

후대교배종 유전자변형 면화

MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913

안전성 심사 대상 검토 결과 보고서

2022. 5. 27.

신소재식품과

< 차 례 >

1. 요약	1
2. 검토 경위	3
3. 검토 경과	3
4. 검토 방법	4
5. 검토 품목	4
6. 검토 결과	6
6-1. 교배 전 각각의 GM 농축수산물로부터 부여된 특성의 변화가 없음을 입증하는 자료	6
(삽입유전자 크기, 복제수, 염기서열, 외래전사해독프레임의 발현 가능성, 단백질 발현량, 영양성분, 유전자산물이 숙주의 대사경로에 미치는 영향 등)	
6-2. 이종간의 교배가 일어나지 않았음을 입증하는 자료	11
6-3. 섭취량, 가식부위 및 가공법이 종래의 품종과 다르지 않음을 입증하는 자료	11
6-4. 결론	11
[참고자료]	12

후대교배종 유전자변형 면화
MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913
안전성 심사 대상 검토 결과 보고서

1. 요약

몬산토코리아는 제초제내성 및 해충저항성을 나타내는 후대교배종 유전자변형(GM) 면화 MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913에 대해 식품의약품안전처에 「식품위생법」 제18조 및 「유전자변형식품등의 안전성 심사 등에 관한 규정」(이하 '심사규정'이라 한다) 제4조에 따라 안전성 심사 대상에 해당하는지 검토를 받기 위하여 신청하였고, 유전자변형식품등 안전성 심사위원회(이하 '심사위원회'라 한다)는 관련 규정에 따라 신청자가 제출한 자료를 검토하였다.

신청된 후대교배종 GM 면화 MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913은 기 승인된 모품목 GM 면화 MON88702, MON15985, COT102, MON88701 및 MON88913의 교배종으로서 각 모품목의 특성은 다음과 같다.

모품목 MON88702(승인 '21.11.22.)는 *Bacillus thuringiensis*(*Bt*) 유래 *mcry51Aa2* 유전자 도입으로 반시류 및 총채벌레류 해충저항성을 나타낸다. MON15985(승인 '03.10.02., '13.02.21.)는 *Bt* 유래 *cry1Ac*, *cry2Ab2* 유전자 도입으로 인시류 해충저항성과 *E.coli* 유래 *uidA* 및 *nptII* 유전자 도입으로 선발표지 기능을 나타낸다. COT102(승인 '14.1.9.)는 *Bt* 유래 *vip3Aa19* 유전자 도입으로 인시류 해충저항성과 *E.coli* 유래 *aph4* 유전자 도입으로 선발표지 기능을 나타낸다. MON88701(승인 '15.04.02.)는 *Stenotrophomonas maltophilia* 유래 *dmo* 유전자 및 *Streptomyces hygroscopicus* 유래 *bar* 유전자 도입으로 디캄바 및 글루포시네이트 제초제내성을 나타낸다. MON88913(승인 '06.04.07., '16.03.02.)는 *Agrobacterium sp.* strain CP4 유래 *cp4 epsps* 유전자 도입으로 글리포세이트 제초제내성을 나타낸다.

후대교배종에서 모품목의 삽입유전자가 안정적으로 유지되는지 확인하기 위하여 서던블롯(southern blot) 분석 자료를 검토한 결과, 각 모품목의 삽입유전자의 크기와 복제수가 확인되었다. 염기서열 분석 자료를 검토한 결과, 삽입유전자 및 인접 영역의 염기서열이 기존에 보고된 각 모품목의 삽입유전자 및 인접 영역의 염기서열과 일치함을 검토하였다.

각 모품목의 삽입유전자에서 유래한 발현 단백질이 후대교배종에서 동등한 수준으로 발현되는지 확인하기 위해 단백질 발현량 분석자료를 검토하였다. 가식부위인 알곡(면실)에서 후대교배종 및 각 모품목 사이에 통계적 유의차가 나타나지 않았거나, 모품목의 분석치 범위에 포함되었으며, 생물활성 비교자료 등을 통해 유의미한 차이가 아닌 것으로 확인되었다.

또한, 영양성을 확인하기 위해 후대교배종과 비변형 대조군의 주요영양성분, 미량영양성분, 항영양소 등의 함량을 비교한 결과, 유의미한 차이를 나타내지 않았다.

후대교배종은 모품목과 비교시 동일한 단백질을 발현하고 식물의 대사경로에 영향을 미치지 않으며, 섭취량, 가식부위 및 가공법에 차이가 없는 것으로 확인되었다.

따라서, 심사위원회는 후대교배종 GM 면화 MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913에 대해 교배전 각각의 모품목으로부터 부여된 특성의 변화가 없고, 이종간의 교배가 일어나지 않았으며, 섭취량, 가식부위, 가공방법이 종래의 품종과 다르지 않아 안전성에 문제가 없는 것으로 판단되어 추가적인 안전성 심사 대상이 아닌 것으로 결론 내렸다.

2. 검토 경위

- 몬산토코리아는 해충저항성 유전자변형(GM) 면화 MON88702^①, 해충저항성 GM 면화 MON15985^②, 해충저항성 GM 면화 COT102^③, 제초제내성 GM 면화 MON88701^④, 제초제내성 GM 면화 MON88913^⑤의 후대교배종 GM 면화 MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913을
- 식품위생법 제18조에 따른 「유전자변형식품등의 안전성 심사 등에 관한 규정(이하 ‘심사 규정’)」 제4조에 따라 안전성 심사 대상에 해당하는지 식품의약품안전처의 검토를 받기 위하여 2021년 12월 1일에 신청하였다.
- 이에 식품의약품안전처장은 본 품목이 심사규정에 따라 교배 전 각각의 모품목으로부터 부여된 특성의 변화가 없고, 이종 간에 교배가 일어나지 않으며, 섭취량, 가식부위 및 가공법이 종래의 품목과 다르지 않음을 입증하는 제출 자료에 대하여 식품위생법 제18조에 의한 「유전자변형식품등 안전성 심사위원회(이하 ‘심사위원회’)」에 검토 의뢰하고,
- 심사위원회는 신청인이 제출한 자료에 근거하여 아래와 같이 심사 대상에 해당하는지 검토하였다.

3. 검토 경과

- 기본 특성

특성	모품목	MON88702	MON15985	COT102	MON88701	MON88913
해충 저항성		<i>mcry51Aa2</i> 반시류, 총채벌레류 ¹⁾	<i>cry1Ac, cry2Ab2</i> 인시류 ²⁾	<i>vip3Aa19</i> 인시류		
도입 유전자	제초제 내성				<i>dmo</i> 디캄바 <i>bar</i> 글루포시네이트	<i>cp4 epsps</i> 글리포세이트
	선발표지		<i>uidA, nptII</i> 선발표지	<i>aph4</i> 선발표지		
승인일		2021.11.22.	2003.10.02. 2013.02.21.	2014.01.09.	2015.04.02.	2006.04.07. 2016.03.02.

- 1) 반시류 : 빈대 등 절지동물 곤충류/총채벌레류 : 날개 위에 난 가는 털이 총채 모양을 한 해충
- 2) 인시류 : 나비류, 나방류

- 검토 경과

- 2021년 12월 1일 : 후대교배종의 안전성 심사 대상 검토 신청
- 2022년 1월 18일 : 제1차 심사위원회
- 2022년 4월 19일 ~ 26일 : 제2차 심사위원회(서면)

4. 검토 방법

- 신청자가 제출한 교배 전 각각의 모품목으로부터 부여된 특성에 변화가 없고 이종간에 교배가 일어나지 않으며 섭취량, 가식부위 및 가공법이 종래의 품목과 다르지 않음을 입증하는 자료를 검토하여 본 품목이 유전자변형식품 안전성 심사 대상에 해당되는지 여부를 판단하였다.

5. 검토 품목

- 후대교배종 GM 면화 MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913은 해충저항성 GM 면화 MON88702^①, 해충저항성 GM 면화 MON15985^②, 해충저항성 GM 면화 COT102^③, 제초제내성 GM 면화 MON88701^④, 제초제내성 GM 면화 MON88913^⑤의 교배종으로서 기 승인된 각 모품목의 특성 및 관련 후대교배종은 다음과 같다.

① **MON88702** [신청자 : 몬산토]

- 특성 : 해충저항성(*mcry51Aa2*)
- 승인 : 2021.11.22.

② **MON15985** [신청자 : 몬산토]

- 특성 : 해충저항성(*cry1Ac*, *cry2Ab2*) 및 선발표지(*nptII*, *uidA*)
- 승인 : 2003.10.2., 2013.2.21.
- 관련 후대교배종 (7종)
 - 15985×1445 (2004.12.02.)
 - 15985×LLCotton25 (2006.7.3.)
 - 15985×MON88913 (2006.7.3.)
 - GHB614×LLCotton25×MON15985 (2013.1.3.)
 - MON88017×MON88913×MON15985 (2015.8.26.)
 - COT102×MON15985×MON88913 (2015.11.24.)
 - COT102×MON15985×MON88913×MON88701(2016.4.27.)

③ **COT102** [신청자 : 신젠타]

- 특성 : 해충저항성(*vip3Aa19*) 및 선발표지(*aph4*)
- 승인 : 2014.01.09.
- 관련 후대교배종 (9종)
 - 281/3006×COT102×MON88913(2014.06.24.)
 - GHB614×T304-40×GHB119×COT102(2015.03.18.)
 - COT102×MON15985×MON88913(2015.11.24.)

COT102×MON15985×MON88913×MON88701(2016.04.27.)
281/3006×COT102×MON88913×DAS-81910-7(2017.06.28.)
GHB811×T304-40×GHB119×COT102(2021.11.22.)
GHB811×T304-40×GHB119×COT102×MON88701(2022.02.03.)
281/3006×COT102×DAS-81910-7(2022.02.28.)
T304-40×GHB119×COT102(2022.04.22.)

④ **MON88701** [신청자 : 몬산토]

- 특성 : 제초제내성(*dmo bar*)
- 승인 : 2015.4.2.
- 관련 후대교배종 (4종)
MON88701×MON88913×MON15985(2015.8.26.)
COT102×MON15985×MON88913×MON88701(2016.4.27.)
MON88701×MON88913(2016.8.26.)
GHB811×T304-40×GHB119×COT102×MON88701(2022.02.03.)

⑤ **MON88913** [신청자 : 몬산토]

- 특성 : 제초제내성(*cp4 epsps*)
- 승인 : 2006.4.7., 2016.3.2.
- 관련 후대교배종 (8종)
15985×MON88913 (2006.7.3.)
281/3006×MON88913(2006.11.8.)
281/3006×COT102×MON88913 (2014.6.24.)
MON88701×MON88913×MON15985 (2015.8.26.)
COT102×MON15985×MON88913(2015.11.24.)
COT102×MON15985×MON88913×MON88701 (2016.4.27.)
MON88701×MON88913(2016.8.26.)
281/3006×COT102×MON88913×DAS-81910-7(2017.6.28.)

6. 검토 결과

6-1. 교배 전 각각의 GM 농축수산물로부터 부여된 특성의 변화가 없음을 입증하는 자료

가. 삽입유전자 크기와 복제수

- 삽입체의 크기 및 복제수

특성	모본	MON88702	MON15985	COT102	MON88701	MON88913
해충 저항성		<i>mcry51Aa2</i> 반시류, 총채벌레류	<i>cry1Ac, cry2Ab2</i> 인시류	<i>vip3Aa19</i> 인시류		
도입 유전자					<i>dno</i> 디캄바 <i>bar</i> 글루포시네이트	<i>cp4 epsps</i> 글리포세이트
선발표지			<i>uidA, nptII</i> 선발표지	<i>aph4</i> 선발표지		
크기		3143 bp	5719 bp (MON 15985 insert) 9316 bp (MON 531 insert)	7475 bp	4105 bp	8512 bp
복제수		single copy	single copy	single copy	single copy	single copy

- 후대교배종 GM 면화 MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913의 모품목인 MON88702, MON15985, COT102, MON88701 및 MON88913의 삽입유전자가 안정적으로 보존되는지 확인하기 위하여 서던블롯(southern blot) 분석자료¹⁾를 검토한 결과, 각각의 삽입유전자가 안정적으로 존재하고 있음이 확인되었다.

나. 삽입유전자 염기서열 및 주변 염기서열

- 후대교배종의 서열분석 자료^{2~4)}를 검토한 결과, 삽입유전자 및 인접 영역의 염기서열이 기존에 보고된 모품목 MON88702, MON15985, COT102, MON88701 및 MON88913의 삽입유전자 및 인접 영역의 염기서열과 일치하여 후대교배종에서 모품목의 삽입유전자가 유지됨을 확인하였다.

다. 이미 알려져 있는 독소, 알레르겐을 암호화하는 유전자와 상동성, 외래전사해독프레임 유무와 그 전사 및 발현 가능성(단, 염기서열에 변화가 있는 경우에 한한다.)

- 서열분석 자료^{2~4)}를 검토한 결과, 후대교배종과 모품목의 염기서열에 변화가 없는 것으로 확인되었다.

라. 단백질 발현량

- 2016년 미국의 5개 포장시험 장소에서 생산된 잎, 뿌리 및 알곡에 대하여 다중면역분석법 (multiplexed immunoassay)을 이용한 단백질 발현량 측정 자료⁵⁾가 제출되었다. 각 시험 장소에서 재배된 MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913과 각각의 모품목인 MON88702, MON15985, COT102, MON88701 및 MON88913이 포함된 반복 시험구 4개를 난괴법*으로 재배하여 측정하였다.

* 난괴법(randomized block design) : 모든 처리가 한 블록 안에 포함되도록 하고 블록의 시험구를 무작위로 배치하는 시험계획법

- 제출된 단백질 발현량 자료에서 가식부위인 알곡(면실)에 대한 자료를 중심으로 검토하였다.

① mCry51Aa2

- 알곡에서 후대교배종 및 모품목 MON88702의 단백질 발현량 사이에 통계적 유의차가 나타났으나, 후대교배종의 분석치 범위(120~270 µg/g)는 모품목의 과거 분석치 범위 (14~510 µg/g)내에 포함되었다.

② Cry1Ac

- 알곡에서 후대교배종 및 모품목 MON15985의 단백질 발현량 사이에 통계적 유의차가 나타나지 않았다.

③ Cry2Ab2

- 알곡에서 후대교배종 및 모품목 MON15985의 단백질 발현량 사이에 통계적 유의차가 나타나지 않았다.

④ NPTII

- 알곡에서 후대교배종 및 모품목 MON15985의 단백질 발현량 사이에 통계적 유의차가 나타났으나, 후대교배종의 분석치 범위(1.3~6.6 µg/g)는 모품목의 분석치 범위(5.2~9.6 µg/g) 보다 낮았다.

⑤ GUS

- 알곡에서 후대교배종 및 모품목 MON15985의 단백질 발현량 사이에 통계적 유의차가 나타나지 않았다.

⑥ Vip3Aa19

- 알곡에서 후대교배종 및 모품목 COT102의 단백질 발현량은 LOQ 미만으로, 통계분석은 실시되지 않았다.

⑦ APH4

- 알곡에서 후대교배종 및 모품목 COT102의 단백질 발현량은 LOQ 미만으로, 통계분석은 실시되지 않았다.

⑧ DMO

- 알곡에서 후대교배종 및 모품목 MON88701의 단백질 발현량 사이에 유의차가 나타났고, 후대교배종의 일부 값들은 모품목 MON88701의 과거 발현량 범위를 벗어났지만, 면실에서 관찰된 통계적 유의차는 다른 조직에서는 관찰되지 않았고, 제초제 처리에 대한 생물활성 비교자료⁶⁾ 등을 검토한 결과 동일함을 확인하였다.

⑨ PAT(*bar*)

- 알곡에서 후대교배종 및 모품목 MON88701의 단백질 발현량 사이에 유의차가 나타났고, 후대교배종의 일부 값들은 모품목 MON88701의 과거 발현량 범위를 벗어났지만, 면실에서 관찰된 통계적 유의차는 다른 조직에서는 관찰되지 않았고, 제초제 처리에 대한 생물활성 비교자료 등을 검토한 결과 동일함을 확인하였다.

⑩ CP4 EPSPS

- 알곡에서 후대교배종 및 모품목 MON88913의 단백질 발현량 사이에 유의차가 나타났으나, 후대교배종의 분석치 범위(160~540 µg/g)는 모품목의 과거 분석치 범위(72~580 µg/g) 내에 포함되었다.

마. 영양성분, 이차대사산물 및 항영양소

- 후대교배종의 성분 조성을 모품목과 비교하여 변화가 없음을 확인하기 위한 영양성분, 이차대사산물 및 항영양소 분석자료⁷⁾가 제출되었다. 2016년 미국 5개 포장시험 장소에서 후대교배종, 비변형 대조군(non-GM)을 포장시험 장소별 반복시험구 4개를 난괴법으로 재배하여 측정되었다.

- OECD 권고항목[Consensus Document on Compositional Considerations for New Varieties of Cotton(2009)]에 기반하여 선정된 성분 중, 총 40개 성분에 대해 통계분석을 실시하였다.

① 단백질 및 아미노산

- 시스틴, 메티오닌에서는 통계적 유의차가 나타나지 않았다.
- 단백질, 알라닌, 아르기닌, 아스파르트산, 글루탐산, 글리신, 히스티딘, 이소류신, 류신, 리신, 페닐알라닌, 프롤린, 세린, 트레오닌, 트립토판, 티로신 및 발린에서 통계적 유의차가 나타났으나, 허용범위 또는 문헌범위⁸⁾ 이내였다.

② 지방 및 지방산

- Total fat, Myristic acid, Linoleic acid, Linolenic acid에서는 통계적 유의차가 나타나지 않았다.
- Palmitic acid, Palmitoleic acid, Stearic acid 및 Oleic acid에서 통계적 유의차가 나타났으나, 허용범위 또는 문헌범위 이내였다.

③ 탄수화물 및 섬유질

- ADF(Acid detergent fiber), NDF(Neutral detergent fiber)에서는 통계적 유의차가 나타나지 않았다.
- 탄수화물 및 총 식이섬유에서 통계적 유의차가 나타났으나, 허용범위 또는 문헌범위 이내였다.

④ 회분 및 무기질

- 회분, 인에서는 통계적 유의차가 나타나지 않았다.
- 칼슘에서 통계적 유의차가 나타났으나, 허용범위 또는 문헌범위 이내였다.

⑤ 비타민

- Vitamin E에서 통계적 유의차가 나타나지 않았다.

⑥ 이차대사산물 및 항영양소

- 총 고시폴(Total gossypol), 유리 고시폴(Free Gossypol), 스테르쿨산(Sterculic acid)에서는 통계적 유의차가 나타나지 않았다.
- 말발산(Malvalic acid) 및 디하이드로스테르쿨린산(Dihydro-sterculic acid)에서 통계적 유의차가 나타났으나, 허용범위 또는 문헌범위 이내였다.

바. 유전자산물이 숙주의 대사경로에 미치는 영향

- 후대교배종 MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913에서 발견되는 단백질에 대해 문헌자료 등을 중심으로 유전자산물이 숙주의 대사경로에 미치는 영향을 다음과 같이 설명하였다.

① mCry51Aa2, Cry1Ac, Cry2Ab2

- 일반적으로, mCry51Aa2, Cry1Ac 및 Cry2Ab2와 같은 Cry 단백질의 작용기작은 Cry 단백질에 민감한 곤충 종의 장 조직의 특정 수용체에 결합 장 내 기공형성으로 곤충이 치사하게 된다. 이들의 특수성은 단백질분해효소(protease)에 의한 활성화 및 곤충 중장(midgut) 내 미세융모막(brush border membrane)의 특정 수용체에 대한 결합에 의해 부분적으로 매개된다. mCry51Aa2, Cry1Ac 및 Cry2Ab2를 포함한 Cry 단백질들은 식물 대사작용에 영향을 미치는 효소 활성이 없는 것으로 간주된다⁹⁾.

② Vip3Aa19

- Vip3Aa19는 영양생장 과정에서 *Bacillus thuringiensis*에 의해 세포 외 환경으로 분비되는 식물성 살충단백질이며, 정지상(포자형성단계) 동안 계속 발현된다^{10~11}. Vip3Aa19 단백질은 인시류 해충에 독성을 나타낸다. Vip3Aa19 단백질은 Cry1Ab나 기타 알려진 Cry 단백질과 상동성이 없지만 방대한 시험에서 Vip3Aa19는 면화의 주요 해충을 포함하여 특정 인시류 유충에 대해 비슷한 독성을 보이는 것으로 확인되었다¹². Vip 단백질을 섭취한 후 민감한 인시류 유충이 보이는 증상은 Cry 단백질로 인한 증상(섭식중단, 장 연동운동 소실, 전신마비, 폐사)과 비슷하다¹³.

③ DMO

- DMO 단백질은 mono-oxygenase로 분류되는 효소이며, 식물의 근권(rhizosphere)에서 발견되며 환경에 편재하는 세균인^{14~16} *S. maltophilia* 유래 *dmo* 유전자의 코돈 최적화된(codon optimized) 서열이 암호화하는 단백질이다^{17~18}. Mono oxygenase는 산소원자 하나를 히드록시기(hydroxyl group)로 통합시키면서 동시에 물을 생성하고 nicotinamide adenine dinucleotide(NADH)를 산화시키며¹⁹, 세균에서 식물에 이르기까지 다양한 생물문(phyla)에서 발견된다^{20~21}. DMO는 Rieske-형 비-헴 철 oxygenase(Rieske-type non-heme iron)이며 reductase, ferredoxin 및 말단 oxygenase로 구성된 3요소 체계의 일부이다. 이 세 개의 단백질은 다른 많은 oxygenase와 유사하게 산화환원계(redox system)에서 함께 작용하여, NADH로부터 전자를 산소로 전달하고, 전자 수용체 기질(이 경우 디캄바)의 탈메틸화를 촉진한다. DMO는 디캄바를 비제초성 화합물(non-herbicidal compound)인 3,6-dichlorosalicylic acid(DCSA)와 formaldehyde로 탈메틸화하는 반응을 촉매하며²², DCSA는 옥수수, 면화, 콩, 가축, 토양에서 발견되는 디캄바의 알려진 대사산물이다.

④ PAT(*bar*)

- PAT 단백질들은 acetyl CoA 존재 하에서 글루포시네이트에 매우 특이적이다^{23~24}. 글루포시네이트의 제초 활성(herbicidal activity)은 L-아미노산 형에서 비롯되지만 다른 L-아미노산은 PAT 단백질에 의해 아세틸화될 수 없으며, 글루포시네이트와 고농도의 다른 아미노산, PAT이 포함된 경쟁시험(competition assay)에서 글루포시네이트 아세틸화의 억제 는 보이지 않았다. 뿐만 아니라 글루포시네이트의 유사체인 L-글루탐산 경쟁시험에서도 글루포시네이트 아세틸화의 억제는 보이지 않았다²⁴. 또한, PAT(*bar*) 단백질은 L-phosphinothricin에 대한 친화도가 다른 식물 유사체들보다 30배 이상 높다²⁵. 최근의 대사 프로파일링(metabolic profiling)은 *A. thaliana*의 노화된 잎 추출물에서 2개의 아미노산(aminoadipate 및 tryptophan) 의 비특이적 PAT(*bar*) 매개 아세틸화를 보고했지만²⁶, 식품원(article of commerce)인 면실 또는 PAT(*bar*)을 발현하는 면화 식물들에서는 이러한

관찰에 대해 보고된 바 없다. 게다가 글루포시네이트 내성 작물들은 이들 작물들로부터 유래한 식품 및 사료가 인간 및 동물에 의해 수년간 안전하게 섭취되어온 안전한 사용 이력(history of safe use)을 가지고 있다²⁷⁾.

⑤ CP4 EPSPS

- CP4 EPSPS 단백질은 식물과 미생물에 존재하며 동물에는 존재하지 않는 EPSP synthase (EPSPS) 효소류에 속한다. EPSPS 효소는 식물의 엽록체에서 방향족 아미노산을 생산하는 shikimic acid 생화학 경로 중 한 단계에 관여한다. MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913에 존재하는 *cp4 epsps* 유전자는 일반 토양세균인 *Agrobacterium sp.* strain CP4에서 유래하였다. 식물의 고유의 EPSPS는 Roundup 제초제의 활성성분인 글리포세이트에 의해 억제되지만, CP4 EPSPS 효소는 글리포세이트의 억제효과에 훨씬 덜 민감하다²⁸⁾.

- 이와 같이 상이한 단백질 계열은 서로 독립적인 구조 및 기능을 가지며, 이들 단백질이 상호작용하여 인간이나 동물 등 비표적 종에서 위대한 영향을 유발할 가능성은 거의 없을 것이다. 작용기작과 성분분석 결과, 후대교배종에 삽입된 단백질들의 대사경로에 비의도적 영향이 없을 것으로 판단된다.

6-2. 이종간의 교배가 일어나지 않았음을 입증하는 자료

- 제출된 육종방법 자료²⁹⁾를 검토한 결과, 후대교배종 GM 면화 MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913은 동종교배에 의해 육종되었음이 확인되었다.

6-3. 섭취량, 가식부위 및 가공법이 종래의 품종과 다르지 않음을 입증하는 자료

- 후대교배종 GM 면화 MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913은 모품목 MON88702, MON15985, COT102, MON88701 및 MON88913 면화를 교배, 육종한 것으로서 모품목과 비교하여 섭취량, 가식부위 및 가공법에 차이가 없다.

6-4. 결론

- 「제206차 유전자변형식품등 안전성 심사위원회」에서 후대교배종 GM 면화 MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913은 교배전 각각의 모품목으로부터 부여된 특성의 변화가 없고, 이종간의 교배가 일어나지 않았으며, 섭취량, 가식부위, 가공방법이 종래의 품종과 다르지 않아 안전성에 문제가 없는 것으로 판단되어 추가적인 안전성 심사 대상이 아닌 것으로 결론 내렸다.

[참고자료]

1. Southern Blot Analyses to Confirm the Presence of MON88702, MON15985, COT102, MON88701 and MON88913 in the Combined Trait Cotton Product MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913(개발사, 2018)
2. Amended from MSL0029106: Sequence Analysis of the MON88702, MON15985, MON531, MON88701, and MON88913 Inserts in the Combined Trait Product MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913 (개발사, 2019)
3. Long Read Sequence Analysis of the MON 531 Insert in the Combined Trait Product MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913(개발사, 2021)
4. Event COT102: Insert and Flanking Regions Sequence Analysis of Event COT102 in the Combined Trait Product Represented in the Test Material ID LBCDR-01(개발사, 2018)
5. Ammended from MSL0029404: Assessment of mCry51Aa2, Cry1Ac, Cry2Ab2, NPTII, GUS, Vip3Aa19, APH4, DMO, PAT (*lat*) and CP4 EPSPS Protein Levels in Cotton Tissues Collected from MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913 Produced in United States Field Trials During 2016 (개발사, 2021)
6. Plant Response Evaluation of Cotton MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913 to Glyphosate, Glufosinate and Dicamba Herbicides(개발사, 2018)
7. Compositional Analyses of Cottonseed from MON88702×MON15985×COT102×MON88701×MON88913 Grown in the United States During the 2016 Season (개발사, 2020)
8. ILSI Crop Composition Database, 2019 (Accessed January 17, 2019)
9. OECD. 2007. Consensus document on safety information on transgenic plants expressing *Bacillus thuringiensis* derived insect control proteins. ENV/JM/MONO(2007)14. Series on Harmonisation of Regulatory Oversight in Biotechnology No. 42. Organisation for Economic Cooperation and Development, Paris, France.
10. Donovan et al., (2001) Gene knockout demonstrates that vip3A contributes to the pathogenesis of *Bacillus thuringiensis* toward *Agrotis ipsilon* and *Spodoptera exigua*. *Journal of Invertebrate Pathology* 78:45-51.
11. Rice et al., (1999) Specific primers for the detection of vip3A insecticidal gene within a *Bacillus thuringiensis* collection. *Letters in Applied Microbiology* 28:378-382.
12. U.S. EPA. (2008) Biopesticides registration action document: *Bacillus thuringiensis* modified Cry1Ab (SYN IR67B 1) and Vip3Aa19 (SYN IR102 7) insecticidal proteins and the genetic material necessary for their production in COT102 X COT67B cotton. U.S. Environmental Protection Agency, Washington, D.C. http://www.epa.gov/oppbppd1/biopesticides/ingredients/tech_docs/brad_006529.pdf [Accessed April 17, 2012].
13. Yu et al., (1997) The *Bacillus thuringiensis* vegetative insecticidal protein Vip3A lyses midgut epithelium cells of susceptible insects. *Applied and Environmental Microbiology* 63:532-536.
14. Berg et al.,(1999) Genotypic and phenotypic relationships between clinical and environmental isolates of *Stenotrophomonas maltophilia* . *Journal of Clinical Microbiology* 37:3594-3600.

15. Echemendia, Y. (2010) Microorganism of the month: *Stenotrophomonas maltophilia*. Environmental Microbiology Laboratory, Inc., Cherry Hill, New Jersey. http://www.emlab.com/s/sampling/env_report_07_2007.html [Accessed August 10,]
16. Ryan et al., (2009) The versatility and adaptation of bacteria from the genus *Stenotrophomonas*. *Nature Reviews Microbiology* 7:514-525.
17. Herman et al., (2005) A three component dicamba O demethylase from *Pseudomonas maltophilia*, strain DI 6: Gene isolation, characterization, and heterologous expression. *The Journal of Biological Chemistry* 280:24759-24767.
18. Wang et al., (1997) A three component enzyme system catalyzes the O demethylation of the herbicide dicamba in *Pseudomonas maltophilia* DI 6. *Applied and Environmental Microbiology* 63:1623-1626.
19. Harayama et al., (1992) Functional and evolutionary relationships among diverse oxygenases. *Annual Review of Microbiology* 46:565-601.
20. Ferraro et al., (2005). Rieseke business: Structure function of Rieseke non heme oxygenases. *Biochemical and Biophysical Research Communications* 338:175-190.
21. Schmidt et al., (2001) A comprehensive phylogenetic analysis of Rieseke and Rieseke type iron sulfur proteins. *Journal of Bioenergetics and Biomembranes* 33:9-26.
22. Chakraborty et al., (2005) A three component dicamba O demethylase from *Pseudomonas maltophilia*, strain DI 6: Purification and characterization. *Archives of Biochemistry and Biophysics* 437:20-28.
23. Thompson et al., (1987) Characterization of the herbicide resistance gene bar from *Streptomyces hygroscopicus*. *EMBO Journal* 6:2519-2523.
24. Wehrmann et al., (1996) The similarities of bar and pat gene products make them equally applicable for plant engineers. *Nature Biotechnology* 14:1274-1278.
25. Thompson et al., (1987) Characterization of the herbicide resistance gene bar from *Streptomyces hygroscopicus*. *EMBO Journal* 6:2519-2523.
26. Christ, et al., (2017) Non specific activities of the major herbicide resistance gene BAR. *Nature Plants* 3:937-945.
27. ISAAA. (2017) Global status of commercialized biotech/GM crops in 2017: Biotech crop adoption surges as economic benefits accumulate in 22 years. ISAAA Briefs No. 53. International Service for the Acquisition of Agri biotech Applications, Ithaca, New York.
28. Padgett et al., (1996) New weed control opportunities: Development of soybeans with a Roundup Ready™ gene. Pages 53-84 in *Herbicide Resistant Crops: Agricultural, Environmental, Economic, Regulatory, and Technical Aspects*. S.O. Duke (ed.). CRC Press, Inc., Boca Raton, Florida.
29. 교배 육종 방법 확인을 위한 육종모식도 자료 (개발사, 2021)