

Weed & Turfgrass Science was renamed from both formerly Korean Journal of Weed Science from Volume 32 (3), 2012, and formerly Korean Journal of Turfgrass Science from Volume 25 (1), 2011 and Asian Journal of Turfgrass Science from Volume 26 (2), 2012 which were launched by The Korean Society of Weed Science and The Turfgrass Society of Korea founded in 1981 and 1987, respectively.

LM콩과 야생콩인 돌콩의 교잡후대종 종자의 특성 평가

박해림[†] · 육민정[†] · 김도순^{*}

서울대학교 농업생명과학대학 농업생명과학연구소 & 식물생산과학부

Characterization of Soybean Hybrid Seeds Resulted from Natural Hybridization between LM Soybean and Wild Soybean

Hae-Rim Park, Min-Jung Yook, and Do-Soon Kim^{*}

Department of Plant Science, Research Institute of Agriculture and Life Sciences, College of Agriculture and Life Sciences, Seoul National University, Seoul 08826, Korea

ABSTRACT. With increasing LM soybean import, the concern about unintentional gene flow from LM soybean to wild soybean and consequential weedy risk has been growing. Therefore, we conducted this study to characterize seed traits including germination of hybrids resulted from gene flow from LM soybean to wild soybean in comparison with their parents, LM soybean and wild soybean. Pollen-donor LM soybean seeds were much greater and heavier (about 15.0 g of 100 seed weight) than F2 hybrid (5.7 g), while pollen-recipient wild soybean and F1 hybrid seeds were smallest and lightest (about 2.5 g). F2 hybrid was brown, intermediate between yellow LM soybean seed and black wild soybean seed. These findings indicate that F1 hybrid seeds show similar characteristics with wild soybean, while F2 hybrid seeds show intermediate color and size between two parents. F2 hybrid seed showed intermediate traits between two parents in germination and dormancy rates, which were 35% and 65%, respectively. LM soybean showed no dormancy, while wild soybean showed greater than 90% dormancy. This finding indicates that F2 hybrid show intermediate characteristics in seed germination with high dormancy trait, suggesting a potential weediness of hybrids resulted from gene flow from LM soybean to wild soybean.

Key words: Dormancy, Gene flow, *Glycine max*, *Glycine soja*, LM soybean, Weedy risk, Wild soybean

Received on November 14, 2016; Revised on November 15, 2016; Accepted on November 16, 2016

^{*}Corresponding author: Phone) +82-2-880-4542, Fax) +82-2-877-4550; E-mail) dosoonkim@snu.ac.kr

[†]These authors contributed equally to the paper.

© 2016 The Korean Society of Weed Science and The Turfgrass Society of Korea

This is an Open-Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0>) which permits unrestricted noncommercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

서 론

전 세계적으로 유전자변형(living modified; LM) 작물의 재배면적은 최초의 LM작물의 상업적 재배가 허용된 1996년 이후 기하급수적으로 증가하여 2014년 LM작물의 재배면적은 1억 8,150만 ha에 달하고 있다(James, 2014). 국내에는 LM작물의 상업적 재배가 승인된 사례는 없으나, 식용 또는 사료용으로 수입되고 있으며 유통되는 과정에서 비의도적인 환경유출 우려가 높아지고 있다(KBCH, 2015). 2009년 인천항에서 LM작물의 유출이 발견된 이래로, 2013년에는 전국 18개 지역에서 21개의 LM작물이 발견되었

나(Kim et al., 2006; Lee et al., 2009) 이렇게 비 의도적으로 유출된 LM작물에 의해 발생될 유전자 이동이나 잡초화에 대한 연구는 거의 시도된 적이 없다. 국내에서 LM작물에 관한 연구는 주로 기존 작물품종에 새로운 유전자를 유전자변형 기술을 통해 도입하는 연구에 집중되어 있으며, LM작물로부터 근연종 및 야생종으로 유전자 이동과 유전자 이동이 발생한 이후의 교잡 후대종의 특성과 이로부터 발생할 수 있는 생태계 교란 가능성에 대한 연구는 매우 제한적이다.

유전자 변형 콩은 세계 4대 유전자변형 작물 중 하나이며, LM작물 재배면적의 약 50%를 차지하고 있다. 재배콩

(*Glycine max* L.)과 일년생 야생콩인 돌콩(*Glycine soja*)은 같은 *Glycine* 속, 그 중에서도 *Soja* 아속에 속하며 염색체 수가 동일하여(2n=40) 종간 교잡이 가능하다(Lu, 2004). 한편 콩은 자화수분 작물이므로 LM콩과 야생콩 간 교잡 1세대(F1) 개체가 생태계 내에서 살아남을 경우 자식에 의해 계속해서 도입 유전자를 포함한 후대를 생산하게 되어 생태계에 교란을 야기시킬 수 있다(Gepts and Papa, 2003). 현재까지 전세계적으로 LM콩 경작지에서 LM콩과 야생콩의 교잡후대종이 자연 발생된 사례는 없으나 LM콩으로부터 야생콩으로 유전자 이동은 6 m까지 발생 가능한 것으로 보고되었고(Mizuguti et al., 2010), 재배콩과 야생콩의 중간형태를 띠는 자연 교잡종(*Glycine gracilis*)이 중국과 일본에서 발견되었다(Wang et al., 2010). 이는 LM콩이 재배되거나 비의도적으로 유출될 경우 인근에 자생하고 있는 야생콩으로의 유전자 이동 및 자연교잡 후대종 발생이 가능하다는 것을 시사한다. 특히 한국을 포함한 동아시아는 콩의 원산지로서 야생종이 전국적으로 분포하고 있어 재배콩 및 야생콩 간 유전자 이동과 교잡 후대종 생산 가능성이 보다 높을 것으로 예상되기에 이에 관한 연구가 시급하다(Yu and Kiang, 1993; Lee et al., 2008).

국내 농업생태계에서 LM콩을 비롯한 LM작물은 생애 주기적 관점에서 보면 콩의 재배시기인 5월에서 10월까지 화분(pollen)이나 종자(seed)의 형태로 생태계로 유출될 수 있다. 야생콩의 경우 콩 재배지역 인근의 길가나 산지 등에서 잡초화되어 성장하고 있으므로 종간 유전자 이동 가능성이 존재한다. 야생콩은 줄기가 포복형이고 무한 신육형으로서 자연환경에 대한 적응성이 재배콩보다 상대적으로 더 높다. 또한 재배콩과 비교하여 개체 당 꼬투리 및 종자수가 많으며, 탈립성이 높고 두꺼운 종피를 지니고 있는 등(Hymowitz, 1970; Ohara and Shimamoto, 1994) 잡초화 가능성이 큰 특성을 지니고 있다. 잡초화 가능성이 높은 야생콩에 제초제나 해충 저항성 등 식물체의 적응력을 높이는 LM콩 도입유전자의 유전자 침투가 발생한다면 방제하기 매우 어려운 잡초가 될 뿐만 아니라 야생콩의 생물 다양성을 저하시킬 우려가 있다. 특히 교잡 후대 종자가 자연 생태계에서 활력 있는 종자 형태로 월동하여 다음 주기까지 살아남게 되었을 경우, 이후부터는 자식을 통해 종자를 생산하기 때문에 세대 진전이 진행되더라도 타가수분 작물에 비해 도입 유전자가 희석되지 않은 채로 생태계에 계속해서 살아 남을 수 있다. 이처럼 LM콩과 야생콩 간 교잡 후대종이 생태계 내에서 생존하고 세대를 진전시키기 위해서는 초기 세대의 종자의 활력 및 발아휴면 특성이 매우 중요한 역할을 한다.

따라서 본 연구는 LM콩으로부터 야생콩으로 유전자 이동으로 인해 생산된 교잡 후대종의 잡초화 가능성을

위해 LM콩과 돌콩 간 자연교잡종의 종자특성과 발아휴면 특성을 평가하고자 수행되었다.

재료 및 방법

공시재료

LM콩과 야생콩의 교잡후대종의 종자 특성을 평가하기 위해서 재배콩인 광안콩(*Glycine max* L. cv. Kwangan, 2n=40)에 염 스트레스 저항성 유전자인 AtSIZ를 도입한 LM콩(♂)과 돌콩(*Glycine soja* cv. IT 182932, 2n=40)(♀)의 자연교잡으로 얻은 교잡 후대종(F1, F2), 재배콩인 광안콩을 공시하였다. 광안콩과 LM콩 종자는 동아대학교에서 분양을 받았는데 LM콩의 경우 AtSIZ 유전자 카세트 내에 선발마커로 제초제 glufosinate 저항성 유전자(*bar-gene*)가 삽입되었다. 돌콩은 한국생명공학연구원에서 분양 받았다. 2013년 5월부터 10월까지 수원시 소재 서울대학교 실험농장의 LMO 격리포장에서 LM콩을 화분 공여자로 돌콩을 화분 수용체로 자연교배하여 돌콩에서 교잡의심 1세대(F1) 종자를 얻었다(LMO 환경방출시험 승인 제2013-088호). 본 연구에서 사용한 LM콩은 도입 유전자가 단일 copy로 존재하므로 멘델의 유전법칙에 따라 F1 집단의 50%만이 도입유전자를 포함하고 있다, 따라서 이들 확보된 교잡의심 F1종자를 대상으로 제초제 스크리닝 및 PCR 검정을 통해 도입유전자가 확인된 F1 교잡종을 2015년 5월부터 10월까지 LMO 격리포장에서 자가교배하여 교잡 2세대(F2) 종자를 확보하였다(LMO 환경방출시험 승인 제2015-002호). 확보한 F2 집단은 멘델 유전법칙에 따라 75%가 도입유전자를 포함하고 25%는 도입유전자가 존재하지 않는 두 개의 유전자형 집단으로 구성되어 있다. F1 교잡종 선발 및 F2종자 확보와 동일한 시기에 광안콩, LM콩과 돌콩도 LMO포장에 격리하여 자가교배 시켜 11월에 전량 수확하여 종자 특성 및 발아특성 평가 실험에 사용하였다.

제초제 스크리닝 및 PCR 검정

Glufosinate 저항성 유전자 *bar* 유전자가 삽입된 돌콩(♀) × LM콩(♂) 교잡 1세대(F1) 개체를 확보하기 위해 돌콩과 LM콩 교잡의심 개체에 glufosinate-ammonium (Basta, Bayer CropScience, Korea) 처리 후 생존개체를 선발하고, *bar* 유전자 검출 프라이머를 이용한 PCR 검정을 실시하였다. 돌콩에서 수확한 교잡의심 1세대 종자의 경우 종자 특성이 돌콩과 흡사하여 두꺼운 종피를 가지고 있으므로 물리적 휴면타파를 실시하였다. 교잡의심 1세대 종자를 상토로 채워진 200공 다공포트에 파종하고 제 1본엽기에 glufosinate를 0.9 g a.i. ha⁻¹의 약량으로 처리한 후 7일차에 생존개체만을 선발하였다. 생존개체 앞에서 DNA를 추출한 후 *bar*

유전자 특이적 프라이머(F: 5'-CCGTGCCACCGAGGCGG ACAT-3'; R: 5'-TCAAATCTCGGTGACGGGCAGGACC-3')를 제작해 PCR 검정을 실시하였다. 그리고 콩 내재 유전자(Lectin) 프라이머(F: 5'-TCTTGGGATTTGGCCAACAA TA-3'; R: 5'-TTAGATGGCCTCATGCAACAC-3')를 양성 대조군으로 사용하여 샘플이 정상적으로 PCR 검정이 되었는지 확인하였다. PCR 검정은 95°C에서 2분 간 DNA 이중나선을 변성시킨 후, 95°C 30초, 64°C 30초, 72°C 30초의 과정을 30회 반복하고 72°C 5분의 조건으로 수행하였다. 상기 PCR 산물을 전기영동하여 젤 상에서 유전자 유무를 판단하였다.

종자의 형태적 특성 평가

LM콩에서 화분이동에 따른 돌콩과의 교잡 후대종 종자의 형태적 특성 변화를 평가하기 위하여 광안콩, LM콩, 돌콩 그리고 교잡 후대종(F1, F2)의 종자의 정상립을 선발하여 digital caliper를 이용해 종자의 길이(seed length)와 폭(seed width)을 측정하였다. 각각의 특성은 10립씩 3반복으로 실시하였다. 100립 중은 정상립 가운데 100립을 무작위로 선발하여 3반복으로 무게를 측정하였으며, 종피색은 달관평가로 실시하였다.

종자의 발아특성 평가

교잡 후대종(F2) 종자의 발아특성 변화를 평가하기 위하여 종자 수확 직후 발아실험을 실시하였다. F1종자의 자가 교배로 확보된 F2 종자와 대조로 광안콩, LM콩, 돌콩 종자를 2015년 11월에 수확 직후 스포탁 50 µL와 증류수 100 ml를 혼합하여 조제한 종자 소독액으로 3시간 침종 처리한 후 100 × 15 mm 플라스틱 페트리디쉬에 여과지를 깔고 증류수를 충분히 적신 후 각각의 정상립 200립씩을 파종하였다. 각 종별로 4반복으로 완전임의배치하여 25°C 항온생장상 배치하였으며 이후 20일 동안 암조건을 유지하고 종자가 마르거나 과습하지 않도록 12시간마다 적정량의 수분을 공급하였다. 파종 후 20일에 걸쳐 유근이 2 mm 이상 나타난 종자를 발아된 것으로 간주하여 발아수를 조사하였다. 파종 후 20일에 발아하지 않은 종자의 종피를 제거하고 2,3,5-triphenyl-tetrazolium-chloride (TTC) 용액을 처리한 후 빛을 차단시켜 배(embryo)의 색깔변화로 종자의 활력을 평가하였다(Lakon, 1949). 발아하지 않은 종자 가운데 상기한 TTC법으로 종자활력이 확인된 종자를 휴면종자(dormant)로, 그렇지 않은 종자를 사멸종자(dead)로 간주하였다.

통계분석

평가 대상 종자의 형태적 특성은 분산분석(ANOVA) 및

Duncan의 다중검정(DMRT)을 통해 유의적 차이 여부를 평가하였다. 종자의 파종 후 시간(t)에 따른 누적 발아율(y)은 아래의 Gompertz 모델에 적합시키는 비선형회귀분석을 통해 분석하였다(Gompertz, 1825; Kim et al., 2006). 모든 통계분석은 Genstat (Genstat Committee, 2002)을 이용하여 실시되었다.

$$y = \frac{C}{-e^{-B(t-M)}}$$

y = 누적 발아율

C = 최대 누적 발아율

B = 초기 증가율(발아곡선의 기울기)

t = 파종 후 일수

M = 최대 누적 발아율(C)의 50%에 도달하는데 소요되는 시간

결과 및 고찰

형태적 특성

부분인 LM콩과 그 모품종인 광안콩, 모본인 돌콩 및 교잡 후대종의 형태적 특성을 비교한 결과, 종자의 길이와 너비, 백립중 모두에서 종 간 유의한 차이를 보였다($P < 0.001$). LM콩과 광안콩, 돌콩과 교잡 1세대(F1) 종자의 형태적 특성은 매우 유사한 경향을 보였으며 교잡 2세대(F2)의 경우 두 그룹의 중간적인 특성을 지니고 있었다(Table 1, Fig. 1).

Table 1. Seed characteristics in seed coat color, seed length, seed width, and 100 seeds weight of parental soybeans and hybrids. Mean values followed by the same letter are not significantly different between the tested species at 5% level according to Duncan's multiple range tests. The values in parenthesis are standard deviations of 3 replications.

Soybean	Seed coat color	Seed length (mm)	Seed width (mm)	100 seeds-weight (g)
Kwangan-kong	Yellow	7.22a (0.31)	6.21a (0.25)	15.38a (0.03)
LM soybean (♂)	Yellow	7.45a (0.25)	6.24a (0.28)	14.60b (0.11)
Wild soybean (♀)	Black	4.12c (0.21)	3.20c (0.19)	2.2e (0.01)
F1 hybrid	Black	4.16c (0.31)	3.15c (0.23)	2.57d (0.12)
F2 hybrid	Brown	5.94b (0.28)	4.70b (0.20)	5.73c (0.08)

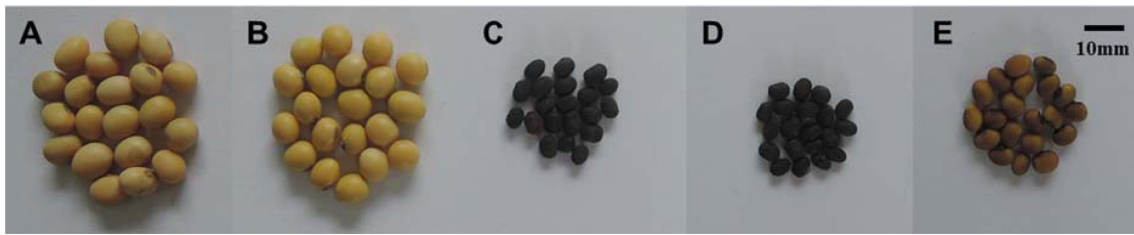


Fig. 1. Seed characteristics of parental soybeans and hybrids A: Kwangan-kong; B: LM soybean; C: wild soybean; D: F1 hybrid; E: F2 hybrid, respectively.

종피색의 경우 LM콩과 광안콩이 노란색, 돌콩과 F1은 검정색이었고 F2 종자는 그 중간 색깔인 황갈색(yellow-brown)을 띠었다. 종자의 크기(길이 및 너비) 역시 비슷한 양상을 보였다. 종자의 길이는 LM콩이 7.45 mm로 가장 길었으며 광안콩, F2, F1 종자 순으로 적어졌으며 돌콩 종자는 4.12 mm로 가장 작은 값을 나타냈다. 종자의 너비 역시 LM콩이 6.24 mm로 가장 컸고 광안콩, F2, 돌콩 순서로 짧았으며 가장 작은 F1 종자의 너비는 3.15 mm로 LM콩의 절반 수준이었다. 백립중은 광안콩이 15.38 g로 가장 컸으며 LM콩이 14.60 g으로 그 뒤를 따랐으며, F1과 돌콩은 각각 2.57, 2.28 g의 작은 값을 보였다. F2 종자의 백립중은 5.73 g으로 중간적인 특성을 지님을 확인하였다.

각 종의 종자 특성에 대하여 던컨의 다중검정을 수행한 결과, 95% 유의 수준에서 종자 길이와 너비 모두 LM콩과 광안콩 간 유의한 차이가 없었으며 종피색도 육안으로 구분하기 어려울 정도로 유사하였다. 이를 통해 광안콩에 도입된 염 스트레스 저항성 유전자 *AtSIZ1*가 LM콩의 종자 크기나 종피색에 큰 영향을 미치지 않았음을 확인할 수 있었다. 한편 돌콩과 F1 간에도 종자 크기에 유의한 차이가 없었으며, 종피색 역시 검정색으로 같아 교잡 1세대의 종자 특성은 모본에 의해 결정됨을 확인할 수 있었다. 다만, 백립중은 모든 종이 유의하게 다른 것으로 나타났는데 이는 반복 간 차이가 매우 적었기 때문인 것으로 해석된다. F2의 경우 조사한 모든 형질이 LM콩-광안콩, 돌콩-F1 그룹의 중간적인 특성을 보였는데, 종자의 형태적 특성은 모본에 의해 결정되므로 LM콩과 돌콩의 유전적 형질이 혼합되어 발현한 결과라고 사료된다.

발아특성

부본인 LM콩과 그 모품종인 광안콩, 모본인 돌콩 및 교잡 후대종의 발아 및 휴면특성을 비교한 결과, LM콩과 광안콩은 파종 후 1일차에 이미 50% 이상의 종자가 발아하였고 각각 파종 후 16일, 15일차에 누적 발아율이 100%에 도달하여 휴면성이 거의 없음을 확인할 수 있었다. 반면 돌콩은 발아실험 종료시점인 20일차까지 최종 누적 발아율이 8.5%에 불과하여 LM콩에 비해 상대적으로 매우 낮은

발아력을 지니고 있음을 확인하였다. LM콩 및 돌콩 교잡 후대종인 F2 종자를 대상으로 발아실험을 수행한 결과에 따르면, 최종 누적 발아율이 약 35% 수준으로 양친의 중간적인 특성을 나타냈다(Fig. 2).

각 종의 발아세를 비교 평가하기 위하여 시간에 따른 누적 발아율을 Gompertz 모델에 적용하여 비선형회귀분석을 수행한 결과, 최대 발아율의 50%에 도달하기까지 소요된 시간은 부본인 LM콩 및 광안콩이 약 0.7일로 매우 짧았고 모본인 돌콩은 약 2.1일로 부본에 비해 3배 이상 긴 시간이 소요되었다. 교잡 후대종인 F2는 최대출아율의 50%에 도달하는데 약 1.8일이 소요되는 것으로 예측되어 돌콩보다는 높은 발아세를 보였으나 LM콩에 비해서 훨씬 낮은 발아세를 보였다(Table 2, Fig. 2).

종자의 휴면특성 평가를 위해 각 종의 발아율, 휴면을 및 사멸율을 비교해 본 결과 재배콩(LM콩 및 광안콩)과 돌콩 및 F2의 휴면성이 극명하게 나뉘어졌다(Fig. 3). LM콩과 광안콩 종자는 발아실험에서 모든 종자가 발아하였기 때문에 휴면 및 사멸종자를 발견할 수 없었던 데 반해, 돌콩은 휴면율이 90.0%에 달하였으며 사멸종자도 일부 확인되었다. F2 종자는 발아실험 종료 시점인 파종 후 20일 차에 발아하지 못한 종자를 대상으로 수행한 TTC 검정에서 모든 종자가 종자활력을 지닌 것으로 확인되어 종자 휴면율이

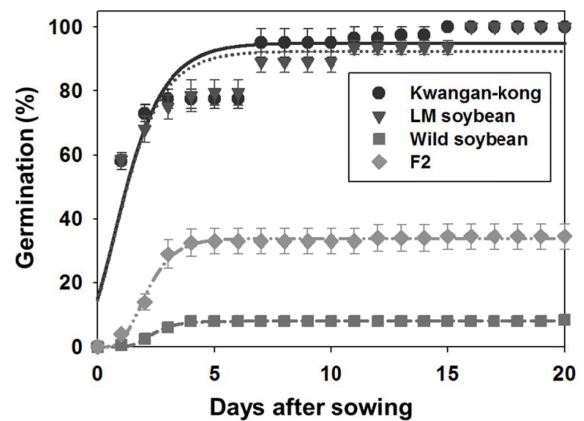


Fig. 2. Cumulative germination rate (%). A: Kwangan-kong; B: LM soybean; C: wild soybean; D: F2 hybrid seeds. The curves represent the fitted line with the Gompertz model.

Table 2. Summary of non-linear regression analyses for fitting observed seed germination to the Gompertz model. The values in parenthesis are standard errors.

Soybean	Parameter estimates			R ²
	C (Cumulative max. % germination)	M (Days required for 50% of C)	B (Slope of germination curve)	
Kwangan-kong	94.99 (1.20)	0.708 (0.116)	0.853 (0.106)	0.839
LM soybean (L)	92.41 (1.14)	0.699 (0.112)	0.876 (0.107)	0.843
Wild soybean (W)	8.06 (0.30)	2.105 (0.249)	1.479 (0.719)	0.535
F2 (W × L)	33.88 (0.84)	1.789 (0.189)	1.272 (0.365)	0.697

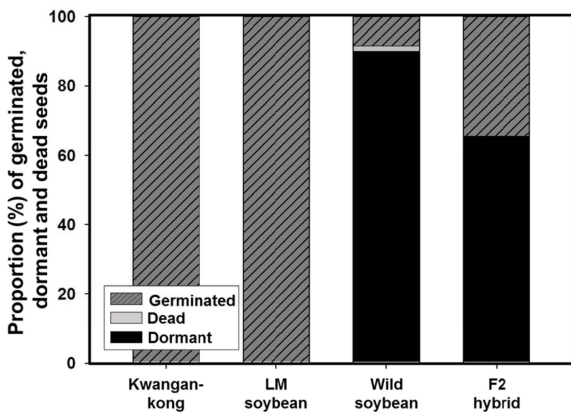


Fig. 3. Proportion (%) of germinated, dead and dormant seeds of Kwangan-kong, LM soybean (♂), wild soybean (♀) and F2 hybrid.

65.5%로 나타나 양친의 중간적인 휴면 특성을 보여주었다.

따라서 이상의 결과를 종합하면 교잡후대종의 발아 및 휴면특성은 부분인 LM콩과 모본인 돌콩의 중간적인 특성을 보이거나, 발아율 및 휴면율, 최대 발아율의 50%에 도달하기까지 소요된 시간 등이 화분공여자인 LM콩보다 화분수용체인 돌콩의 특성에 보다 근접한 특성을 지님을 확인할 수 있었다. 이는 LM작물과 야생종 간 교잡후대종의 발아휴면특성에 관한 기존 연구결과 와도 일치한다(Kubo et al., 2013; Lim et al., 2015). 기존 연구에 따르면 LM작물과 야생종 간 교잡후대종의 발아휴면특성은 양친의 중간적인 특성을 나타내며, 그 중에서도 모본의 특성과 보다 유사한 것으로 보고되었다. 다만, 일본에서 수행된 연구에 따르면 모본인 야생콩의 종류에 따라 교잡종의 발아율 및 휴면율이 10% 이상 달라지는 것으로 보고된 바 있어 품종 간 종자 특성이 다르게 나타날 가능성도 시사하였다(Kubo et al., 2013). 따라서 추후 부모본의 품종을 다양하게 하여 얻은 교잡종들을 대상으로 한 추가적인 연구가 필요할 것으로 사료된다.

교잡종의 잡초화 가능성

이상의 연구결과를 통하여 종피색, 종자 크기, 무게 등의

형태적 특성과 최초발아 소요기간, 최종발아율, 발아세, 휴면율 등 발아휴면특성 모두에서 교잡후대종은 부모종의 중간적인 특성을 지니고 있으며 모본인 돌콩과 보다 더 유사함을 확인하였다. 교잡종의 종자특성, 특히 형태적 특성은 모본에 의해 결정되기 때문에 실제 LM콩과 돌콩의 유전자 혼입 효과를 보기 위해서는 F2 종자의 특성에 주목할 필요가 있으며, 교잡 1세대(F1)의 경우 종자 상태에서는 LM콩 유전자의 도입을 확인할 수 없으므로 발아휴면특성 평가 시 제외되었다. 본 연구에서 사용된 F2 교잡종은 LM콩의 도입유전자의 존재가 확인된 F1 식물체의 자가수분을 통해 얻어졌으며, 돌콩에 비해 종피가 얇고 종자의 크기가 큰 특성을 보였다. 특히 F2 교잡종은 재배콩에 비해 휴면성이 월등히 높았는데 돌콩의 휴면율과 비교해서도 70% 이상에 달하여 휴면성 측면에서 교잡종의 잡초화 가능성을 시사하고 있다. Kubo et al. (2013)은 glyphosate 저항성 유전자가 도입된 LM콩과 야생콩 간의 교배를 통해 얻은 F2 집단의 휴면성 등을 조사하여 교잡후대종의 적응력이 야생콩과 유의한 차이를 보이지 않는다고 보고하였는데, 이는 본 연구의 결과와도 일치한다.

한국은 야생콩의 자생지로서 전국적으로 야생콩이 분포하며, 재배콩 경작지 주변 강둑이나 길가 등에서 쉽게 발견되곤 한다. 야생콩은 재배콩에 비해 환경에 대한 적응력이 높고 유전적으로 매우 다양하게 존재한다. 그 중 일년생 야생콩인 돌콩은 재배콩과 가장 근연이며 수정 후 장벽(postzygotic barrier)에 의한 생식적 격리가 존재하지 않기 때문에(Mizuguti et al., 2010), 국내 경작 시스템에 LM콩이 도입될 경우 돌콩과의 자연교잡이 발생할 가능성이 높을 것으로 예상된다. 야생콩의 자생지인 일본과 중국에 재배콩과 야생콩의 중간특성을 띠는 자연 교잡종이 존재함을 보고한 Wang et al. (2010)의 연구는 이러한 예상을 뒷받침한다. 한편 재배콩의 타식율은 일반적인 재배환경에서 1% 미만으로 알려져 있으며(Poehlman, 1987), 야생콩 또한 자가화합성이 우세하여 자연교잡의 빈도가 매우 낮을 것으로 예상할 수 있다. 일본과 브라질 등에서 수행된 LM콩

으로부터 야생콩으로의 유전자 이동 평가에서는 최근거리 (0~0.7 m) 에서의 교잡율이 최대 0.52%로 보고되었으며, 교잡이 발생한 최장 거리는 6m에 불과하였다(Yoshimura et al., 2006; Abud et al., 2007; Mizuguti et al., 2010) 그러나 일단 한 번 LM콩의 도입유전자가 야생콩으로 침투하면, 자식에 의해 도입 유전자가 지속적으로 확산되어 타식성 식물에 비해 생태계에 더욱 심각한 영향을 미칠 것으로 우려된다. 본 연구에서 확인된 LM콩과 돌콩 간 교잡후대종의 높은 휴면성은 이들의 잡초화 가능성을 뒷받침한다. 물론 이들이 잡초화될 지 여부는 종자의 휴면특성만으로 결정되는 것이 아니므로 도입유전자가 포함된 종자의 생산량 등과 같은 종자 생산특성이나 자연 생태계에서 교잡종 식물체의 적응력 및 경합력 등에 관한 추가적인 연구를 통해 다각도로 검토하는 것이 필요하다.

요 약

국내에는 야생콩이 전국적으로 분포하고 있기 때문에 LM콩으로부터의 야생콩으로 유전자 이동으로 인한 교잡후대종에 관한 연구는 국내 콩 다양성 보전과 LMO 안전관리를 위해 매우 중요하다. 따라서 본 연구는 LM콩과 일년생 야생콩인 돌콩의 교잡후대종 종자의 형태적 및 발아휴면특성을 평가하여 교잡후대종의 잡초화 가능성을 예측하기 위한 기초자료를 제시하고자 수행되었다. 교잡 1세대 의 경우 형태적으로 돌콩과 매우 유사하며, 발아휴면특성 또한 모본인 돌콩과 유사하여 휴면성이 매우 클 것으로 예측된다. 교잡 2세대 종자는 형태적 특성과 발아휴면특성이 부모종의 중간적인 특성을 지니며 모본인 돌콩에 보다 근접한 것으로 확인되었다. 특히 F2의 휴면율은 65.5%에 달할 정도로 매우 높아 잡초화 가능성을 시사한다. 국내 농업환경에서 교잡후대종이 잡초화 되려면 11월 이후에 탈립된 종자가 토양 중에서 월동하여 종자 활력을 유지하고, 휴면이 타파된 후 발아하여 자연 생태계에서 다른 재배종 및 야생종들과 경합하여 생존 및 세대진전을 할 수 있어야 한다. 따라서 LM콩 및 야생콩 간 교잡후대종의 명확한 잡초화 가능성은 종자의 월동성, 생육특성 및 종자생산성 평가 등을 추가적으로 수행하여 다각적인 측면에서 면밀히 평가되어야 할 것이다.

주요어: 야생콩, 돌콩, LM콩, 잡초화, 휴면성

Acknowledgements

This research was supported by Rural Development Administration, Republic of Korea (Project code PJ01177401;

Project of LMO Environmental Risk Assessment Center). We acknowledge Prof. Young-Soo Chung of Dong-A University and Dr. Soon-Chun Jeong of Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB) for providing LM soybean and wild soybean seeds, respectively.

References

- Abud, S., De Souza, P.I.M., Vianna, G.R., Leonardecz, E., Moreira, C.T., et al. 2007. Gene flow from transgenic to nontransgenic soybean plants in the Cerrado region of Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 6(2):445-52.
- Genstat Committee. 2002. Reference manual (Genstat Release 6.1). VSN International, Oxford, UK.
- Gepts, P. and Papa, R. 2003. Possible effects of (trans) gene flow from crops on the genetic diversity from landraces and wild relatives. *Environmental Biosafety Research*. 2:89-103.
- Gompertz, B. 1825. On the nature of the functions expressive of the law of human mortality, and on a new mode of determining the value of life contingencies. *Philos. Trans.* 115:513-585.
- Hymowitz, T. 1970. On the domestication of the soybean. *Economic Botany*. 24:408-421.
- James, C. 2014. Global status of commercialized biotech/GM crops: 2014, ISAAA Brief No. 49. ISAAA. Ithaca, NY, USA.
- KBCH (Korea Biosafety Clearing House). 2015. Stats of GM crops in Korea. <http://www.biosafety.or.kr>. (Accessed Nov. 10, 2016).
- Kubo, A., Aono, M., Nakajima, N., Nishizawa, T., Tamaoki, M., et al. 2013. Characterization of hybrids between wild and genetically modified glyphosate-tolerant soybeans. *Plant Biotechnology*. 30(4):335-45.
- Kim, C.G., Yi, H., Park, S., Yeon, J.E., Kim, D.I., et al. 2006. Monitoring the occurrence of genetically modified soybean and maize around cultivated fields and at a grain receiving port in Korea. *Journal of Plant Biology*. 49(3):218-223.
- Kim, D.S., Kwon, Y.W. and Lee, B.W. 2006. Mathematical description of seedling emergences of rice and *Echinochloa* species as influenced by soil burial depth. *Kor. J. Crop Sci.* 51: 362-368.
- Lakon, G. 1949. The topographical tetrazolium method for determining the germinating capacity of seeds. *Plant Physiol.* 24:389-394.
- Lee, B., Kim, C.G., Park, J.Y., Park, K.W., Kim, H.J., et al. 2009. Monitoring the occurrence of genetically modified soybean and maize in cultivated fields and along the transportation routes of the Incheon Port in South Korea. *Food Control*. 20(3):250-254.
- Lee, J.D., Yu, J.K., Hwang, Y.H., Blake, S., So, Y.S., et al. 2008. Genetic diversity of wild soybean (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.)

- accessions from South Korea and other Countries. *Crop Science*. 48(2):606-616.
- Lim, Y., Yook, M.J., Zhang, C.J., Nah, G., Park, S., et al. 2015. Dormancy associated weedy risk of the F1 hybrid resulted from gene flow from Oilseed Rape to Mustard. *Weed Turf. Sci.* 4(1): 35-43. (In Korean)
- LU, B.R. 2004. Conserving biodiversity of soybean gene pool in the biotechnology era. *Plant Species Biology*. 19(2):115-125.
- Mizuguti, A., Ohigashi, K., Yoshimura, Y., Kaga, A., Kuroda, Y., et al. 2010. Hybridization between GM soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) and wild soybean (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.) under field conditions in Japan. *Environ Biosafety Res.* 9(1):13-23.
- Ohara, M. and Shimamoto, Y. 1994. Some ecological and demographic characteristics of two growth forms of wild soybean (*Glycine soja*). *Can. J. Bot.* 72:486-492.
- Poehlman, J.M. 1987. Breeding soybeans. *Breeding Field Crops*. Springer, Netherlands. pp. 421-450.
- Wang, K.J., Li, X.H., Zhang, J.J., Chen, H., Zhang, Z.L., et al. 2010. Natural introgression from cultivated soybean (*Glycine max*) into wild soybean (*Glycine soja*) with the implications for origin of populations of semi-wild type and for biosafety of wild species in China. *Genet Resour Crop Evol.* 57:747-761.
- Yoshimura, Y., Matsuo, K. and Yasuda, K. 2006. Gene flow from GM glyphosate-tolerant to conventional soybeans under field conditions in Japan. *Environmental Biosafety Research*, 5(3):169-173.
- Yu, H. and Kiang, Y.T. 1993. Genetic variation in South Korean natural populations of wild soybean (*Glycine soja*). *Euphytica*. 68(3):213-221.