시하였다.
- 통계방법으로는 분산분석(analysis of variance, ANOVA)를 사용하였고, 통계학적으로 유의적 차이가 나는 성분에 대해 생물학적으로 유의적 차이가 있는지 여부 확인을 위해 허용범위(tolerance interval)와 ILSI 작물 성분 데이터베이스에 공개된 상업적 관행 옥수수 성분의 자연적인 변이범위(ILSI 범위)와 비교하였다.

1) 주요영양성분

① 일반성분

- 분석한 일반성분(단백질, 지방, 회분, 탄수화물, 산성세제불용성섬유(ADF), 중성세제불용성 섬유(NDF), 총식이섬유(TDF), 전분은 통계적으로 유의적인 차이가 관찰되지 않았다.

② 아미노산

- 분석한 아미노산(18개) 중 아스파라긴, 라이신, 아르기닌, 트립토판에서 통계적 유의차가 관찰되었으나, 참조범위 및 문헌범위 내에 포함되어 생물학적 유의차는 없었다.

③ 지방산

- 분석한 지방산(10개) 중 16:0 팔미틱산, 17:0 헵타데카노익산, 18:3 리놀렌산은 통계적으로 유의적인 차이를 보였으나, 참조범위 또는 문헌범위 내에 포함되어 생물학적 유의차는 없었다.

2) 미량영양성분

① 무기질

- 분석한 무기질(10개) 중 구리, 철에서 통계적으로 유의적인 차이를 보였으나, 참조범위 또는 문헌범위 내에 포함되어 생물학적 유의차는 없었다.

② 비타민

- 분석한 비타민(7개) 중 비타민 A, B1, E에서 통계적으로 유의적인 차이를 보였으나, 참조범위 및 문헌범위 내에 포함되어 생물학적 유의차는 없었다.

3) 내재성독소

- 옥수수에 대한 오랜 기간의 안전한 식경험에서 내재성 독소가 존재함으로써 인간과 동물의 건강에 부정적인 영향을 주었다는 보고는 없었다.

4) 항영양소

- 2차 대사산물 및 항영양소 ferulic acid, phytic acid, trypsin inhibitor, raffinose 함량은 통계적으로 유의적인 차이가 관찰되지 않았다. -Coumaric acid 및 inositol 함량에서 유의적인 차이가 있었으나, 참조범위 또는 문헌범위 내에 포함되어 생물학적 유의차는 없었다.

5) 알레르기 유발성분

- 옥수수는 주된 알레르기 유발 식품으로 알려져 있지 않다.

6) 삽입된 유전자산물의 대사산물

- 유전자변형 MZHG0JG 옥수수와 비유전자변형 옥수수의 영양성분 분석 결과 관행 옥수수와 비교하여 MZHG0JG 옥수수의 영양성분에 생물학적으로 유의한 차이가 나타나지 않았으며, 삽입된 유전자에 의해 mEPSPS와 PAT 단백질이 발현되는 점을 제외하면 MZHG0JG 옥수수에서 유래한 식품의 성분에 의도하지 않은 변화가 없는 것으로 판단된다.

7) 영양성

- 브로일러(암수 각 60마리)를 이용하여 starter, grower, finish용 사료에 51.5%, 56.0%, 59.0% 옥수수 알곡을 배합하여 42일간 섭취시켰으며, 별도로 3종의 비유전자변형 참조품종도 함께 시험에 포함시켰다. 시험 결과 폐사율, 사료전환 효율, 절대 조직중량, 다리·넓적다리·날개·지방패드의 상대중량에서 특이적 영향은 관찰되지 않았다.

바. 유전자산물이 대사경로에 미치는 영향

- 옥수수 유래 epsps 원형에서 변형된 옥수수 mepsps 유전자는 glyphosate 내성을 나타낸다. Glyphosate는 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase(EPSPS)

효소를 저해하며, 식물과 유기체 내 방향족 아미노산 생합성을 위한 **shikimic acid pathway** 에 관여한다(Steinruken and Amrhein 1980). **mEPSPS** 효소가 **glyphosate** 내성을 나타내는 것은 수년간의 연구 및 상업적 이용을 통해 이미 알려져 있다. **mEPSPS** 단백질을 발현하는 옥수수에 **glyphosate**를 처리하면 **mEPSPS** 효소가 계속 작용하여 식물체에 필요한 방향족 아미노산을 충족시켜 주기 때문에 식물체는 영향을 받지 않는다.

- **Glufosinate-ammonium(L-phosphinothricin)**은 질소동화작용 내 **glutamine synthetase**를 저해한다. **PAT**은 **glufosinate-ammonium**을 아세틸화 시키는 매우 특이적 효소이며, 다른 **L-아미노산**을 아세틸화하지 않는다(Wehrmann *et al.* 1996, Héroutet *et al.* 2005).

사. 식품용으로서의 저장 및 가공에 관한 설명

- **MZHG0JG** 옥수수에 대한 식품으로서의 저장 및 가공 방법은 관행 옥수수와 다르지 않다.

아. 외국의 식품유통 승인 및 식용 등의 이용 현황

- 미국(2015), 호주(2016), 캐나다(2016), 남아프리카공화국(2016), 일본(2017)에서 승인되었다.

6. 심사신청 자료 검토 결과

- 가. 이상의 검토 내용과 같이 심사규정에 따라 제출된 안전성 심사 자료를 심사한 결과, 사용된 공여체, 숙주 및 유전자변형 과정 등이 식품으로 이용시 안전성 문제를 유발하지 않는다고 판단되었다.
- 나. 유전자변형농축수산물에 관해서도 도입된 유전자, 유전자산물, 알레르기성, 독성 및 영양성 등에서 안전성 심사에 필요한 자료를 검토한 결과, 지금까지 식품으로 섭취해온 옥수수와 비교하여 안전성에 문제가 없음이 확인되었다.

7. 기타

- 가. 「유전자변형생물체의 국가간 이동 등에 관한 법률」에 의하여 유전자변형 옥수수 **MZHG0JG**의 작물재배환경, 자연생태계, 해양생태계에 대한 환경위해성은 농촌진흥청, 환경부, 국립수산물품질관리원에서 심사 완료하였다.
- 나. 유전자변형 옥수수 **MZHG0JG**의 안전성 심사결과 보고서(안)을 식품의약품안전처 홈페이지 및 정책고객서비스(PCRM)에 2017년 9월 18일~2017년 10월 17일까지 공개하여 의견을 수렴한 결과, 접수된 의견은 없었다.

붙임 : 영양성분 분석 자료

[붙임] 영양성분 분석 자료

1. 주요영양성분

데이터 출처	통계치	수분 ^a	단백질	지방	회분	탄수화물	ADF	NDF	TDF	전분
Test + TSH	mean	12.4	10.1	3.81	1.43	84.7	3.94	11.1	16.1	66.3
	range	9.05-16.0	8.48-12.3	2.95-4.33	1.16-1.64	82.8-86.5	3.37-4.84	9.56-12.9	13.4-19.8	58.5-74.2
Control	mean	12.4	10.5	3.85	1.41	84.3	4.06	11.5	16.5	65.4
	range	8.89-16.3	8.53-13.2	3.31-4.45	1.11-1.67	81.6-86.1	3.12-4.88	10.2-14.2	13.6-19.7	59.6-70.6
ANOVA (<i>t</i> -test) 분석결과 및 표준오차(SEM)										
	<i>p</i>	-	0.115	0.566	0.755	0.109	0.212	0.083	0.140	0.332
	SEM	-	0.32	0.083	0.034	0.33	0.104	0.21	0.32	0.70
비유전자변형	mean	12.2	10.3	3.40	1.48	84.8	3.40	9.54	13.6	66.4
참조품종	range	7.99-17.4	7.68-13.9	2.39-4.41	1.18-1.87	81.3-88.0	2.43-4.48	7.42-12.2	11.2-20.0	53.3-79.6
ILSI (2014)	mean	14.5	10.31	3.829	1.415	84.5	3.72	10.31	13.90	66.6
	range	5.1-40.5	5.72-17.26	1.363-7.830	0.616-6.282	77.4-89.7	1.41-11.34	4.28-22.64	8.73-35.31	26.5-83.7
	<i>N</i>	6616	5790	5790	6190	5765	5942	5941	3763	1931

Test + TSH: *N* = 32. 형질특이적 제초제(The trait-specific herbicides, TSH)인 glufosinate 와 glyphosate 처리

Control: *N* = 32.

참조품종: *N* = 192.

수분을 제외한 모든 항목은 % 건조중(DW)을 사용. 수분 % 생체중(FW).

통계 분석 결과 *p* 값이 0.05 이하인 경우 굵은 이탤릭체로 표시.

^a알곡은 수확 후 시험포장에서 건조하거나 기계건조 하였기 때문에 분산분석을 수행하지 않음.

2. 아미노산

데이터 출처	통계치	Asp	Thr	Ser	Glu	Pro	Gly	Ala	Cys	Val
Test + TSH	mean	6.38	3.50	4.56	18.6	8.70	3.73	7.67	2.07	4.46
	range	5.32-7.85	2.86-4.35	3.90-5.81	15.4-24.4	7.31-10.8	3.05-4.25	6.21-9.99	1.74-2.44	3.74-5.47
Control	mean	6.69	3.61	4.75	19.4	9.08	3.80	8.05	2.02	4.66
	range	5.64-8.12	3.03-4.37	3.86-6.11	15.7-25.3	7.55-11.2	3.16-4.36	6.42-10.4	1.67-2.46	4.04-5.64
ANOVA (<i>t</i> -test) 분석결과 및 표준오차(SEM)										
	<i>p</i>	0.020	0.081	0.070	0.098	0.054	0.107	0.062	0.059	0.057
	SEM	0.179	0.100	0.149	0.69	0.256	0.087	0.272	0.045	0.121
비유전자변형	mean	6.79	3.58	4.74	19.1	9.10	3.83	7.81	2.06	4.67
참조품종	range	4.87-8.94	2.56-4.74	3.33-7.04	12.8-28.9	5.97-12.6	2.70-4.82	5.42-11.4	1.52-2.59	3.27-6.23
ILSI (2014)	mean	6.82	3.68	4.97	19.70	9.19	3.88	7.89	2.14	4.83
	range	3.35-12.08	2.19-6.66	1.82-7.69	9.65-35.40	4.62-17.50	1.84-6.85	4.39-14.80	1.16- 5.14	2.66-8.55
	<i>N</i>	5918	5918	5918	5918	5918	5918	5918	5917	5918

Test + TSH: *N* = 32. 형질특이적 제초제(The trait-specific herbicides, TSH)인 glufosinate 와 glyphosate 처리

(계속)

Control: *N* = 32.

참조품종: *N* = 192.

아미노산은 mg/g 건조중으로 나타냄.

통계 분석 결과 *p* 값이 0.05 이하인 경우 굵은 이탤릭체로 표시.

2. 아미노산(계속)

데이터 출처	통계치	Met	Ile	Leu	Tyr	Phe	Lys	His	Arg	Trp
Test + TSH	mean	2.24	3.41	12.5	4.06	4.98	2.85	2.51	4.79	0.838
	range	1.92-2.62	2.81-4.42	10.4-17.2	3.43-5.28	3.96-6.55	2.38-3.21	2.03-3.15	3.73-5.81	0.689-0.906
Control	mean	2.19	3.57	13.1	4.09	5.26	2.96	2.60	4.95	0.859
	range	1.77-2.73	2.98-4.45	10.2-17.7	3.13-5.34	4.20-6.87	2.51-3.31	2.19-3.12	3.92-5.85	0.730-0.988
ANOVA (<i>t</i> -test) 분석결과 및 표준오차(SEM)										
	<i>p</i>	0.240	0.069	0.104	0.784	0.058	0.010	0.083	0.018	0.019
	SEM	0.060	0.116	0.51	0.134	0.191	0.048	0.065	0.132	0.0170
비유전자변형	mean	2.02	3.55	12.8	4.03	5.19	2.92	2.68	5.02	0.859
참조품종	range	1.51-2.49	2.38-5.18	8.30-20.7	2.69-6.09	3.52-7.92	1.88-3.85	1.95-3.58	3.47-6.54	0.639-1.02
ILSI (2014)	mean	2.10	3.68	13.03	3.54	5.30	2.94	2.87	4.65	0.712
	range	1.05-4.68	1.79-6.92	6.42-24.92	1.03-7.34	2.44-9.30	1.29-6.68	1.37-4.56	1.19-7.08	0.271-2.150
	<i>N</i>	5915	5918	5918	5918	5918	5909	5918	5918	5916

Test + TSH: *N* = 32. 형질특이적 제초제(The trait-specific herbicides, TSH)인 glufosinate 와 glyphosate 처리

Control: *N* = 32.

참조품종: *N* = 192.

아미노산은 mg/g 건조중으로 나타냄.

통계 분석 결과 *p* 값이 0.05 이하인 경우 굵은 이탤릭체로 표시.

3. 지방산

데이터 출처	통계치	16:0 Palmitic	16:1 Palmitoleic	17:0 Heptadecanoic	18:0 Stearic	18:1 Oleic	18:2 Linoleic	18:3 Linolenic	20:0 Arachidic	20:1 Eicosenoic	22:0 Behenic
Test + TSH	mean	14.1	0.129	0.0858	2.14	26.7	54.2	1.82	0.426	0.227	0.175
	range	13.6–15.1	0.112–0.142	0.0748–0.0969	1.76–2.39	23.3–28.6	52.1–58.3	1.72–1.97	0.363–0.470	0.200–0.244	0.121–0.212
Control	mean	14.3	0.129	0.0834	2.12	26.8	54.0	1.78	0.427	0.229	0.182
	range	13.7–14.8	0.108–0.141	0.0677–0.0994	1.76–2.34	23.3–29.3	51.3–58.3	1.67–1.92	0.360–0.494	0.198–0.249	0.148–0.218
ANOVA (<i>t</i> -test) 분석결과 및 표준오차(SEM)											
	<i>p</i>	0.010	0.962	0.019	0.297	0.500	0.196	0.012	0.887	0.107	0.141
	SEM	0.09	0.0026	0.00226	0.062	0.54	0.62	0.020	0.0117	0.0039	0.0054
비유전자변형	mean	15.1	0.127	0.0871	2.06	24.9	55.1	1.73	0.415	0.256	0.187
참조품종	range	13.2–17.0	0.0876–0.200	0.0698–0.121	1.59–2.48	16.5–31.1	47.5–64.1	1.39–2.12	0.329–0.485	0.178–0.348	0.0977–0.247
ILSI (2014)	mean	12.55	0.147	0.089	1.90	26.52	56.72	1.38	0.419	0.270	0.185
	range	6.81–26.55	<LOQ–0.453	<LOQ–0.203	1.02–3.83	17.40–42.81	34.27–67.68	0.55–2.33	0.267–0.993	<LOQ–1.952	<LOQ–0.417
	<i>N</i>	4682	2119	265	4682	4682	4682	4682	4344	4322	3858

Test + TSH: *N* = 32. 형질특이적 제초제(The trait-specific herbicides, TSH)인 glufosinate 와 glyphosate 처리.

Control: *N* = 32. 참조품종: *N* = 192.

ILSI: ILSI 값의 *N* 은 LOQ 미만의 값을 제외하고 평균값 계산에 사용된 수.

지방산 함량은 전체 지방산에 대한 % 농도

통계 분석 결과 *p* 값이 0.05 이하인 경우 굵은 이탤릭체로 표시. 정량한계 이하인 경우 통계 분석하지 않고 범위만 표시. 전체 지역에서 반복의 값이 모두 정량한계 이하인 경우에는 통계 분석을 수행하지 않음. 분석 결과가 정량한계 미만인 지방산 항목은 다음과 같다. 8:0 caprylic, 10:0 capric, 12:0 lauric, 14:0 myristic acid, 14:1 myristoleic, 15:0 pentadecanoic, 15:1 pentadecenoic, 17:1 heptadecenoic, 18:3 gamma linolenic, 20:2 eicosadienoic, 20:3 eicosatrienoic, and 20:4 arachidonic fatty acids.

4. 무기질

데이터 출처	통계치	Ca	Cu	Fe	Mg	Mn	P	K	Se ^a	Na ^b	Zn
Test + TSH	mean	35.3	1.76	18.7	1183	5.81	3071	3570	–	–	20.8
	range	26.8–56.0	1.30–2.60	16.0–21.6	1070–1320	3.68–9.33	2670–3590	3080–3990	<LOQ–0.698	<LOQ	16.0–25.0
Control	mean	36.0	2.06	19.3	1177	6.02	3033	3593	–	–	20.9
	range	26.9–48.2	1.46–3.11	15.9–23.0	994–1380	3.62–10.1	2590–3790	3280–4070	<LOQ–0.695	<LOQ–182	14.6–25.2
ANOVA (<i>t</i> -test) 분석결과 및 표준오차(SEM)											
	<i>p</i>	0.339	<0.001	0.028	0.734	0.229	0.432	0.594	–	–	0.728
	SEM	2.06	0.113	0.47	23	0.558	77	66	–	–	0.78
비유전자변형	mean	41.2	2.09	20.3	1168	5.80	3053	3807	–	–	21.3
참조품종	range	27.4–59.1	1.33–3.20	13.4–28.8	867–1400	3.15–9.10	2410–3750	3170–4640	<LOQ – 0.802	<LOQ–185	12.7–29.3
ILSI (2014)	mean	44.2	1.71	20.56	1217.0	6.45	3142.0	3690.6	0.28	24.94	22.8
	range	<LOQ–1010.0	<LOQ–21.20	9.51–191.00	594.0–1940.0	1.69–14.30	1300.0–5520.0	1810.0–6030.0	<LOQ–1.51	<LOQ–731.54	6.5–42.6
	<i>N</i>	5932	5650	5819	5823	5822	5938	5823	973	1110	5823

Test + TSH: *N* = 32. 형질특이적 제초제(The trait-specific herbicides, TSH)인 glufosinate 와 glyphosate 처리

Control: *N* = 32. 철의 경우, 두 가외치(L01/E01/R1, L04/E01/R1 시료)를 분석에 포함함.

참조품종: *N* = 192.

ILSI: ILSI 값의 *N* 은 LOQ 미만의 값을 제외하고 평균값 계산에 사용된 수.

무기질은 mg/kg 건조중으로 나타냄.

통계 분석 결과 *p* 값이 0.05 이하인 경우 굵은 이탤릭체로 표시. 전체 또는 일부 함량이 정량한계 이하인 경우, 통계분석을 수행하지 않고 범위만 표시함.

^aparts per billion (ppb)를 Covance Laboratories 에 사용하는 단위인 mg/kg 으로 전환함. 셀레늄의 LOQ 는 0.033–0.036 mg/kg 건조중임.

^b나트륨의 LOQ 는 109–121 mg/kg 건조중임.

5. 비타민

데이터 출처	통계치	Vitamin A β-carotene	Vitamin B ₁ Thiamine	Vitamin B ₂ Riboflavin	Vitamin B ₃ Niacin	Vitamin B ₆ Pyridoxine	Vitamin B ₉ Folic Acid	Vitamin E ^a α-tocopherol
Test + TSH	mean	0.178	0.357	0.202	2.05	0.531	0.0439	0.0116
	range	0.132–0.237	0.304–0.406	0.116–0.339	1.72–2.35	0.378–0.716	0.0301–0.0560	0.00780–0.0157
Control	mean	0.145	0.377	0.220	2.04	0.552	0.0432	0.0121
	range	0.116–0.165	0.295–0.490	0.119–0.351	1.67–2.36	0.414–0.666	0.0313–0.0539	0.00830–0.0155
ANOVA (<i>t</i> -test) 분석결과 및 표준오차(SEM))								
	<i>p</i>	<0.001	0.011	0.182	0.806	0.112	0.668	0.003
	SEM	0.0051	0.0128	0.0119	0.053	0.0169	0.00227	0.00072
비유전자변형	mean	0.134	0.368	0.214	2.45	0.632	0.0414	0.0132
참조품종	range	0.064–0.318	0.249–0.506	0.114–0.375	1.55–4.17	0.365–0.910	0.0232–0.0640	0.00762–0.0221
ILSI (2014)	mean	0.481	0.383	0.190	2.094	0.601	0.0575	0.0106
	range	<LOQ–4.990	<LOQ–4.000	<LOQ–0.735	<LOQ–4.694	<LOQ–1.214	<LOQ–0.3500	<LOQ–0.0687
	<i>N</i>	4373	4981	4061	4999	4998	5460	4480

Test + TSH: *N* = 32. 형질특이적 제초제(The trait-specific herbicides, TSH)인 glufosinate 와 glyphosate 처리.

Control: *N* = 32.

참조품종: *N* = 192.

ILSI: ILSI 값의 *N* 은 LOQ 미만의 값을 제외하고 평균값 계산에 사용된 수

비타민 E(mg/g)를 제외한 모든 비타민 함량은 mg/100g DW 로 나타냄.

통계 분석 결과 *p* 값이 0.05 이하인 경우 굵은 이탤릭체로 표시.

^amg/100 g 를 Covance Laboratories 에 사용하는 단위인 mg/g 으로 전환함.

6. 2차 대사산물 및 항영양소

데이터 출처	통계치	Ferulic acid (mg/kg)	<i>p</i> -Coumaric acid (mg/kg)	Inositol (ppm)	Phytic acid (%)	Trypsin inhibitor (TIU/mg)	Furfural ^a (mg/kg)	Raffinose ^b (%)
Test + TSH	mean	3431	340	2757	0.876	4.04	-	0.116
	range	3130-3960	274-437	1940-3420	0.710-1.05	2.82-5.56	<LOQ	<LOQ-0.196
Control	mean	3387	303	2528	0.883	3.87	-	0.113
	range	2920-4040	239-352	1920-3850	0.609-1.10	2.35-4.85	<LOQ	<LOQ-0.195
ANOVA (<i>t</i> -test) 분석결과 및 표준오차(SEM)								
	<i>p</i>	0.180	<0.001	0.045	0.783	0.322	-	0.444
	SEM	74	10.4	104	0.0268	0.119	-	0.0142
비유전자변형	mean	2249	222	2606	0.893	4.04	-	0.172
참조품종	range	1700-2920	113-435	1720-3890	0.503-1.34	1.67-6.09	<LOQ	<LOQ-0.386
ILSI (2014)	mean	2254.93	224.2	1737.1	0.861	3.51	3.697	0.174
	range	291.93-4397.30	<LOQ-820.0	<LOQ-4750.0	<LOQ-1.570	<LOQ-8.42	<LOQ-6.340	<LOQ-0.443
	<i>N</i>	5378	5371	4003	5762	4089	14	4585

Test + TSH: *N* = 32. 형질특이적 제초제(The trait-specific herbicides, TSH)인 glufosinate 와 glyphosate 처리.

Control: *N* = 32. 참조품종: *N* = 192.

ILSI ILSI 값의 *N* 은 LOQ 미만의 값을 제외하고 평균값 계산에 사용된 수.

각 영양성분별 단위를 표안에 표시. mg/kg, ppm, %, 트립신저해제단위(TIU). 모든 성분은 건조중을 기본으로 함

통계 분석 결과 *p* 값이 0.05 이하인 경우 굵은 이탤릭체로 표시. 전체 또는 일부 함량이 정량한계 이하인 경우, 통계분석을 수행하지 않고 범위만 표시함.

^afurfural 의 LOQ 는 0.543-0.605 mg/kg DW.

^braffinose 의 LOQ 는 0.057-0.060 mg/kg DW. 시험군과 대조군의 각 2 시료는 ANOVA 를 수행하기 위해 LOQ 로 대체함.