최 종
연구보고서

장거리 이동성 해충류의 Internet 조기경보체계 개발

Development of Pest Surveillance System on Internet

연 구 기 관

경상대학교 농과대학

농 림 부

최 종 보 고 서

1996년도 농림수산특정연구사업에 의하여 완료한 **"장거리 이동성 해충류의 Internet 조기경보체계 개발"**에 관한 연구의 최종보고서를 별첨과 같이 제출합니다.

첨부: 1. 최종보고서 8부
2. 최종보고서 디스켓 1매

1999. 10. 31.

주관연구기관 : 경 상 대 학 교

총괄연구책임자 : 송 유 한 (인)

주관연구기관장: 경상대학교 총장

농 림 부 장 관 귀 하

제 출 문

농림부 장관 귀하

본 보고서를 **"장거리 이동성 해충류의 Internet 조기경보체계 개발"** 과제의 최종 보고서로 제출합니다.

1999. 10. 31.

주관연구기관명 : 경상대학교
총괄연구책임자 : 송 유 한
연 구 원 : 강 현 석
연 구 원 : 배 종 민
연 구 원 : 이 준 호
연 구 원 : 문 점 희
연 구 원 : 정 대 열
연 구 원 : 김 현 주
연 구 원 : 류 은 정
연 구 원 : 정 재 희
협동연구기관명 : 농업과학기술원
협동연구책임자 : 엄 기 백
연 구 원 : R. W. Turner

요 약 문

Ⅰ. 제 목

o 장거리 이동성 해충류의 Internet 조기경보체계 개발

Ⅱ. 연구개발의 목적 및 중요성

1. 연구개발의 중요성

o 장거리 이동성 해충류는 우리 나라에서 월동하지 않고 매년 다른 나라로부터 이동하여 오기 때문에 현실적으로 국내에서의 연구만으로는 해결할 수 있는 범위가 매우 제한되어 있다.

o 장거리 이동성 해충류는 우리 나라 내에서의 환경이나 생물적 여건만으로는 조절이 불가능하며, 이동의 근원에 대한 정보가 필요하다.

o 주곡의 안정생산에 있어서 이들 해충의 돌발성 및 예측 불가성이 가장 큰 장해가 되고 있으며, 이는 이들의 이동 근원과 이동 경로를 파악함으로서 예측기능을 향상시킬 수 있다.

o 장거리 이동성 해충문제는 동남아, 중국, 한국, 일본 등 벼 재배국의 공동 관심사이며, 각 국가의 재배품종, 농약살포 등 경종여건에 따라 서로 연관을 갖고 있다.

o 해외의 이동성 해충의 근원과 이동경로를 밝힘으로서 얻어지는 혜택의 가장 큰 수혜국은 우리 나라이므로 우리가 주도하여 보여주어야 인접국의 협력을 유도할 수 있다.

o 환경보전형 농업기술은 농약을 사용하지 않거나 사용량 및 빈도를 줄이는 방안을 개발하는 것도 중요하며, 특히 우리 나라의 주곡인 벼 생산에 있어서 저농약 청정생산기술의 개발이 필요하다.

o 주곡의 안정적인 생산과 통일에 대비한 공급능력 확대라는 측면에서 볼 때 장거리 이동성 해충의 돌발적인 발생이 큰 장해요인이다.

2. 연구개발의 목적

o **최종목적:** 장거리 이동성 해충의 조기경보를 위한 Internet 경보 및 예찰체계의 개발.

o **세부과제별 목적:**

제 1 세부과제: 장거리 이동성 해충의 이동근원 및 경로를 구명하고, 분포와 확산의 예측을 위한 GIS Spatial Database와 Dispersion Model을 개발

제 2 세부과제: 대기경계층 모형을 이용한 장거리 이동성 해충의 이동 및 분산 추적

제 3 세부과제: 이동성 해충의 모니터링을 위한 Internet DB의 구축

제 1-3 통합과제: 연구정보(모델)의 통합에 의한 실용 네트워크 운영체계의 구성과 시범운영

III. 연구개발 내용 및 범위

1. 장거리 이동성 해충의 이동근원 및 경로를 규명하고, 분포와 확산의 예측을 위한 Spatial Database와 Dispersion Model의 개발

가. 장거리 이동성 해충의 이동경로 추적: 연구대상(벼멸구, 흰등멸구, 흑명나방)별로 각 지역 개체군의 유전학적 변이도를 검정하여 비래의 근원과 경로를 규명.

나. 장거리 이동성 해충의 이동경로 추적 및 GIS Spatial Database 체 계 구축: 장거리 이동성 해충의 이동경로 추적 계속 및 Spatial GIS Database를 구축하고 발생, 이동 및 확산상황을 예측하는 Dispersion Model 구축.

다. 정착후 발생-분포를 예측할 수 있는 Spatial Dispersion Model 개발: 해충의 이동 및 정착 후 국내에서의 증식과 피해를 해석하고 예측할 수 있는 Spatial GIS Model 개발

2. 대기경계층 모형을 이용한 장거리 이동성 해충의 이동 및 분산 추적

가. 장거리 이동에 미치는 기상학적 요인의 도출: 비래의 근원으로부터 예상되는 비래경로에 있는 지역 개체군의 유전적 변이도와 비래시의 기상상황을 분석하여 비상, 낙하, 확산, 정착에 미치는 기상학적 요인의 도출 및 분석.

나. 이동의 근원과 이동경로에 있는 지역에서 경계층 모형을 이용한 비상, 이동, 정착, 재분산 경로의 추정: 장거리 이동성 비래해충의 이동 근원과 이동 경로 상에 있는 지역의 기상 및 환경자료를 경계층모형으로 분석하여 분석결과를 근거로 해충의 비상→이동→정착→재분산의 시뮬레이션 가능성 검정.

다. 경계층 모형의 변형 및 활용체계 확립: 경계층 모형으로 분석한 결과를 토대로 모형을 변형, 수정하여 이동경로를 추적하는 방법의 확립.

3. 이동성 해충의 모니터링을 위한 Internet DB의 구축

가. Internet DB 체계의 구축: 지역별 장거리 이동성 해충의 Monitoring 자료를 Internet을 통하여 입력, 검색, 관리할 수 있는 DB 체계 개발.

나. 장거리 이동성 해충의 국제 발생정보 Internet 교류체계의 개발: 지역별 해충 발생정보를 Internet을 통하여 상호 교환하고 관리하는 Web상의 Internet Information Exchange System 개발.

다. 기존 병해충 조사자료 DB를 Internet DB 체계로 이전: 농촌진흥청 작물보호과에 이미 구축되어 있는 “병해충 발생 예찰 조사일보”의 Database를 Internet DB로 재구성하여 접목.

4. 연구정보(모델)의 통합에 의한 실용 네트워크 운영체계의 구성과 시범운영

가. 작성된 모형과 DB 체계를 Internet 체계로 통합 접목하여 시스템을 구축하고

국제협력체계를 구축: 위에서 기술한 3개 세부분야의 연구 수행 결과로 획득한 정보와 모델들을 모두 Internet Network의 Web Program에 접목하여 미비점을 보완하고 시험 운영.

IV. 연구개발결과 및 활용에 대한 건의

1. 연구개발결과

가. 장거리 이동성 해충의 이동 근원 탐색

본 연구에서는 벼멸구 등 장거리 이동성 해충의 비래의 근원을 직접적으로 나타내어 줄 수 있는 생물학적인 증거를 탐색하기 위해, 미토콘드리아 DNA와 핵DNA의 염기서열 분석을 수행하였다.

그 결과 아시아 지역의 개체군 간 유전적 변이를 파악하여 얻어 진 장거리 이동성 해충의 지역적 개체군의 구조는 이들의 이동 근원지를 추정할 수 있는 직접적인 생물학적 증거가 될 수 있음이 밝혀졌으며, 그 구체적인 결과를 요약하면 다음과 같다.

1) 벼멸구의 CO-1 유전자는 850bp 염기서열중 두 개의 base에서 변이를 보였다. 이 두 base의 변이는 벼멸구의 아시아 전체 개체군에서 3개의 haplotype을 나타냈다. 한국 개체군은 두 개의 haplotype을 포함하고 있었고, 중국과 필리핀 개체군에서는 세 개의 haplotype을 가지고 있었으며, 그 외 인도차이나 반도의 여러국가들에서는 단 하나의 haplotype을 가지는 것으로 나타났다. 이 결과로 베트남의 Red River을 기점으로 남북지역으로 나누어 볼 때 남방 개체군은 단일 Haplotype으로 구성되어 있고, 다른 Haplotype이 실재 존재하는데도 불구하고 검정이 되지 않았을 확율은 0.2% 이내로 매우 신뢰성 있는 결과를 보였다. 한편 북방 개체군에는 3가지 Haplotype이 나타나는 혼합된 양상을 보였으며, 남방계에 없는 두 Haplotype의 Origin이 어디인지에 대해서 개체군 유전학적인 관점에서 큰 흥미를 유발시켰다.

2) 흰등멸구의 CO-1 유전자는 820bp 염기서열중 한 개의 base에서 변이를 보였

다. 이 base의 변이는 두 개의 haplotype를 나타냈다. 그리고 이들의 지역적 분포는 북월남을 경계로 한 남, 북 개체군간에는 유의성 있는 차이를 보이지 않았는데, 흰등멸구의 경우 벼멸구와는 달리 체구가 작고 이동거리가 멀며, 이동시기가 빠른 등, 여러 가지 생태적 차이가 있어 더 많은 Sample을 대상으로 계속 검토해 보아야 할 것으로 생각된다.

3) 혹명나방의 CO-1 유전자는 총 800여 개의 염기 중에서 약 4%에 해당하는 32개 site에서 뚜렷한 차이를 보이는 두 가지 변이 군이 발견되었다. 이 두 그룹을 각각 A군과 B군으로 표시할 때 이 두 군간에는 같은 종이라고 보기에는 어려울 정도의 변이를 보였다. 우리 나라 등 온대지역에서는 벼의 잎을 말아 엽육을 가해하는 대표적인 종으로 혹명나방(Cnaphalocrosis medinalis)이 있으나, 열대지방에는 혹명나방 이외에도 Marasmia patnalis, M. exigua, M. rularis 등 3종의 유사종이 있는 것으로 알려져 있다. 본 결과는 지역 협력자들이 Sample을 채집할 때 분류를 잘못하여 위의 Marasmia 3종 중 하나가 혼입되었기 때문에 나타난 것이라고 볼 수도 있다. 그러나 변이의 정도가 4%정도밖에 되지 않고(만일 타종이 혼입되었다면 속간 변이로 최소한 10% 이상의 변이가 예상됨), 한국에서 나타나는 A군 이외에 B군 하나만 열대지방에서 나타나므로(만일 혼입되었다면 3가지 다른 그룹이 나타날 확율이 높음), 혹명나방의 종 분화 과정에서 그룹으로 나뉘어 지는 과정에 있을 가능성도 배제할 수 없다.

4) EPIC-PCR을 이용하여 미토콘드리아 DNA보다 변이정도가 많이 기대되는 intron내 염기서열 차이를 통해 이동성 해충의 종내 지역계통의 유전적 변이도를 검정한 결과, SOD, EF을 사용한 PCR에서는 그들 각각 유전자의 exon 부분을 찾지 못하였다. 그리고 actin과 wingless primer는 그들 각각 유전자의 exon 부분, 289bp와 378bp 염기의 exon은 찾았지만 두 유전자 모두 Intron를 포함하지 않았다.

5) wingless 유전자 염기서열은 각 종내 여러 개체간 염기의 base변이를 보이지 않아 개체군 구조를 분석하는데 이용할 수 없었다. 하지만 이 유전자의 경우 종간 또는 속간 변이가 미토콘드리아 DNA 변이와 다른 양상으로 나타났다.

특히 *Nilaparvata* 와 Sogatella 속 사이에는 3개의 염기가 차이를 보여 적어도 하나의 아미노산이 *Nilaparvata* 속에서 삭제된 것을 확인할 수 있었다. 그러므로 이러한 변이정도는 계통분류학에서 이용할 수 있는 좋은 자료가 될 수 있을 것으로 생각된다.

이상의 결과를 종합적으로 검토하여 볼 때, 우리 나라로 장거리에 걸쳐 이동하여 오는 벼멸구, 흰등멸구, 혹명나방 등은 Sogawa(1995)의 주장대로 남중국 및 북월남이 그 근원이 된다는 가설을 생물학적으로 증명하는 최초의 증거를 제시할 수 있었다. 또한 유전자를 분석하는 방법은 여기저기 흩어져 있는 지역개체군 상호간에 어떤 연관을 갖고 있으며, 이동과 분산으로 나타나는 유전자의 흐름(gene flow)과 개체군의 특성의 변화를 추적할 수 있는 효과적인 수단(tool)을 발견할 수 있었다.

앞으로 이러한 연구가 더욱 발전하여 2000년 전에 이미 그 피해가 기록된 장거리 이동성 벼멸구류와, 그 기주인 이동경로상의 벼의 생태계의 변화에 의해 기인된 적응과 진화의 과정을 더 상세히 이해할 수 있기를 기대한다.

나. 장거리 이동성 해충의 GIS Spatial Database 와 Dispersion Model 개발

본 연구는 장거리이동성 해충의 Internet 감시체계(system) 내에서 하나의 구성원소(component)로서 이 GIS 모형을 만들어 넣음으로서 이동성 해충의 지역적 밀도변동을 감시하고 예측할 수 있는 기능을 강화코자 하는 목적으로 수행하였으며, 그 결과는 다음과 같다.

1) 수집, 입력된 digitized data를 이용하여 지역별 병해충의 발생과 이동을 모니터링할 수 있는 대상지역의 base map을 구축하였다.
2) 온도 의존적인 population dynamic model을 근거로 하여 이동성 해충이 비래한 후 발생경과를 예측하는 모형을 성공적으로 구성하였다.
3) 이와 같이 구성된 GIS model을 이용하여 이동성 격발해충(벼멸구)의 대발생을 분석한 결과, 1996-1998년의 경우 초기 비래량과 후기(9월중)의 온도가 후기의 피해량에 미치는 영향이 컸음을 알 수 있었다.

결론적으로 구성된 GIS 모형은 PeMoS 및 Blayer 모형과 연계하여 장거리 이동

성 격발해충의 후기 피해율에 미치는 초기의 비래(이동)량과 이동시기, 그리고 기온의 변화를 simulation할 수 있었으며, 금후 장거리 이동성 해충의 감시 및 피해예측에 적절히 사용될 수 있을 것으로 생각된다.

다 대기경계층 모형을 이용한 장거리 이동성 해충의 이동 및 분산 추적

본 연구 과제에서는 장거리 이동성 곤충을 운반하는 매체(Transport)인 기류, 즉, 비래근원지의 상승기류의 형성조건, 장거리 이동을 유발하는 저층 젯트기류의 흐름, 도착지의 하강기류와 비래하는 해충의 수 등을 예측하는 모형을 B ㅣ 묠 ㄱ를 주축으로 구성함으로서, 장거리 이동성 해충의 飛上→移動→落下→定着의 Mechanism을 이해하고, GIS Model, PeMoS 등과 연계하여 Internet 해충감시체계 내에서 해충의 이동시기, 이동량, 이동장소 등을 예측하는데 사용할 수 있게 하기 위하여 수행하였다.

그 결과 우리 나라의 기상청으로부터 제공받을 수 있는 수치 data를 입력자료로 받아, 대기의 Boundary Layer 내부에 있는 기류의 상승 이동 하강을 simulation함으로서 해충류의 장거리 이동을 예측할 수 있는 Blayer Model을 성공적으로 개발하였다.

개발된 Model을 1987-88년 실재 비래 episode를 중심으로 실측 및 예측결과를 비교해 본 결과 잘 일치하였으며, 따라서 이를 토대로 실무적으로 이용할 수 있는 system을 PeMoS 및 GIS와 연계하여 구축하였다.

이러한 system 전체를 평가하기 위하여 1997년부터 1999년까지 3개년간의 수치 data 및 실재 유아등 해충 유살상황을 비교하였는데, 1997년과 1998년의 경우 초-중기 배래상황은 Model의 예측결과와 잘 맞았으며, 초기비래가 많았기 때문에 후기에 해충(멸구류)의 발생량도 많았다. 그러나, 1999년에는 Model 예측치가 실재 유살수보다 현저히 낮았는데, 그 해의 후기발생량 또한 매우 적게 나타나, Model의 예측이 더 신빙성이 높았다.

결론적으로 Blayer Model은 벼멸구 등 장거리이동성 해충의 배래상황을 잘 예측해 주고 있는 것으로 생각되며, 금후 좀 더 연구를 진행하며 보완한다면, 많은 인력과 예산이 소요되고 있는 전국 152개 병해충발생예찰소 유아등 조사를 대체할 수도 있을 것으로 생각된다.

라. 이동성 해충의 모니터링을 위한 Internet DB 구축

최근 일반 사용자들도 손쉽게 접근할 수 있는 인터넷 브라우져들이 많이 만들어지면서 사용자들이 보다 쉽게 각종 정보를 인터넷에서 교환할 수 있게 되었다. 이러한 인터넷 기술을 이용하면 "병해충 발생 예찰정보"의 수집, 보관, 관리, 요약, 분석 및 출력 등이 원격지에서 실시간으로 손쉽게 가능하며, 예찰 자료가 예찰 본부에만 집중되어 있던 과거와는 달리 농민들이나 관계자들이 전국 어디에서도 예찰에 관련된 분석 자료를 손쉽게 공유할 수 있다.

본 연구에서는 기존의 병해충 예찰 체계를 인터넷 환경에서 손쉽게 사용할 수 있는 병해충 예찰정보 시스템인 PeMoS를 개발하였다. PeMoS는 크게 5개의 부시스템으로 나누어져 개발되었다. 이는 기본예찰조사일보, 관찰포조사, 예찰포조사, 농업정보교환실, 전자우편 등이다. 앞의 3개 부시스템들은 병해충 예찰정보를 전국의 예찰소로부터 입력받아 이들 자료를 분석하여 지역별, 시도별, 지대별, 모작별, 전국별 등으로 분류한 후 다양한 형태(테이블 자료, 막대그래프, 지도)로 사용자들에게 제공하는 시스템이며, 나머지 2개 부시스템들은 각종 농업정보 및 공지사항 등을 공유할 수 있도록 관리해 주는 시스템이다. 본 연구에서 개발된 PeMoS는 다음과 같은 몇가지 특징을 갖는다.

1) 편리한 사용자 인터페이스를 제공한다. 이는 기존의 명령어 시스템 방식 대신에 그래픽 모양의 버턴만을 선택하여 자신이 원하는 기능을 수행할 수 있게 한다.

2) 다양한 형태의 예찰정보를 제공한다. 이는 전국의 각 예찰소로부터 입력되어진 예찰정보를 여러 기준으로 분류하여 지도, 막대 및 꺾은선 그래프, 테이블 등 여러 형태로 나타내 줌으로써 예찰자들이 쉽게 병해충 예찰정보를 분석할 수 있게 한다.

3) 다양한 보안 기능을 제공한다. 이는 관리자가 설정한 다양한 보안 기준에 따라 정보를 관리함으로써 데이터 관리의 일관성, 데이터에 대한 접근의 차별성을 유지하게 한다.

실제 PeMoS는 2차년도까지 기본 시스템이 거의 완성되어 지금까지 계속 운영되

고 있고 3차년도에는 기능 향상과 국제간 데이터베이스 모델이 개발되었다. 따라서, 앞으로 여기서 개발된 PeMoS를 이용하여 비래 병해충 발생지의 근원에 해당되는 국가들을 연결하는 국제간 병해충 발생 정보 데이터베이스가 완전하게 구축된다면 조기에 유용한 병해충 예찰정보를 얻을 수 있게 될 것이다.

마. 연구정보의 통합에 의한 실용 네트워크 운영체계의 구성과 시범운영

본 연구에서 개발된 PeMoS를 기반으로 GIS와 Blayer를 연동시키는 통합 예찰정보 시스템을 개발하였다. 이 시스템을 잘 이용하면 병해충 발생 자료뿐만 아니라 분석된 자료를 활용할 수 있게 되고, 병해충의 생리/생태에 영향을 미치는 환경 정보가 결합되어 보다 정확하고 신속한 병해충 예찰정보를 도출할 수 있게 될 것이다. 나아가, 분석 정보가 DB 형태로 이용될 수 있기 때문에 미래의 상황을 예측할 수 있는 보다 정교한 유형 인식이 가능해 질 것으로 보인다.

2. 활용에 대한 건의

가. 이동성 해충류(벼멸구, 흰등멸구, 흑명나방)의 국제적인 이동상황과 발생경로를 조기에 추적하여 방제 대책을 수립하는데 활용.

나. 누적되는 이동성 해충의 국제, 국내 발생 정보 Database를 이용하여 정교한 예측 모델의 개발에 활용.

다. 이동성 해충의 장단기 예보 및 경보의 발령과 국제 이용자들을 위한 On-line Newsletter 발간에 활용.

라. 동남 및 동아시아 벼 재배지의 환경 정보를 관련 분야 과학자들에게 On-line으로 제공하는데 활용.

마. 국내의 주곡 연구 기관들(작물시험장 등)에 벼 병해충 발생 및 재배지 환경에 대한 국제 정보를 제공하는데 활용

SUMMARY

Some major rice pests, such as the brown planthopper, migrate from the East and South Asia by the low level jet stream (LLJet) while others are overwintering within temperate area such as Korea and Japan (Sogawa 1997b), then become main source of outbreaks and wide spreading according to geographic and climate conditions. To prevent effectively these migratory pests from spreading and outbreaks in Korean rice area, an intensive "**international pest surveillance system**" is essential to predict their density changes and distribution as well as how they spread out by geographically and where they possibly outbreaks.

To organize the international pest surveillance system, the domain area of the migratory pests should be identified first, then efficient surveillance data exchange and management system should be established with some basic analytical tools equipped. The two major analytical tools can be considered as the boundary layer atmospheric model (Blayer) for understanding/predicting the transport of the pests, and the geographic information system (GIS) for predicting/analyzing the local density development after their migration. These two models are incorporated into the database management system (PeMoS) under the internet environment.

This paper discusses the four major components in the suggested "international surveillance of long range migratory rice pests" in Korea. These are (1) the origin and gene flow of migratory rice planthoppers, (2) the use of geographic information system (GIS), (3) boundary layer (Blayer) atmospheric model to predict the air current which carries the migratory pests, and (4) the internet pest surveillance database system (PeMoS).

The four components have been integrated into one comprehensive system of pest surveillance to complete the "Pest Surveillance System on Internet", the final goal of this research project.

1. The origin and gene flow of migratory rice planthoppers

Many species of insects associated with cultivated rice do not over-winter in Korea and Japan, but immigrate into these areas each year. To understand better the origins of these immigrations as well as the geographic structure of rice pests in Asian rice growing regions, we examined intraspecific variation in two species of delphacid planthoppers, *Nilaparvata lugens* (Stål) and *Sogatella furcifera* Horvath.

We sequenced an 850 base pair region of mitochondrial DNA *cytochrome oxidase*-I (CO-I) from a total of 71 individuals collected from 11 localities in seven countries: Korea, Philippines, China, Bangladesh, Malaysia, Vietnam, and Thailand.

In *N. lugens,* three haplotypes were found and all populations sampled shared a dominant haplotype. Localities in Korea contained two haplotypes and localities in China and the Philippines contained three. However, in samples from the Indochina peninsula we detected no variation either within or between populations, consistent with a hypothesis of regular migration and gene flow. These populations did not contain some haplotypes found in Korea, suggesting they are not the source of yearly immigration into Korea and, by extension, Japan. Populations from China did share haplotypes with Korea, which is consistent the hypothesis that China is the source for yearly immigration into Korea.

There was insufficient resolution to distinguish among populations in

China. For *N. lugens*, the data suggest that populations south of the Red River Valley in Vietnam experience regular mixing and are distinct from populations to the north which contribute to yearly immigrations.

In *S. furcifera*, there was less differentiation among populations. Two haplotypes were found in all populations except Malaysia. The results for both species are consistent with seasonal weather data and indicate that more detailed analysis of DNA sequence data will be fruitful.

2. The use of geographic information system (GIS)

Although the temporal dynamics of insect populations take place within a spatial context, population ecology tends to concentrate on the dynamics at single locations (Johnson & Worobec, 1988). Much of the recent attention given to large-scale spatial dynamics of insect populations has been related to migration as a factor in synoptic pest studies (Taylor, 1986). However, it is known that insect distributions and abundances can be greatly affected by local conditions (Song et al., 1982).

A recent technology for the analysis of geographic variables can be adopted to examine the spatial aspects of pest population dynamics. Large scale movement and dispersal of insect pests may be investigated. GIS is an information system designed to work with data referenced by spatial or geographic coordinates (Star & Estes, 1990). Besides functioning as a database system with specific capabilities for spatially-referenced data, a GIS can be used to analyze data.

The geographical information systems of Arc/Info™ and Arcview™ were used to establish a system which can display/monitor the spreading of long range migratory pests and predict/identify the pest risk area by overlaying the

map layers of pest densities and the spatial distribution of environment, such as temperature.

The system established successfully predict/identify late season planthopper damages by overlaying the early season migration and the temperature conditions, especially in September.

In conclusion, the potential of applying GIS to rice pest surveillance system seemed to be very much promising. Besides its capability of constructing a spatial data base, its uses for making pest predictions and for management decisions were also well determined as useful.

3. Boundary layer (Blayer) atmospheric model

We developed and test the performance of an atmospheric numerical model (Blayer) adapted to forecast the movement of migrant Brown and White-Backed Planthopper (*Nilaparvata lugens* and *Sogatella furcifera*) populations from China to Korea. The numerical model forecasts will be incorporated as a component into an internet surveillance system operated in the Republic of Korea.

Comparison of model forecasts with trapping data indicates (i) that the model is capable of successfully simulating the movement of planthoppers to Korea, with demonstrable regional skill, (ii) the source region for early season migrants is most likely south-eastern China (i.e., south of 25 N and east of 115 E), (iii) later season migrants may not necessarily originate from the expanded northward region (south of 30 N) as suggested in the current literature and (iv) the flight level of migrants may vary from 733 m altitude to 1960 m altitude from one migration episode to another. Procedures for converting meteorological real-time forecast and analysis products (available

from National Meteorological agencies) into a format suitable for driving Blayer have been developed and trialed. These procedures are necessary for the operational forecasting of planthopper migration and their development is important for this component of the planned internet surveillance system.

4. The internet pest surveillance database system (PeMoS) and system integration

Considering various data types and large data size in the current pest surveillance system for the long range migratory insect pests, a new spatial information management system should be considered. The integrated system should express complex types of information, such as text, multimedia, and other scientific data under the Internet environment.

We have developed the PeMoS (Pest Monitoring System) that is able to manage the pest surveillance data collected from 152 pest monitoring stations in Korea. The system of Blayer and GIS related to the pest surveillance were integrated into an internet based comprehensive database management system to facilitate information resources systematically organized and closely linked.

The three components of GIS, Blayer, and PeMoS, relevant to the automated pest surveillance were integrated to complete the "Pest Surveillance System on Internet", which is the final goal of this research project.

Keywords: pest surveillance, GIS, Blayer, PeMoS, database, internet, model, information, forecasting, prediction, object relational.

CONTENTS

목 차

제1장 서 론

제1절 연구의 역사 및 필요성

벼멸구, 흰등멸구, 혹명나방 등 우리의 주곡인 벼를 가해하는 장거리 이동성 해충은 역사적으로 기원후 15년경부터 기록되어 온 약 2000년의 역사를 가진 해충들이며(Paik 1972), 일본에서도 인간의 노력으로는 어쩔 수 없는 “누런 귀신”으로 취급되어 왔다(Sogawa 1991). 이와 같이 이들의 발생과 피해가 예측 불가능하였던 가장 큰 원인은 이들이 해외로부터 장거리 이동하여 오기 때문이다. 그러나 우리는 현대 과학사회에 살고 있으며, 따라서, 이동성 해충이 움직이고 있는 지역의 전체를 연구대상으로 하여 격발(Sporadic)하는 해충류의 이동상황을 예측하는 것이 매우 중요할 뿐만 아니라 현실적으로 실현가능성이 있음에도 불구하고, 그 동안에는 이들의 감시 및 예측을 위한 국제적인 노력이 없었다.

우리 나라로 이동하여 온 해충들은 겨울철에는 모두 죽기 때문에 세대가 단절되고 매년 새로운 개체군이 형성된다. 따라서 여름철에 조성된 개체군 조절여건(천적 증식, 농약살포, 저항성 품종)들의 효과가 지속되지 않으므로 개체군의 조절과 질적 변화의 예측이 불가능하다. 이를테면, 농약의 살포로 인한 저항성 개체군의 형성, 저항성 품종에 대한 새로운 생태형의 발생 등 개체군의 질적 변화가 모두 우리 나라 밖에서 이루어지기 때문에 이동의 근원과 그 지역의 여건을 연구하지 않고는 예측이 불가능하였다.

주곡인 벼의 안정생산을 위해서는 재해에 대한 예측과 대비가 필요하다. 그 중에서도 특히 이동성 해충의 돌발적인 발생은 주곡의 안정적인 생산에 가장 큰 장해요인이다. 따라서 예전에 水災, 旱災와 더불어 이동성 멸구류를 지칭하는 蝗災를 포함하여 인간의 힘으로는 어쩔 수 없는 3災로 취급하였다. 그러나, 현대에 와서는 이들 3災 중 앞의 두 가지는 국제적인 기상관측자료의 교류와 연구 및 기술협력을 통하여 이미 예측하고 대비할 수 있는 단계에 와 있는데 반하여 蝗災에 대비한 연구는 국내에서만 주로 진행되었을 뿐, 연구비 사용상의 융통성이 결여되고 해외를 대상으로 하면 보통 놀러나 다니는 것으로 인식되었기 때문에 국제적인 대상으로서의 협력연구가 없었다.

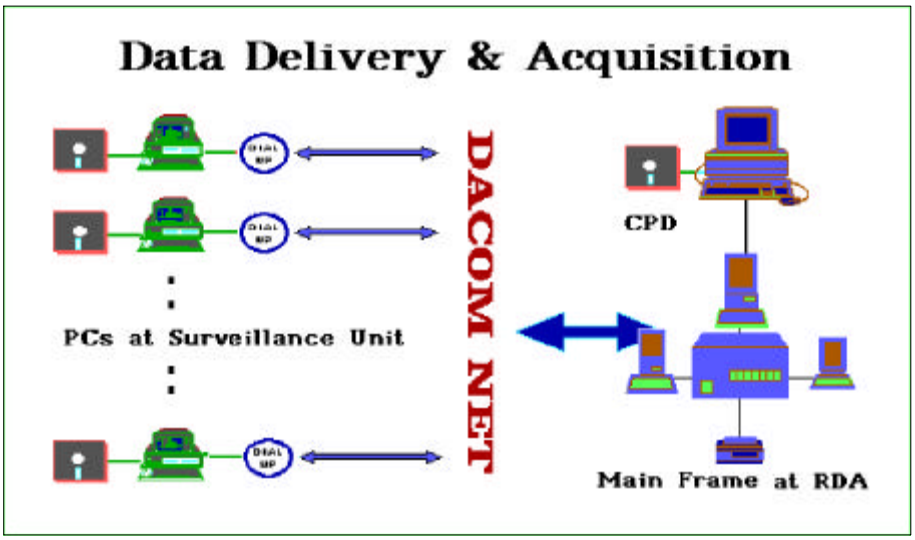
장거리 이동성 해충의 발생과 경과는 비래경로 상에 있는 국가(지역)에 있어서 발생시기와 발생량, 경종법, 방제법 등과 밀접한 관련이 있어 비래원과 비래경로의 파악이 매우 중요하다. 비래원과 비래경로에 있는 지역의 여건에 대한 정보를 수집하고 분석하는 수단을 개발하고 이를 통하여 확실한 협력체제를 구축하는 것은, 기상예보를 위해 인접국이 자료를 교환하고 공동으로 분석하는 체계를 구축하고 있는 것과 같은 이치이다. 따라서, 이동성 해충에 관한 궁극적인 정보는 이동의 근원이 되는 나라 과학자들의 협력이 매우 중요하다. 그러나, 이들은 대부분 저개발 국가들이므로 이에 대해 큰 관심이 없을 뿐만 아니라, 오히려 당사국이 비래원으로 인식될 것을 걱정하고 있다. 그간 개략적인 저층 제트기류의 분석에 의하면 장거리 이동의 가능성조차 검토되고 있지 않는 동남아시아에서도 이동을 유발하기에 충분한 강한 속도의 바람이 계절에 따라 방향을 바꾸고 있어 이동성 해충들이 이곳 저곳으로 이동(회귀)하고 있을 것으로 판단된다.

주곡인 쌀의 생산량은 재배면적의 감소, 농촌인구의 고령화, 생산의욕의 감퇴 등으로 인하여 점점 감소하고 있으며, 이는 결국에는 사회의 안정을 해치는 요소로 작용할 가능성이 있다(1994년 일본의 예). 또한 통일에 대비한다면, 북쪽의 생산기반과 병해충 등 재해대책을 고려해야 할 필요성도 있다. 이동성 해충에 관한 본 연구의 대상은 북한을 포함한 한반도의 주곡 안정생산을 저해하는 돌발성 이동성 해충류의 이동경로를 파악하고 조기경보체계를 개발함으로서 병충해발생에 대한 예측을 가능케 하여 주곡의 안정생산에 크게 기여할 수 있다.

제2절 연구의 배경과 목적

농작물의 병해충 발생을 예측하고 방제전략을 미리 수립하기 위해 농촌진흥청은 "병해충 발생예찰 사업"을 실시하고 있다. 이 사업의 주된 임무는 전국의 152개 병해충 발생예찰소에서 수집되는 조사자료를 집계, 분석하여 농민에게 병해충의 예찰정보를 제공하는 것이라고 볼 수 있다. 그러나 이 사업의 수행과정에서 발생되는 각종 조사자료의 량이 년간 400여만 건에 달하게 된 현 시점에서 단순한 수작업으로는 자료의 요약과 분석이 어렵고 자료수집으로부터 예찰정보를 도출하고 이를 농민에게 전달하기까지 상당한 시간이 소요되어, 컴퓨터를 이용한 자동화 자료

전달, 관리, 요약 및 분석체계가 시급히 요구되었다.



[그림 1-1] 병해충 발생예찰 전산화자료 보고 및 관리체계 (각 예찰소에서 조사된 자료는 공중통신망(DACOMNET)을 통하여 농촌진흥청의 주전산기로 직접 입력됨>

따라서 1986년부터 컴퓨터를 활용한 병해충 발생예찰자료의 수집, 보관, 검색, 분석, 및 출력에 관한 기초연구가 수행되기 시작하여 1987년에 "병해충 예찰조사일보"가 전산화되었고, 1988년에는 "관찰포 조사자료" 그리고 1990년에는 "병해충 발생예찰답 조사보고자료"를 관리할 수 있는 [그림 1-1]과 같은 전산체계가 구성되었다(송유한 등 1986; 송유한 1987, 1988, 1990).

이와 같이 개발된 "예찰자료 전산화보고 및 관리체계"를 활용하여 농촌진흥청 기술보급국에서는 전국의 152개 병해충 발생예찰소의 도움을 받아 1981년부터 누적된 예찰자료를 입력하기 시작하여 현재까지 수천만 건의 자료가 이미 입력이 되어 있으며, 이 자료는 병해충의 과학적인 예찰과 적절한 방제대책을 농민에게 추천하여 저공해 농산물을 생산할 수 있는 기반을 마련하는데 매우 중요한 역할을 해 오고 있다.

그러나, 이러한 전산화된 누적 예찰 조사자료를 효과적으로 활용하기 위해서는

자료를 분석할 수 있는 적절한 도구(주로 예찰모형)가 절실히 필요하다. 대표적으로 개발되고 있는 모형으로서는 병해충의 발생을 지역적 공간적으로 분석하고 예측하는 지리정보처리체계(GIS)를 이용하는 모형(Arc/Info 모형)과 외국으로부터 저층제트기류와 함께 이동하여 오는 장거리 이동성 병해충의 경로와 도착 후 분포를 예측하는 대기경계층 모형(Blayer)을 들 수 있다(Song 등 1993; 송유한 1992, 1995, 1997; Turner 등 1998).

또한, 공중통신망을 기본으로 한 [그림 1-1]과 같은 예찰자료 관리체계로는 기상정보, 해충발생 및 분포정보(Density Layer), 분석정보 등 관련 정보가 데이터베이스에서 체계적으로 관리되지 못하여 자료의 분석과 예측정보의 도출에 일관성과 편의성이 결여되고, 특히 일선 예찰소에서 분석된 자료에 접근할 수 없는 등, 좀 더 정확하고 신뢰성 있는 정보를 빠른 시간 내에 도출할 수 없다는 문제가 있었다. 이는 이 시스템이 개발될 당시(1997년)의 컴퓨터 통신 및 Database기술의 미비로 인한 시스템 개발상의 제약 때문으로서, 최근 급격한 발전을 보이고 있는 인터넷 및 Database의 I/O를 Web 상에서 구현할 수 있는 기술이 출현 된 현 시점에서 이들을 활용하여 새로운 “병해충 발생예찰 조사자료의 관리체계(PeMoS)"를 개발할 필요성이 제기되었다.

따라서 본 연구는 농림부의 농림특정연구사업의 지원을 받아 3개의 세부과제로 나누어 수행하였는데, 제1세부과제에서는 장거리 이동성 해충의 이동근원 및 경로를 구명하고, 분포와 확산의 예측을 위한 GIS Spatial Database와 Dispersion Model을 개발하며, 제2세부과제는 대기경계층 모형(Blayer)을 이용해 장거리 이동성 해충의 이동 및 분산을 추적하는 시스템을 구축하며, 제3세부과제에서는 이동성 해충의 모니터링을 위한 Internet DB를 구축한 후, 최종적으로 각 세부과제에서 개발된 내용을 하나의 네트워크 시스템으로 통합하여 접목하고 Internet 조기경보 및 예찰체계를 구성하여 농촌진흥청 기술보급국 작물보호과에서 운영할 수 있도록 하기 위하여 수행하였다.

제2장 장거리 이동성 해충의 이동의 근원 탐색

제1절 서 론

벼멸구, 흰등멸구, 혹명나방 등 우리의 주곡인 벼를 가해하는 장거리 이동성 해충은 역사적으로 기원 후 15년경부터 기록되어 온 약 2000년의 역사를 가진 해충들이며(Paik 1972), 일본에서도 인간의 노력으로는 어쩔 수 없는 "누런 귀신"으로 취급되어 왔다(Sogawa 1991). 이와 같이 이들의 발생과 피해가 예측 불가능하였던 가장 큰 원인은 이들이 해외로부터 장거리 이동하여 오기 때문이다.

우리 나라로 이동하여 온 해충들은 겨울철에는 모두 죽기 때문에 세대가 단절되고 매년 새로운 개체군이 형성된다. 따라서 여름철에 조성한 개체군 조절여건(천적 증식, 농약살포, 저항성 품종)들의 효과가 지속되지 않으므로 개체군의 조절과 질적 변화의 예측이 불가능하다(Uhm et al. 1988). 즉. 농약의 살포로 인한 저항성 개체군의 형성, 저항성 품종에 대한 새로운 생태형의 발생 등 개체군의 질적 변화가 모두 우리 나라 밖에서 이루어지기 때문에 이동의 근원과 그 지역의 여건을 연구하지 않고는 예측이 불가능하다.

이동의 근원에 대한 이전의 연구들은 기상조건의 분석이나 저층 제트기류분석을 통하여 이루어졌다. 이들 선행 연구의 결과들을 요약하면, 중국의 남동부 지역과 베트남의 Red River 이북의 일부지역에서 생성된 기류가 북동 방향 즉 한국이나 일본 쪽으로 발전하는 형태일 때 해충이 이 기류를 타고 이동하는 것으로 짐작이 된다(Kisimoto 1976, Kisimoto & Sogawa 1995, Sogawa, 1997, Uhm, 1988, Ashina & Tsrnoka, 1986). 이러한 기상학적인 데이터를 근거로 현재 이동성해충들의 발생 근원지가 중국 남동부 일대라고 알려져 있지만, 지금까지 이러한 가설을 직접적으로 증명하는 어떠한 생물학적 증거도 제시된 바 없기 때문에 아직도 논쟁은 계속되고 있다.

해충의 이동에 대한 직접적인 증거를 제시하기 위해 각 지역 개체군의 생물학적 특성을 비교하려는 시도가 있었는데, 초기에는 해충의 살충제에 대한 저항성 능력의 분석을 통해 개체군의 유사도를 검정하여 이동 근원지에 대한 해석을 하려는 시도(Bui, 1991, Chen 1991, 1997) 등이 있었다. 최근에는 분자 생물학적 기술의 발

달로 곤충의 표현형뿐 만 아니라 유전형의 분석까지도 가능한데, 특히 단백질 분석이나 DNA 분석 등이 생태형이나 개체군 다양성에 관한 연구들에 응용되고 있다 (Jones et al, 1996, Simon et al, 1994, Hoshizaki, 1994, Neigel & Avise 1985, Demaya et al 1990). 이에 분자생물학적 기술을 응용하여 이동성 해충의 근원지를 파악하는 것은 생물학적 측면에서 이동에 대한 근거를 줄 수 있는 큰 의미가 있다 하겠다. 특히 미토콘드리아는 그 구조가 간단하고 모계유전을 하며 핵 DNA보다 더 빠르게 진화한다는 이유로 곤충의 계통분류나 개체군 구조를 이해하는데 유전자 표식으로서 유용성이 인정된바 있다(Roderick, 1996, Simon et al., 1994).

미토콘드리아에 존재하는 DNA의 서열중 아주 잘 알려진 cytochrome oxidase 유전자는 아미노산 수준에서 아주 잘 보존되어 있다는 이유로 곤충의 종내 변이라든지 계통분류학에서 종의 동정에 많이 이용되고 있다(Mun 1999, Simon 1994). 그리고 핵 유전자중 단백질을 암호화하는 부분의 염기를 primer로 하여 일부 암호화되는 부분과 그 속에 존재하는 미토콘드리아 DNA보다는 유전적 변이를 더 많이 기대할 수 있는 intron을 찾아 개체군 분석에 응용하려는 시도가 이루어지고 있다 (Davies et al, 1999, Villablance et al 1998, Pollett & Roderick, 1996, Palumbi et al, 1991).

본 연구에서는 벼멸구 등 장거리 이동성 해충의 비래의 근원을 직접적으로 나타내어 줄 수 있는 생물학적인 증거를 탐색하기 위해, 미토콘드리아 DNA와 핵DNA의 염기서열 분석을 수행하였다. 즉, 동남아시아 등 벼의 주 재배지역별로 해충의 개체군을 채집하고, 지역별 mtDNA 및 핵 DNA의 염기서열을 알아 낸 후, 이들의 개체군간의 변이를 추적함으로서 이들 개체군간에 장거리 이동으로 인한 유전적인 교류(Gene Flow)가 있었는지를 검정하였다.

이러한 아시아 지역의 개체군 간 유전적 변이를 파악하여 얻어진 장거리 이동성 해충의 지역적 개체군의 구조는 이들의 이동 근원지를 추정할 수 있는 좋은 자료가 될 것으로 기대된다.

제2절 재료 및 방법

1. 장거리 이동성 해충류의 지역계통의 확보

한국에서 이동성 해충이 초기 발생되는 여러 지역과 더불어 지금까지 Kisimoto, Sogawa, Cheng 등에 의해 각각 다르게 제시된 이동경로 상에 있는 여러 지역으로부터 95% 알코올 액침표본을 확보하였다.

[표 2-1] 1997년 7월부터 확보된 한국과 동남아지역 비래해충의 Sample 현황

나라명	지역명	위도 / 경도	종	채집일
Korea	Kokseong	36cN / 129cE	BPH,WBPH	Jul. 1997
	Yeoncheon	35cN / 126cE	BPH,WBPH	Jul. 1997
	Gohung	35cN / 126cE	BPH,WBPH	Jul. 1997
	Cheju	33cN / 126cE	BPH,WBPH,RLRM	Jul.Aug 1997
	Namhae		BPH,WBPH,RLRM	Jul. 1997
	Chinju	35cN / 128cE	BPH,WBPH,RLRM	Jul. Sep.1997
Indonesia	Deli Serdang	3cN / 99cE	BPH,,WBPH	Feb. 1998
	Karawang	6cN / 107cE	BPH,WBPH	Jan. 1998.
	Subang	6cN / 107cE	BPH,WBPH,RLRM	Jan. 1998
	Indramayv		BPH,WBPH,RLRM	Jan. 1998
	Cirebon		BPH,WBPH,RLRM	Mar. 1998
Vietnam	Hanoi		BPH,WBPH	Dec. 1997
	Mekong Delta		BPH,WBPH	Jul. 1997
China	Jiangpo	32cN / 117cE	BPH,WBPH	Jul. 1997
	Anqin	32cN / 117cE	BPH,WBPH	Jul. 1997
	Nanning	27cN / 112cE	BPH,WBPH,RLRM	Jul. 1997
	changsa	22cN / 108cE	BPH,WBPH	Jul. 1997
Thailand	Pathum Thani		BPH,WBPH	Aug.1997
	Bangkok	15cN / 100cE	BPH,WBPH,RLRM	Apr. 1997
Malaysia	Seberang Perak	4cN / 100cE	BPH,WBPH,RLRM	Nor. 1997
	Tanjong karang	3cN / 100cE	BPH,WBPH,RLRM	Nor. 1997
	Sungailintang	5cN / 100E	BPH,WBPH,RLRM	Dec. 1997
Bangladsh	Penang	5cN / 101cE	BPH,WBPH	Aug. 1997
	Sripur		BPH,WBPH,RLRM	Oct. 1997
	BRRI		BPH,WBPH.RLRM	Oct. 1997
	Gazipur		BPH,WBPH,RLRM	Oct. 1997
	Dacca	23cN / 60cE	BPH,WBPH,RLRM	Aug. 1997
Philippines	Los Banos	16cN / 120cE	BPH	1983
	Central Luzon	16 cN / 122cE	BPH,WBPH,RLRM	Aug. 1997
	North Quotabata	6 cN / 125cE	BPH,WBPH,RLRM	Aug. 1997

중국 양자강 유역과 동남부 Xi-Jiang강 유역, Nanjing, Nanning, Changsa, 베트남의 중국접경부인 Hanoi부근 및 Mekong Delta 지역, 태국의 쌀 주산지인 Bangkok 근교, 인도차이나 반도 중간기착지의 라오스의 Vientiene, 벵골만 안쪽의 Dacca 근교, 말레이지아의 Alor Setar 및 Penang 지역, 인도네시아의 Java 및 Sumatra 부근, 필리핀의 Munos 및 Northern Quotabato 부근 등 동아시아 및 동남아시아의 주요 벼 재배지에서 해충을 채집하였다. 확보된 동남아와 한국의 지역계통들은 [표 2-1]에 표시된 바와 같다.

또한 우리 나라의 비래해충 상습발생지(전남·북, 경남남해 고성, 등지)에서 비래파별로 우리 나라의 지역계통을 확보하여 1998년 6월부터 [표 2-2]에서 보는 바와 같이 일련의 개체군을 확보하였다.

[표 2-2] 1998년 벼멸구 비래파(飛來波)별 지역계통 확보현황

채집지	채집충	채집일	비고
경남 하동군 금산면	WBPH	1998. 6. 14.	
경남 남해군 남해읍	WBPH	1998. 6. 15.	
경남 남해군 남해읍	WBPH	1998. 6. 21.	
전북 전주시	WBPH	1998. 6. 25.	
경남 남해군 남해읍	BPH,WBPH	1998. 6. 26.	벼멸구 1차비래
전북 전주시	BPH,WBPH	1998. 6. 27.	
경남 고성군 고성읍	BPH,WBPH	1998. 6. 29.	
경남 사천시	BPH,WBPH	1998. 6. 29.	
전북 전주시	BPH,WBPH	1998. 7. 5.	벼멸구 2차비래
경남 통령시	BPH,WBPH	1998. 7. 7.	
경남 하동군 하동읍	BPH,WBPH	1998. 7. 8.	
경남 고성군	BPH,WBPH	1998. 7. 10.	
경남 하동군 금남면	BPH,WBPH	1998. 7. 11.	
경남 사천시	BPH,WBPH	1998. 7. 12.	
경남 고성군	BPH,WBPH	1998. 7. 23.	벼멸구 3차비래
경남 사천시	BPH,WBPH	1998. 7. 23.	
전북 전주시	BPH,WBPH	1998. 7. 24.	
전북 전주시	BPH	1998. 7. 30.	
경남 사천시	BPH,WBPH	1998. 8. 1.	

2. DNA 분리 및 PCR

가. DNA 분리

1) 95% 알코올에 저장된 충을 한 마리씩 1.5ml E-Tube에 옮겨 ddH2O로 5분간 헹군다.
2) Tube에 Lysis 완충용액 200ul을 넣고 충을 마쇄한다.
3) 1ul의 Proteinase와 RNase을 넣고 62℃에서 최소 두 시간동안 중탕한다.
4)중탕된 샘플을 13000rpm에서 3분간 간단히 원심분리하여 상등액을 취한다.
5) 상등액에 phenol 200ul을 더하고 샘플과 Phenol를 잘 섞은 다음 13000rpm에서 10분간 원심분리 한다.
6) 원심분리 후 상층액을 새 tube로 옮기고 상층액과 동량의 Phenol/chroloform을 더하여 잘 섞은 다음 13000rpm에서 10분간 원심분리 한다.
7) 상층액을 새 tube로 옮기고 상층액과 동량의 chroloform을 더하여 잘 섞은 다음 13000rpm에서 10분간 원심 분리한다.
8) 상층액을 새 tube로 옮기고 3M 아모늄아세테이트를 상층액의 1/2분량 넣고 간단히 섞는다.
9) 95% 알코올을 상층액의 3배 분량 더하고 두세번 흔든 다음 -20℃에서 10분 이상 침전시킨다.
10) 침전시킨 샘플을 13000rpm에서 10분간 원심분리 한다.
11) 상등액을 버리고 침전물에 70% 알코올 1.5ml로 행군다.
12) 행군 후 13000rpm에서 10분간 원심분리하고 상등액을 버리고 침전물을 완전히 말린다.
13) 말린 침전물에 ddH2O 25ul로 더하여 DNA를 준비한다. 분리해 낸 DNA는 1/5배 희석하여 PCR에 사용하였다.

나. PCR 방법

PCR 반응을 위해 2ul의 희석된 DNA을 33ul의 ddH2O, 5ul의 10×Taq polymerase buffer, 5ul의 8mM dNTP, 2.5ul의 10uM primer 각각, 그리고 0.12ul의 Taq polymerase로 구성된 PCR 반응액을 준비하였다. Mitochondrial DNA의 경우는 95℃에서 60초, 48℃에서 30초, 그리고 72℃에서 45초간 35회 반응시켰고, 핵 DNA의 경우는 95℃

에서 60초, 60℃에서 30초, 72℃에서 60초간 35회 반응시켜 PCR 부산물을 얻었다. PCR기는 GeneAmp PCR thermocycler (Perkin Elmer)을 이용하였다.

3. Cloning 및 염기서열분석

가. Cloning

Cloning은 T-tailing pBluescript을 백터로 ligation하였으며, 42℃에서 heat-shock 방법으로 E. coli균주에 transformation 시켰다. PCR 부산물을 가진 colony는 백터 primer를 이용한 PCR을 통해 확인하였다.

나. 염기서열 분석

PCR 부산물을 바로 염기서열 분석에 이용한 경우는 Gene Clean Kit (BIO101)로 DNA을 정재 후, cloning을 한 경우는 Quanturm Prep Kit을 사용해 plasmid DNA을 분리한 후 염기서열 분석에 이용하였다. 전체 20ul의 염기서열 분석용액은 20 50nm의 DNA, 전체 2.3pmol의 Primer 그리고 DyeDeoxy Terminator Cycle Sequencing Kit (ABI)로 구성하여 cycle sequencing을 하였다. Cycle sequencing 후 DNA Sequencer (ABI 377, ABI 310)을 이용하여 미토콘드리아와 핵 DNA의 염기서열을 얻었다. 각 개체로부터 얻은 염기서열은 Sequencher 3.1 프로그램으로 그 차이를 비교하였다.

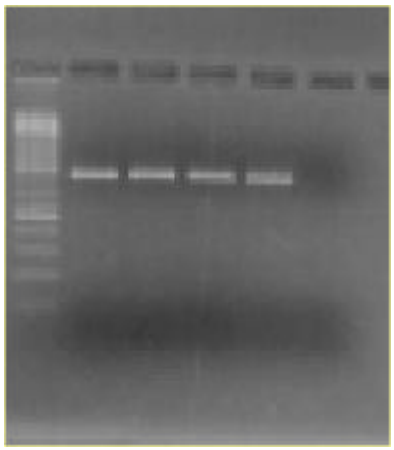
제3절 결과 및 고찰

1. 미토콘드리아 DNA을 이용한 지역계통의 유전학적 변이도 검정

가. 이동성 해충의 CO-1 유전자 염기서열과 염기서열의 지역 개체군내 분포

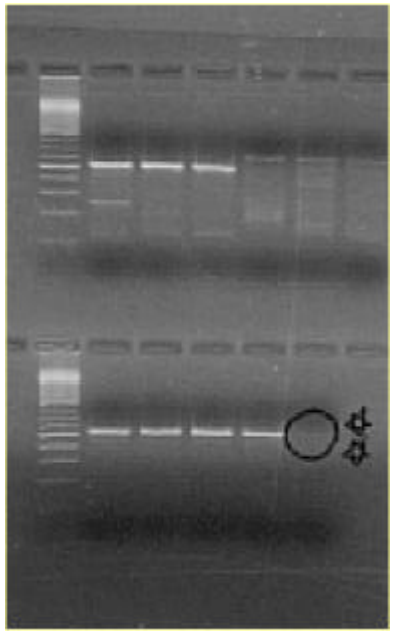
본 연구에서는 벼멸구, 흰등멸구, 혹명나방 등의 Mitochondrial DNA(mtDNA)의 Cytochrome Oxidase-1(CO-I) gene 염기서열을 Sequencing 하여 그 유형을 비교함으로서 해충의 이동근원을 추적코자 하였다. 각 지역 계통으로부터 4마리이상의 개체로부터 전체 DNA을 분리하여 개체간 유전적 변이 정도를 비교하기위해 PCR 후

자동 염기서열분석법으로 CO-1 유전자의 염기서열을 얻었다. PCR 부산물의 크기와 양상은 [그림 2-1]에 나타내었다.



A

B



C

[그림 2-1] 미토콘드리아 primer를 이용한 PCR 부산물 agalose gel 전기영동 사진

1) **유전자의 후반부 염기서열**

그 결과 벼멸구([**그림** 2-2]), **흰등멸구**([**그림** 2-3]), **혹명나방**([**그림** 2-4]) **등의** CO-I **을** Coding**하는** mtDNA**의 염기서열**(DNA Sequence)**를 알아 낼 수 있었다. 파리류, 벌류 등 다른 곤충에서는 이 부분의 염기서열이 많이 연구된 바 있으나, 멸구류와 혹명나방에 대해서는 본 연구가 최초로서, 개체군의 유전적 구조를 알아내고자 하는 응용적인 측면 이외에도 이들 해충의 발생과 진화 과정에 있어서 타 종과의 유연관계를 알아 낼 수 있는 기초자료가 되는 좋은 정보가 될 것으로 생각된다.**

*CAACATTTATTTTGATTTTTTGG*TCACCCAGGAAGTTATACATCCTTATTCTTCCAGGATTTG
GATTAATTTCTCATATTATTATACAAGAAAGAGGAAAAAGGGAAACTTTCGGATCTATTGGAA
TAATTTATGCAATAATTGCAATTGGAATTTTAGGTTTTATTGTTTGAGCTCACCATATTTACT
GTAGGTATAGATATTGATACCCGAGCCTATTTTACGTCAGCTACTATAATTATTGCGGTCCCC
ACCGGAATCAAAATTTTTAGATGATCGCAACAATTTACGGTTCCAAAATGAACTTTTCCCCCC
AAATAATTTGATCATTAGGATTCATTTTACTTTTTACTATTGGAGGATTAACAGGTGTAATAT
TATCAAATTCCTCAATTGATATTATTCTACATGATACCTATTATGTAGTGGCTCATTTTCACT
ATGTCCTTTCCATGGGAGCAGTATTCACCATTATCGCTAGATTTATCCATTGATACCCCTTAT
TTACAGGTAGAAACATAAATAATAAATGACTAAAAATTCAATTTTATTCCATATTTCTAGGAG
TAAATTTAACATTTTTTCCCCAACATTTTTTAGGATTAACTGGTATACCACGACGATACTCTG
ACTATCCAGATATATACACCCTGTGAAACCTTTTTTCTTCTATGGGTTCATTCATTTCCTTAA
TTAGAATTTTAATATTAATGTTTATTATATGAGAAAGATTAAGATTTAAACGAAAAATGGTGT
TTAAAACCAATCAACCTCAATCAATTGAATGAAAAATAAATTTACCCCCTAGAGAACACTCCT
TTAATGAAATTCCTATATTAATTAAGTTCTAA*TATGGCAGATTAGTGCATTGGAA*

[**그림** 2-2] **벼멸구의** mitochondrial DNA CO-I(Cytochrome Oxidase subunit-I)

특히, 다른 명나방류 에서는 CO-II**의** Sequence**만 밝혀졌을 뿐** CO-I**의 서열을 알아내기 위해 많은 노력을 기울였으나, 본 연구결과가 최초의 성공** Case**로서 그 의의가 크다고 생각된다. 또한 순수 학문적 의의 뿐만 아니라, 유전적 변이도의 확**

대정보를 얻기 위해서도 금후 이들 해충에 대한 CO-II 서열을 추적하여 Cytochrome Oxidase Coding Gene의 전반적인 염기서열을 완성시키는 것 또한 중요한 연구과제라고 생각된다.

ACCCAGGAAGTTTATATCCTGATTCTCCCCGGATTTGGATTAATTTCCCATATCATTATACAA
CAAAGAGGTAAACGTGAAACCTTTGGATCAATTGGTATAATCTACGCCATACTAGCTATTGGA
ATCCTAGGATTTATCGTTTGAGCACACCATATATTTACAGTAGGAATAGATATTGATACACGA
GCGTACTTTACTTCAGCGACAATAATTATTGCTGTACCTACAGGAATTAAAATTTTTAGATGG
ATCGCCACCATTTACGGATCAAAAATTAATTTTTCCCCCCAAATAATTTGGTCTATAGGATTC
ATTTTGCTTTTTACAATTGGTGGTCTAACAGGAGTAATACTAGCAAACTCCTCAATCGATGTT
GTTCTTCATGATACCTACTATGTAGTTGCTCACTTTCACTATGTTTTGTCTATAGGAGCCGTT
TTTACAATTGTTGCCAGTTTCATCCACTGGTAACCAATTTTTACTGGAGTTGCCTTAAACAAT
AAATGACTAAAAATTCAATTTTTTTCTATATTTTTAGGAGTAAATTTAACATTTTTTCCGCAA
CATTTTCTAGGGCTTACAGGTATACCACGTCGATATTCTGATTACCCTGATATATACACCCTA
TGAAACTTAACGTCTTCAATCGGATCCATAATTTCATTAATTAGAATTTTACTATTAACATTT
ATTACTTGAGAAAGATTAGTTTATAAACGAAAAATTCTTTTTAAAACAAATATAGCGCAATCT
TTAGAATGAAAAATAAATCTACCCCCGTCTGAACATGCATTTAATCAATCCCATTCTAGCAAG
TCCCNNCTTANTTATTTN

[그림 2-3] 흰등멸구의 mitochondrial DNA CO-I (Cytochrome Oxidase subunit I) 유전자의 후반부 염기서열. 밑줄친 부분은 변이가 나타나는 Location

벼멸구, 흰등멸구, 흑명나방 등 장거리이동성 해충의 mtDNA의 CO-I gene의 염기서열을 검정하는데 성공하였으므로, 동남아 및 중국 그리고 우리 나라에서 확보된 Sample을 사용하여 지역 개체군간 유전적 차이를 검정코자 하였다.

우선 벼멸구에 대한 mtDNA의 CO-I gene의 지역 개체군 간 염기서열의 차이를 살펴보면 [표 2-3], 염기번호 345번째와 , 470번째의 두 site에서 지역 개체군간에 변이를 발견할 수 있었다.

Variation-1

CACCCAGGAAGTTTATATTTTAATTTTACCAGGATTTGGTATAATTTCTCATATTATTTCTCAA
GAGAGAGGAAAAAAAGAAACTTTTGGATCACTAGGAATAATTTATGCTATAATAGCAATTGGTT
TATTAGGGTTTGTAGTATGAGCTCATCATATATTTACAGTTGGTATAGATATTGATACTCGAGC
TTATTTTACTTCAGCAACTATAATTATTGCTGTACCAACTGGAATTAAAATTTTTAGTTGATTA
GCAACTTTCCATGGTACACAAATTAATTATAGACCTTCAATTTTATGAAGATTAGGATTTGTTT
TTTTATTTACTGTAGGAGGATTAACTGGAGTAATTTTAGCTAATTCATCAATTGATGTAGCTCT
TCATGATACTTATTATGTTGTTGCACATTTTCATTATGTTCTTTCTATAGGAGCAGTATTTGCA
ATTATAGGAGGATTTATTCATTGATATCCTTTATTTACAGGATTAACTCTTAATCCTTTTTTTT
TAAAAATTCAATTCTTCACAATATTTATTGGAGTTAATTTAACTTTTTTTCCACAACATTTTTT
AGGATTAGCAGGAATACCTCGTCGTTATTCTGATTATCCAGATGCTTATATTTCATGAAATATT
ATTTCTTCATTAGGATCATATATTTCATTATTAGCAGTAATATTAATTTTAATTATTATTTGAG
AATCAATAATTAATCAACGAATAATTTTATTTTCATTAAATCTATCATCTTCTATTGAATGATA
TCAAAATTTACCTCCAGCAGAACATTCATATAATGAACTTCCCAATTTTAAGAATTTCA

Variation-2

GAGGAAAAAAAGAAACTTTTGGTTCTTTAGGAATAATTTATGCTATAATAGCAATTGGTTTATT
AGGATTTGTTGTATGAGCTCATCATATATTTACAGTAGGTATAGATATTGATACTCGAGCTTAT
TTTACTTCAGCTACTATGATTATTGCTGTTCCAACTGGAATTAAAATTTTTAGTTGATTAGCAA
CTTTTCATGGAACACAAATTAATTATAGTCCTTCAATTTTATGAAGATTAGGATTTGTTTTTTT
ATTTACTGTTGGAGGATTAACTGGAGTAATTTTAGCTAATTCATCTATTGATGTTGCTCTTCAT
GATACTTATTATGTTGTTGCTCATTTTCATTATGTTCTTTCTATAGGAGCAGTATTTGCAATTA
TAGGAGGTTTTATTCATTGATATCCTTTATTTACAGGATTAACTCTTAATCCTTTTTTCTTAAA
AATTCAATTTTTTACAATATTTATTGGAGTTAATTTAACTTTTTTCCCCCAACATTTTTTAGGA
TTAGCAGGAATACCTCGTCGTTATTCTGATTATCCTGATGCTTATATTTCATGAAATATTATTT
CATCTTTAGGATCATATATTTCATTATTAGCAGTAATATTAATTTTAATTATTATTTGAGAATC
AATAATTAATCAACGAATAATTTTATTCTCATTAAATTTATCATCTTCTATTGAATGATACCAA
AATTTACCTCCAGCAGAACATTCTTATAATGAACTACCCAATTTTAAGAATTTCA

[그림 2-4] 혹명나방의 mitochondrial DNA CO-I (Cytochrome Oxidase subunit I) 유전자의 후반부 염기서열 * 밑줄친 부분은 변이가 나타나는 Sites

이 두 site의 변이 조합에 따라 가능한 4개의 변이군 중에서 AC, AA, GA의 세가지 Haplotype이 명확히 나타났다. 그 중에서, AC type은 11개 지역 개체군 중에서,

10여년간 실내사육 된 국제미작연구소 실험개체군을 제외한 모든 개체군에서 우점하여 나타나는 Haplotype이었으며, AA type은 중국과 필리핀에서, 그리고 GA type은 한국, 중국, 필리핀에서 나타났다.

[표 2-3] 벼멸구 CO-I gene의 염기서열 차이에 의한 유전적 변이도

Collection site	No. of Tested Idividual	Haplotypes		
		A*. C**	A*. A**	G*. A**
Korea(Chinju)	4	1.000	-	-
Korea(Cheju)	6	0.833	-	0.167
China(Nanjing)	8	0.875	0.125	-
China(Nanning)	4	0.500	0.250	0.250
China(Changsa)	4	0.750	-	0.250
Philippines(IRRI)	4	-	-	1.000
Philippines (Central Luzon)	2	0.500	0.500	-
Philipines (North Quotabata)	5	0.600	-	0.4000
Vietnam(Mekongdelta)	6	1.000	-	-
Malaysia(Malaysia)	4	1.000	-	-
Thailand(Bangkok)	4	1.000	-	-
Bangladesh(Dakka)	4	1.000	-	-
Indonesia	4	1.000	-	-

*The 345th variation site, **The 470th variation site

흥미로운 사실은 벼멸구의 1차적 비래원이라고 의심이 되는 중국의 남령지역 개체군에서만 유일하게 AC, AA, GA의 3가지 Haplotype이 다 발견되었는데, 한국이나 중국의 남경(Nanjing) 지역으로 비래하며, 그 개체군 조성에 있어서 Bottle Neck 현상이 나타나는 것으로 짐작이 되며, 이러한 사실은 Dr. Sogawa의 가설과도 일맥상통하는 결과로 보아진다.

[표2-4] 흰등멸구 CO-I gene의 염기서열 차이에 의한 유전적 변이도

Collection site	No. of Tested Idividual	Haplotypes	
		C*	T*
Korea(Cheju)	6	0.667	0.333
(Goseong--'98)	4	1.000	-
(Sacheon--'98)	4	0.500	0.500
(Sacheon--'98)	4	1.000	-
China(Nanning)	5	0.800	0.200
Philippines (Central Luzon)	4	0.750	0.250
Vietnam (Mekongdelta)	4	0.750	0.250
Malaysia (Penang)	4	1.000	-
Bangladesh (Sripur)	4	0.750	0.250
Indonesia (Subang)	4	0.500	0.500

* The 372th variation site

한편, 흰등멸구에 대해서는 372번째 site 에서 변이를 보였는데 [표 2-4], C type과 T type의 두 Haplotype으로 구분할 수 있었다. 우리 나라를 비롯한 5개 지역계통 중에서 말레이시아 개체군(C type만 나타남)을 제외한 모든 지역에서 이 두 type이 같이 나타났고, C type이 75% 정도로 우점하였다.

이동성 곤충 중 비교적 체구가 큰 나방류로는 혹명나방이 대표적인 비래해충으로 알려져 있다. 지금까지의 정황으로 보아 혹명나방 또한 벼멸구나 흰등멸구와 같은 지역에서 우리 나라로 비래하여 오는 것으로 추정되며, 따라서 개별 해충의 유전자를 분석하고 채집지 별로 종합한다면 좀 더 큰 지역간 변이정보를 얻을 수 있을 것으로 생각된다. 따라서 한국, 중국(남경), 남부 월남, 말레이시아, 태국 등 5개 지역 개체군의 mtDNA의 CO-I gene의 염기서열을 검정하였다([표 2-5] 참고). 그 결과, 총 800여개의 염기 중에서 약 3%에 해당하는 32개 site에서 뚜렷한 차이

를 보이는 두가지 변이군(Variation, [그림 2-4] 및 [표 2-5] 참조)이 발견되었다. 이 두 그룹을 각각 A군과 B군으로 표시할 때 이 두 군 간에는 같은 종이라고 보기에는 어려울 정도의 변이를 보였다.

[표 2-5] 혹명나방의 두가지 변이종에 있어서 CO-I gene의 염기서열 차이에 의한 유전적 변이도

Collection site	No. of Tested Idividual	Variation Groups	
		Group A	Group B
Korea(Cheju)	8	1.00	-
China(Nanning)	4	1.00	-
Vietnam(Mekongdelta)	4	0.75	0.25
Malaysia(Malaysia)	4	0.75	0.25
Thailand(Bangkok)	4	0.50	0.50

The number present variation site

	60	66	90	93	94	135	141	168	207	213	225	264	270	288	333	369
A :	T	G	A	A	C	G	A	T	A	A	A	C	T	A	A	A
B :	C	A	T	T	T	A	T	A	T	G	T	T	A	T	T	T

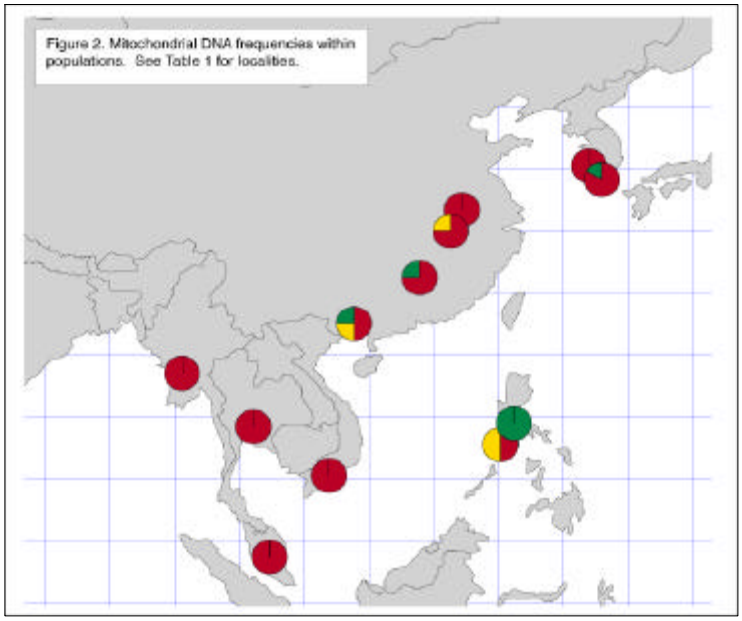
	378	408	459	507	525	528	561	564	615	645	648	735	745	768	795	807
A :	A	A	A	T	C	C	T	A	A	T	A	T	C	T	A	T
B :	T	T	T	C	T	T	C	C	T	A	T	C	T	C	T	A

우리 나라 등 온대지역에서는 벼의 잎을 말아 엽육을 가해하는 대표적인 종으로 혹명나방(*Cnaphalocrosis medinalis*)이 있으나, 열대지방에는 혹명나방 이외에도 *Marasmia patnalis, M. exigua, M. rularis* 등 3종의 유사종이 있는 것으로 알려져 있다. 본 결과는 지역 협력자들이 Sample을 채집할 때 분류를 잘못하여 위의 *Marasmia* 3종 중 하나가 혼입되었기 때문에 나타난 것이라고 볼 수도 있다. 그러나 변이의 정도가 4%정도밖에 되지 않고(만일 타종이 혼입되었다면 속간 변이로 최소한 10% 이상의 변이가 예상됨), 한국에서 나타나는 A군 이외에 B군 하나만 열대지방에서 나타나므로(만일 혼입되었다면 3가지 다른 그룹이 나타날 확율이 높음), 혹명나방의 종 분화 과정에서 그룹으로 나뉘어 지는 과정에 있을 가능성도 배제할 수 없다.

따라서, 이 문제는 또 하나의 흥미로운 연구과제를 도출하게 되었으며, 본 연구의 부수적 성과가 아닌가 생각된다.

나. CO-1 염기서열 변이를 통한 장거리 이동성 해충의 비래근원지 추적

벼멸구, 흰등멸구, 혹명나방 등의 지역개체군의 유전자 변이도에 대한 연구결과를 분석하여 비래 해충의 비래 근원을 추정코자 하였다.



[그림 2-5] Mitochondrial DNA CO-I (Cytochrome Oxidase subunit I) 유전자의 후반부 염기서열의 변이에 의한 지역계통의 변이 및 분포

벼멸구의 염기서열 분석에 의해 구분된 3개의 Haplotype의 구성비를 지역에 따라 표시한 [그림 2-5]에서 살펴 볼 때, 벼멸구는 북월남의 赤色江(red river)을 경계로 그 이남과 이북의 지역적 유전변이가 확실하게 구분됨을 알 수 있었다. 이는 이 경계선을 중심으로 그 이북과 이남 사이의 개체군 상호간에는 유전적인 교류(gene flow)가 없으나, 이 경계선 이북에서는 게체간의 혼합 또는 이동으로 상호 교류가 많았음을 나타내어 준다.

[표 2-6] 벼멸구와 흰등멸구의 mtDNA의 CO-I 유전자 염기서열 변이에 의한, 북월남을 경계로 한 두 개체군 간 변이도에 따른 Chi-Squre 검정

Comparison	N*	*HS*	*KS*	*HST*	*KST*	ChiSq.	*p*
A. *N. lugens*(벼멸구)							
All populations	13	0.18 (0.07)	0.35	0.579	0.564	44.8	0.002
N. of Red River, Vietnam	5	0.30 (0.10)	0.56	0.144	0.347	6.3	0.69
S. of Red River, Vietnam	5	0.00 (0.00)	0.00	0.000	0.000	0.0	1.0
B. *S. furcifera*(흰등멸구)							
All populations	5	0.30 (0.08)	0.40	0.076	0.083	1.7	0.9
N. of Red River, Vietnam	2	0.38 (0.06)	0.47	0.022	0.024	0.2	0.53
S. of Red River, Vietnam	2	0.19 (0.19)	0.25	0.143	0.143	0.9	0.40

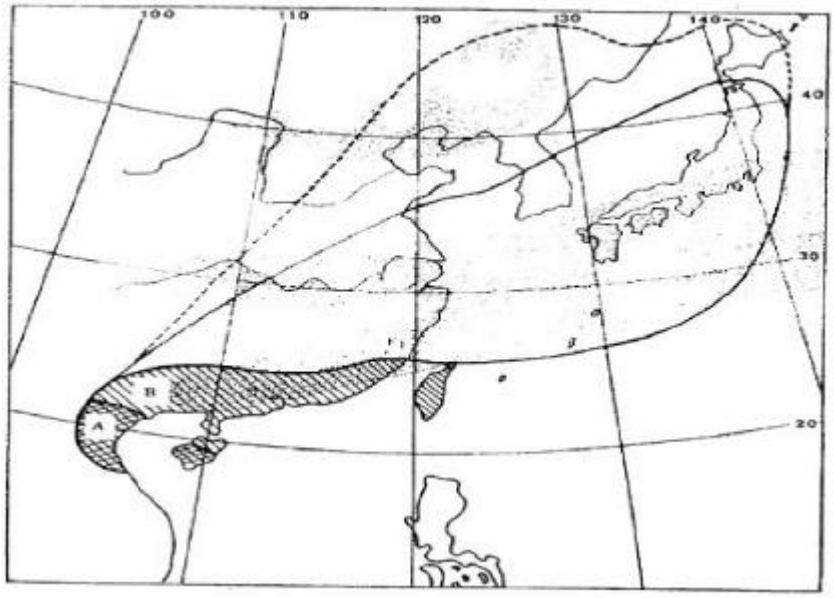
N = number of populations; *HS* = average within-population haplotype diversity
KS = average within-population sequence diversity (weighted)
HST= haplotype differentiation among populations
KST = sequence differentiation among populations
Chi-Squre = test statistic calculated in usual way
p = probability determined by randomization

각 Sampling Site의 DNA 검정개체수가 연구비용의 제한 때문에 적을 수밖에 없었던 상황에서, 검정을 수행한 전 지역을 비래의 근원으로 의심되는 북월남의 赤色江을 경계로 하여 두 그룹으로 구분하여, 조사지 전체가 한 개의 큰 개체군으로 구성되었다는 가설과 함께 그 타당성을 Chi-Squire 분석을 수행하였으며, 이 분석의 구체적인 이론적 배경은 지면 관계상 생략하였으며, <Bulletin of Entomological Research>에 투고된 논문을 참고하기 바란다.

그 분석결과는 [표2－6]에 나타낸 바와 같이 벼멸구의 경우에는 북월남을 경계로 그 남과 북의 개체군간에는 명확한 차이가 있음을 알 수 있었다. 즉, 남방 개체군은 단일 Haplotype으로 구성되어 있고, 다른 Haplotype이 실재 존재하는데도 불구하고 검정이 되지 않았을 확율은 0.2% 이내로 매우 신뢰성 있는 결과를 보였다. 한편 북방 개체군에는 3가지 Haplotype이 나타나는 혼합된 양상을 보였으며, 남방계에 없는 두 Haplotype의 Origin이 어디인지에 대해서 개체군 유전학적인 관점에서 큰 흥미를 유발시켰다. 또한 우리 나라로 비래하는 1차 근원지로 추정되는 중국 남령

(Nanning) 지역에서 3개의 Haplotype이 모두 나타나고 있으나, 중국 南京(Nanjing), 한국 등으로 비래하며 Bottle Neck 현상을 보이는 것은 매우 흥미로운 사실이다.

한편, 흰등멸구의 경우 북월남을 경계로 한 남, 북 개체군간에는 유의성 있는 차이를 보이지 않았는데, 흰등멸구의 경우 벼멸구와는 달리 체구가 작고 이동거리가 멀며, 이동시기가 빠른 등, 여러 가지 생태적 차이가 있어 더 많은 Sample을 대상으로 계속 검토해 보아야 할 것으로 생각된다.



[그림 2-6] 벼멸구의 월동지역 및 예상 확산경과도. A: 예상 이동의 근원, B: 월동가능지역, 실선범위: 통상 확산범위, 점선범위: 확장이동범위

장거리 이동성 해충의 근원에 대하여, 일본 과학자로서 중국의 국립수도연구소(CNRRI)에서 연구중인 Dr. Sogawa(1995, 1997)는 그간 여러 과학자들의 수많은 연구결과를 종합하고, 기류의 Back Trajectory Analysis를 수행한 결과, [그림 2-6]과 같은 Sinario를 제시하였다. 즉, 온대지방으로 이동하여 오는 1차적인 비래 근원지는 중국 남부의 광서성(Guang Xi) 및 광동성(Guang Dong)이나, 이 지역 또한 완전한 월동이 어렵고 겨울철에 벼를 재배하지 않음으로 궁극적인 근원지라고는 보기 어려우며, 따라서, 월남 북부 Red River Delta([그림 2-6]의 A로 표시된 지역)에서 겨

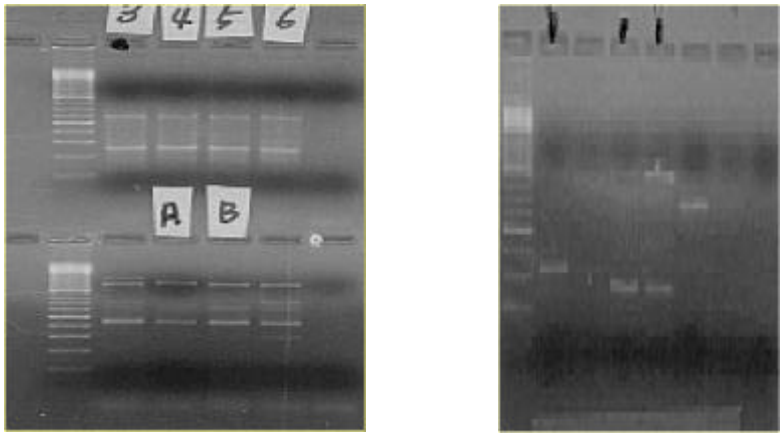
울 벼 재배작기(Winter Spring Rice)에 증식된 벼멸구가 중국 남부로 이동하고 2-4세대 증식한 후 이동한다고 주장하고 있다. Sogawa 등 이 분야의 연구과학자들은 이러한 가설의 정황증거는 많이 확보하였으나, 좀 더 확실한 증거를 포착하기 위해 유전자 분석인 RAPD-PCR 기법, RFLP 기법 등을 시도한 바 있으나 모두 실패하였다. 또한 Isozyme 분석도 시도된 바 있으나 이 또한 성공적이지 못하여, 본 연구의 결과가 Sogawa의 가설을 지지하는 최초의 직접적 증거임이 부각되고 있다.

이상의 결과 나타난 모든 결과를 종합해 볼 때 한국으로 이동하여 오는 해충의 비래 근원은 중국 남부와 월남 북부가 확실한 것으로 판단되나, 북월남 남부 개체군 내부에서의 Gene Flow 여부, 북부 개체군의 Haplotype 들의 Origine에 관한 사항 등이 금후 연구의 관심사가 될 것으로 판단된다. 이와 같은 개체군 유전학적 기초연구는 본 "농림특정과제"로 계속 지원이 될 지는 미지수임으로 별도의 연구계획을 한국과학재단의 지원을 받아 계속 연구하고 있다.

2. 핵 DNA을 이용한 지역계통의 유전적 변이도 검정

EPIC-PCR을 이용하여 미토콘드리아 DNA보다 변이정도가 많이 기대되는 intron 내 염기서열 차이를 통해 이동성 해충의 종내 지역계통의 유전적 변이도를 검정하고자 SOD, EF, Actin, 그리고 wingless primer를 사용하였다. 이들 primer들 중 SOD primer는 DNA 증폭에 실패하였고, EF primer는 DNA 증폭이 잘 되어 여러 개의 밴드를 얻을 수 있었으나([그림 2-7]), 염기서열 분석 결과 모든 밴드가 elongation factor를 지시하는 염기와 무관하게 나와 elongation factor 유전자를 찾는데 실패하였다.

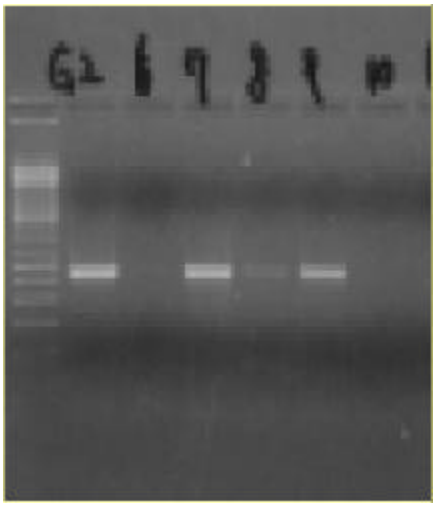
한편 actin primer의 경우 여러개의 밴드([그림 2-9])를 cloning하여 염기서열 분석한 결과 피멸구로부터 얻은 289bp 크기의 밴드가 actin 유전자로 밝혀졌다. 그 염기서열은 [그림 2-8]에 나타내었다. 하지만 이 유전자내에 전사가 되지않는 부분인 intron은 존재하지 않았고, 벼멸구와 흰등멸구에서는 이 유전자를 찾지 못 하였기 때문에 지역계통의 유전적 변이도 검정에 이용할 수 없었다.



[그림 2-7] *EF* 및 *actin* 유전자 primer를 이용한 PCR부산물 agarose젤 전기영동 사진

*ATTCACGAGACTGTCTACCAGTCA*ATCATGAAGTGCGACGTCACATCCGTAAGGACCTGTACGC
CAACACCGTCCTCTCAGGAGGTACCACCATGTACCCAGGCATCGCCGACCGCATGCAGAAGGAG
ATCACTGCCCTCGCCCCATCAACAATGAAGATCAAGATCATTGCCCCGCCCGAGAGGAAGTACT
CCGTATGGATCGGAGGATCCATCCTGGCCTCCCTGTCCACCTTCCAACAG*ATGTGGATCTCTAA*
GCAGGAGT

[그림 2-8] *Nilaparvata bakeri actin* 유전자 염기서열



[그림 2-9] *wingless* 유전자 primer를 이용한 PCR부산물 agarose젤 전기영동 사진

Wingless primer를 이용한 PCR에서는 벼멸구, 흰등멸구를 비롯해 피멸구에서도 378bp 크기의 wingless 유전자를 찾을 수 있었다 [그림 2-10]. 각 종내 여러 개체간 wilngless 유전자 염기서열은 site 변이를 보이지 않았으며, wingless 유전자도 actin 유전자처럼 intron 부분을 포함하지 않아 개체군 구조를 분석하는데 이용할 수 없었다. 하지만 이 유전자의 경우 종간 변이가 미토콘드리아 DNA 변이와 다른 양상으로 나타났는데 이러한 변이정도는 계통분류학에서 이용할 수 있는 좋은 자료가 될 수 있을 것으로 생각된다.

Nilaparvata lugens

*TCGTGCACGGTGAAGACGTGTTGGATGCGA*CTGCCGAACCTGCGTGCGGTGGGCGACAGCCT
CAAGGACCGGTTCGACGGCGCGTCACGGGTGATGGTCGGCAACGCGGGCAGCTCACGGGTCA
ACGCGGGCAGGAACAGATACAACTTCCAGCTGAAGCCCTACAACCCGGAGCACAAGCCGCCC
GGACCCAAGGACCTCGTCTACCTGGAGTCGTCGCCCGGCTTCTGCGAGCGCAACCCGCGCCT
TGGCATCCAGGGCACGCACGGTCGCCAGTGCAACGACACGTCGATCGGCGTCGACGGCTGCG
ACCTCATGTGTTGTGGGCGTGGCTACCGGACTCAGGAGGTGCTCGTCACCGAGCGATGTCAC
TGCACATTCCACTGGTGCGCGCA

N. bakeri

*TCGTGCACGGTGAAGACGTGTTGGATGCGA*CTGCCGAACCTGCGTGCGGTGGGCGACAGCCT
CAAGGACCGGTTCGACGGCGCGTCACGGGTGATGGTCGGCAACGCGGGCAGCTCACGGGTCA
ATGCGGGAAGGAACAGATACAACTTCCAGCTGAAGCCCTACAACCCAGAGCACAAGCCGCCC
GGACCCAAGGACCTCGTCTACCTGGAGTCGTCACCCGGCTTCTGCGAGCGCAACCCGCGCCT
TGGCATCCAGGGGACGCACGGTCGCCAGTGCAACGACACGTCGATCGGCGTCGACGGCTGCG
ACCTCATGTGTTGTGGGCGTGGCTACCGGACTCAGGAGGTGCTCGTCACCGAGCGATGTCAC
TGCACATTCCACTGGTGCGCGCA

Sogatella furcifera

*TCGTGCACGGTGAAGACGTGTTGGATGCGG*CTGCCCAACCCGTGTGCGGTGGGCGACAGCCT
CAAGGAACGGTTCGACGGTGCGTCACGTGTCATGGTGGGCAACGCGGGCAGCACACAGGTCA
ACGCGAGCGGCAAGAACCGCTACAACTTCCAGTTGAAGCCCTACAACCCGGAGCACAAGCCG
CCCGGACCCAAGGACCTCGTCTACCTGGAGTCGTCGCCTGGCTTCTGCGAGCGCAACCCGCG
ATTGGGCATCCAGGGCACGCACGGCCGCCAGTGCAACGACACGTCGATCGGCGTCGACGGCT
GCGACCTGATGTGCTGCGGGCGTGGCTACCGCACGCAGGAGGTGCTTGTCACCGAGCGCTGT
CAC*TGCACATTCCACTGGTGCGCGCA*

[그림 2-10] Wingless 유전자 염기서열

제4절 요약 및 결론

본 연구에서는 벼멸구 등 장거리 이동성 해충의 비래의 근원을 직접적으로 나타내어 줄 수 있는 생물학적인 증거를 탐색하기 위해, 미토콘드리아 DNA와 핵DNA의 염기서열 분석을 수행하였다.

그 결과 아시아 지역의 개체군 간 유전적 변이를 파악하여 얻어 진 장거리 이동성 해충의 지역적 개체군의 구조는 이들의 이동 근원지를 추정할 수 있는 직접적인 생물학적 증거가 될 수 있음이 밝혀졌으며, 그 구체적인 결과를 요약하면 다음과 같다.

1. 벼멸구의 CO-1 유전자는 850bp 염기서열중 두 개의 base에서 변이를 보였다. 이 두 base의 변이는 벼멸구의 아시아 전체 개체군에서 3개의 haplotype을 나타냈다. 한국 개체군은 두 개의 haplotype을 포함하고 있었고, 중국과 필리핀 개체군에서는 세 개의 haplotype을 가지고 있었으며, 그 외 인도차이나 반도의 여러국가들에서는 단 하나의 haplotype을 가지는 것으로 나타났다. 이 결과로 베트남의 Red River을 기점으로 남북지역으로 나누어 볼 때 남방 개체군은 단일 Haplotype으로 구성되어 있고, 다른 Haplotype이 실재 존재하는데도 불구하고 검정이 되지 않았을 확율은 0.2% 이내로 매우 신뢰성 있는 결과를 보였다. 한편 북방 개체군에는 3가지 Haplotype이 나타나는 혼합된 양상을 보였으며, 남방계에 없는 두 Haplotype의 Origin이 어디인지에 대해서 개체군 유전학적인 관점에서 큰 흥미를 유발시켰다.

2. 흰등멸구의 CO-1 유전자는 820bp 염기서열중 한 개의 base에서 변이를 보였다. 이 base의 변이는 두 개의 haplotype를 나타냈다. 그리고 이들의 지역적 분포는 북월남을 경계로 한 남, 북 개체군간에는 유의성 있는 차이를 보이지 않았는데, 흰등멸구의 경우 벼멸구와는 달리 체구가 작고 이동거리가 멀며, 이동시기가 빠른 등, 여러 가지 생태적 차이가 있어 더 많은 Sample을 대상으로 계속 검토해 보아야 할 것으로 생각된다.

3. 혹명나방의 CO-1 유전자는 총 800여 개의 염기 중에서 약 4%에 해당하는 32개

site에서 뚜렷한 차이를 보이는 두 가지 변이 군이 발견되었다. 이 두 그룹을 각각 A군과 B군으로 표시할 때 이 두 군간에는 같은 종이라고 보기에는 어려울 정도의 변이를 보였다. 우리 나라 등 온대지역에서는 벼의 잎을 말아 엽육을 가해하는 대표적인 종으로 혹명나방(Cnaphalocrosis medinalis)이 있으나, 열대지방에는 혹명나방 이외에도 Marasmia patnalis, M. exigua, M. rularis 등 3종의 유사종이 있는 것으로 알려져 있다. 본 결과는 지역 협력자들이 Sample을 채집할 때 분류를 잘못하여 위의 Marasmia 3종 중 하나가 혼입되었기 때문에 나타난 것이라고 볼 수도 있다. 그러나 변이의 정도가 4%정도밖에 되지 않고(만일 타종이 혼입되었다면 속간 변이로 최소한 10% 이상의 변이가 예상됨), 한국에서 나타나는 A군 이외에 B군 하나만 열대지방에서 나타나므로(만일 혼입되었다면 3가지 다른 그룹이 나타날 확율이 높음), 혹명나방의 종 분화 과정에서 그룹으로 나뉘어 지는 과정에 있을 가능성도 배제할 수 없다.

4. EPIC-PCR을 이용하여 미토콘드리아 DNA보다 변이정도가 많이 기대되는 intron 내 염기서열 차이를 통해 이동성 해충의 종내 지역계통의 유전적 변이도를 검정한 결과, SOD, EF을 사용한 PCR에서는 그들 각각 유전자의 exon 부분을 찾지 못하였다. 그리고 actin과 wingless primer는 그들 각각 유전자의 exon 부분, 289bp와 378bp 염기의 exon은 찾았지만 두 유전자 모두 Intron를 포함하지 않았다.

5. wingless 유전자 염기서열은 각 종내 여러 개체간 염기의 base변이를 보이지 않아 개체군 구조를 분석하는데 이용할 수 없었다. 하지만 이 유전자의 경우 종간 또는 속간 변이가 미토콘드리아 DNA 변이와 다른 양상으로 나타났다. 특히 *Nilaparvata* 와 Sogatella 속 사이에는 3개의 염기가 차이를 보여 적어도 하나의 아미노산이 *Nilaparvata* 속에서 삭제된 것을 확인할 수 있었다. 그러므로 이러한 변이정도는 계통분류학에서 이용할 수 있는 좋은 자료가 될 수 있을 것으로 생각된다.

이상의 결과를 종합적으로 검토하여 볼 때, 우리 나라로 장거리에 걸쳐 이동하여 오는 벼멸구, 흰등멸구, 혹명나방 등은 Sogawa(1995)의 주장대로 남중국 및 북월남

이 그 근원이 된다는 가설을 생물학적으로 증명하는 최초의 증거를 제시할 수 있었다. 또한 유전자를 분석하는 방법은 여기저기 흩어져 있는 지역개체군 상호간에 어떤 연관을 갖고 있으며, 이동과 분산으로 나타나는 유전자의 흐름(gene flow)과 개체군의 특성의 변화를 추적할 수 있는 효과적인 수단(tool)을 발견할 수 있었다.

앞으로 이러한 연구가 더욱 발전하여 2000년 전에 이미 그 피해가 기록된 장거리 이동성 벼멸구류와, 그 기주인 이동경로상의 벼의 생태계의 변화에 의해 기인된 적응과 진화의 과정을 더 상세히 이해할 수 있기를 기대한다.

제3장 장거리 이동성 해충의 GIS Spatial Database 와 Dispersion Model

제1절 서 론

지리정보처리체계(Geographical Information System: GIS)란 "지리적 공간적으로 분포된 정보를 전자지도화 하여 데이터베이스를 구축하고 상호 비교, 분석할 수 있게 만든 컴퓨터를 이용한 정보관리시스템"이라고 볼 수 있다(Song 1995). 우리들이 일반적인 데이터베이스(Database) 시스템을 이해할 때, 우선 얻어진 정보를 구조화하여 입력, 수정, 보관할 수 있는 정보(데이터)의 관리라는 특성과, 이렇게 구조화되어 축적된 연관 정보를 편리하게 검색, 분석할 수 있는 정보이용의 편리라는 특성이 있다. GIS도 이와 같은 일반 데이터베이스 정보관리시스템이 갖는 두 가지의 특성을 모두 가지고 있으나, 다만 GIS는 지리적, 공간적으로 분포하는 정보(spatial information or data)를 전자지도의 형태로 입력, 수정, 보관하여 데이터베이스를 구축하고 이와 같이 구축된 지리적 정보를 검색, 분석할 수 있게 해 준다는 점에서 차이가 있다고 볼 수 있다. 즉, GIS는 지리적 좌표(locations)가 정보참조(referencing information)의 지시자가 될 뿐만 아니라 정량적 분석의 중요한 변수가 된다.

GIS를 이용할 때 얻을 수 있는 지리적 정보를 GIS의 대표 격인 Arc/Info™를 개발한 미국의 "환경시스템 연구소(ESRI, 1992)"에서는 다음과 같이 열거하고 있다.

- o 어떤 공간적 위치에 무엇이 존재하는가?
- o 어떤 조건을 만족하는 공간적 위치는 어디인가?
- o 어떤 공간적 위치 또는 범위에 현상이 어떻게 변하였는가?
- o 공간적으로 분포하는 어떤 한 현상이 다른 공간적 현상과 어떤 관계가 있는가?
- o 어떤 공간적 변화를 주었을 경우 어떤 현상이 일어날 것인가?

이와 같은 정보는 종이에 평면적으로 그려진 일반적인 지도로부터도 얻을 수 있는 것들이다. 다만 GIS로부터 이러한 정보를 매우 손쉽고 빠르게 얻을 수 있는 것

이 큰 이점이라고 볼 수 있다. 이는 마치 원주율을 계산하는데는 그 방법도 알고 계산을 할 수도 있지만 실제로 인간이 계산하는 데는 한계가 있듯이, 우리들이 통상적인 지도로부터 얻을 수 있는 정보에도 한계가 있으며, 따라서 GIS는 컴퓨터 기술을 도입함으로서 이러한 인간의 한계를 뛰어 넘는 속도와 편의성을 우리에게 제공한다.

이동성 해충의 문제 또한 통상적인 방법으로 그 발생경과와 이동상황 및 지역적 밀도의 변화를 종이에 그려진 지도로 추적 할 수 있으며, 지금까지 그렇게 해 오고 있다. 그러나, 이러한 통상적인 방법으로는 여러 면에서 한계가 있으므로, GIS를 이용하여 장거리 이동성 해충류의 이동경로를 추적하고 Spatial GIS Database를 구축하는 것은 해에 따라 변이가 심한 장거리 이동성 해충의 발생, 이동 및 확산상황을 예측하는데 매우 유용하게 사용될 수 있을 것이다.

따라서, 본 연구에서 궁극적으로 개발코자 하는 장거리이동성 해충의 Internet 감시체계(system) 내에서 하나의 구성원소(component)로서 이 GIS 모형을 만들어 넣음으로서 이동성 해충의 지역적 밀도변동을 감시하고 예측할 수 있는 기능을 강화코자 하였다.

제2절 재료 및 방법

1. 사용 Software 및 기본 Spatial data

본 연구에서 사용된 GIS Software로는 미국의 ESRI (Environmental System Research Institute, Inc)사에서 구입한 Arc/Info™ 및 Arc/View™를 사용하였다. 이 Software는 본 연구 프로젝트의 예산 부족으로 별개로 IBRD 차관자금으로 구매한 것을 사용하게 되었다.

시스템을 구성하기 위하여 대상 지역 Domain의 지표자료, 경계자료 (Municipal Boundary) 등 기본적인 Spatial data는 역시 ESRI에서 무료로 제공받은 Arc World™를 사용하였다.

또한 한국내의 보다 정밀한 지표자료가 포함된 Base Map을 만들기 위해 국립지리원에서 제공하는 수치지도(200,000:1, Digital Map) 13도엽과, 이에 근거한 90m

간격 Digital Elevation Model(DEM)을 제작하여 사용하였다. 또한 시군경계는 통계청이 제작한 Vector data를 사용하였다.

벼멸구 등 장거리이동성 해충에 대한 각 예찰소별 피해율과 유아등 유살상황은 농촌진흥청 식량작물과에서 집계한 병해충발생예찰조사자료를 이용하였으며, 온도, 습도, 강수량 등 기상요소의 자료는 농촌진흥청 homepage(www.rda.go.kr)에서 제공하는 database를 이용하였다.

2. Base map의 작성

연구대상지역 (Domain area)인 동남아 및 동아시아의 Municipal Boundary 및 한국내의 이동성 해충 발생경과를 벼멸구를 중심으로 탐색할 수 있는 광지역 기본도를 작성하기 위해, 주요 지표자료의 Vector Data를 Arc World™ Database CD-ROM으로부터 추출하였다. 대상지역은 장거리 이동성 해충이 51시간 이내에 우리 나라에 도달할 수 있는 영역을 고려하고, 기존 문헌상의 이동가능 범위 등을 참고하여 월남과 중국을 포함하는 영역으로 domain을 설정하였다.

한국 내에서 보다 정밀한 분석이 가능한 체계의 구성에 사용하기 위해 통계청에서 작성 배포한 시군 행정구역도 Vector 자료를 이용하여 기본도를 만들고, DEM 자료를 추가하여 금후 지세가 고려된 분석이 가능하도록 하였다.

3. Model의 구축

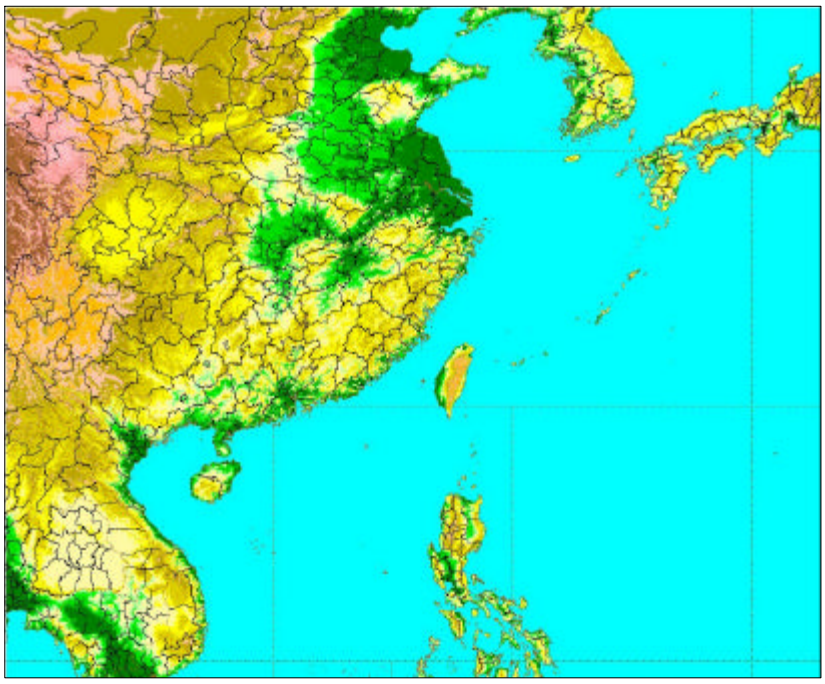
장거리 이동성 해충이 우리 나라로 이동한 후 대발생 하기까지의 환경요소를 GIS의 map layer overlay 기법으로 분석하였다. 또한 온대지방에서 개체군의 밀도변동에 가장 직접적이고도 큰 영향을 주고 있는 온도조건에 대하여 이미 제시된 바 있는 해충 개체군의 온도 의존적 적산온도 모형(Song 1992, 1995)에 근거를 두고 map layer를 독립변수로 한 후기발생량의 예측이 가능한 모형으로 구성하였다.

상세한 사항은 결과 및 고찰에서 논의코자 한다.

제3절 결과 및 고찰

1. GIS 기본도(base map)의 구축

이동성 해충의 연구대상지역(Domain)인 동남아 및 동아시아의 Municipal Boundary 및 주요 지표자료를 수록한 Arc WorldTM로 부터 Vector Map을 추출하여 Domain을 설정하였으며, 30초 간격 Digital Elevation Model을 입수하여 Arc/Info System으로 입력한 후 전체의 대상지를 확정하였다. 그 결과는 [그림 3-1]에 나타낸 바와 같다.

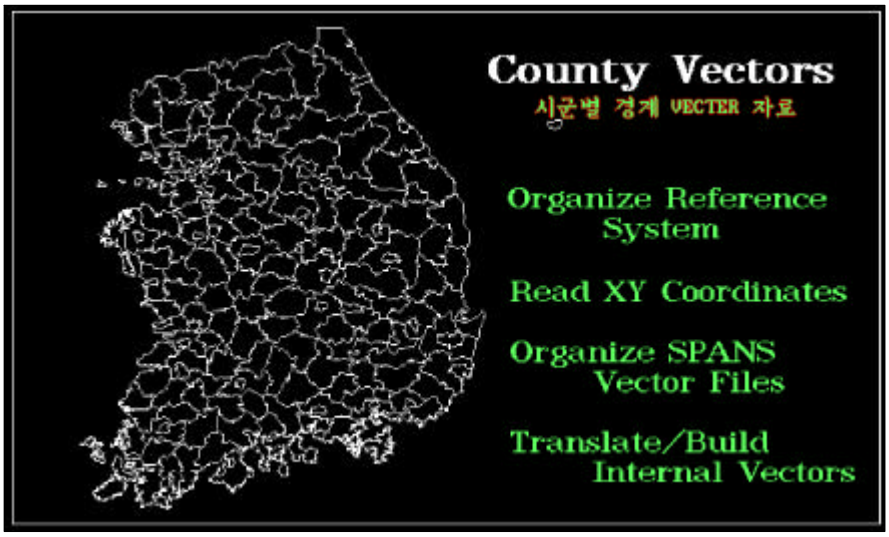


[그림 3-1] 행정구역 경계(국경), 기본적인 하천(강) 및 표고자료가 포함된 장거리 이동성 해충의 GIS 모형 기본도(base map)

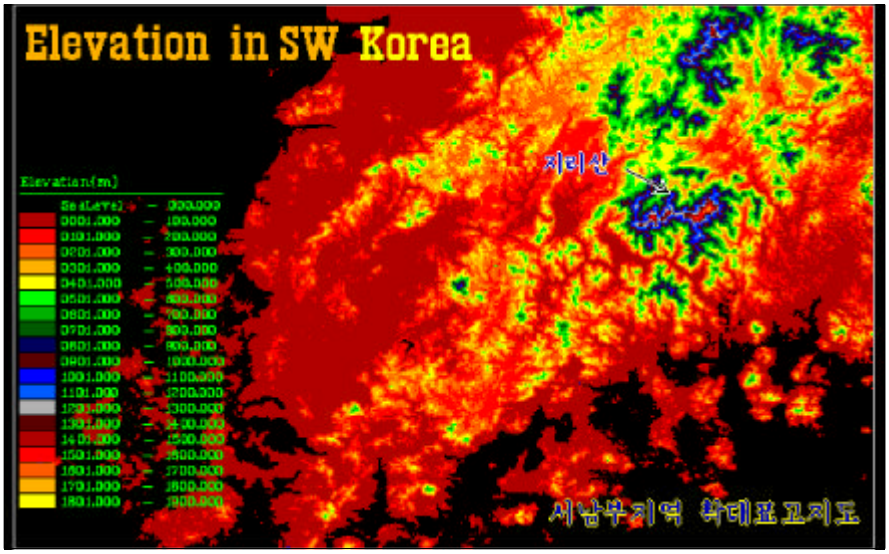
이 기본도는 장거리 이동성 해충의 근원지(2장에서 언급됨)로 추정되는 북 베트남으로부터 도착지인 한국(남북한) 전역뿐만 아니라 중국 중부 및 일본의 벼멸구 비래 다발지역을 포함하고 있어 이들 지역에서도 이용할 수 있게 하였다.

한편 우리 나라(남한) 내에서 152개소의 예찰소 조사자료를 수용하고 좀 더 정밀

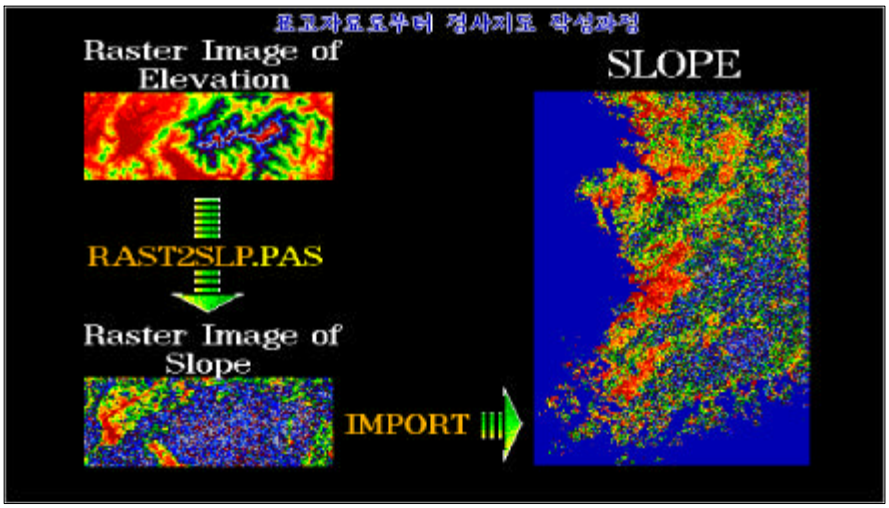
한 분석 및 monitoring을 위해 별도의 base map을 작성하였다. 그 과정에서 vector map ([그림 3-2]), elevation map ([그림 3-3]), slope map ([그림 3-4]) 등이 작성되었다.



[그림 3-2] 시군 경계 등 Municipal Boundary Vector Data에 의한 우리나라 내의 연구대상지역(Domain)의 설정



[그림 3-3] Digital Elevation Model(DEM)에 의한 표고자료의 입력상태.



[그림 3-4] GIS에 Digitizing 된 자료의 활용과정: DEM으로부터 경사도 Layer를 도출하여 새로운 Layer로 작성함.

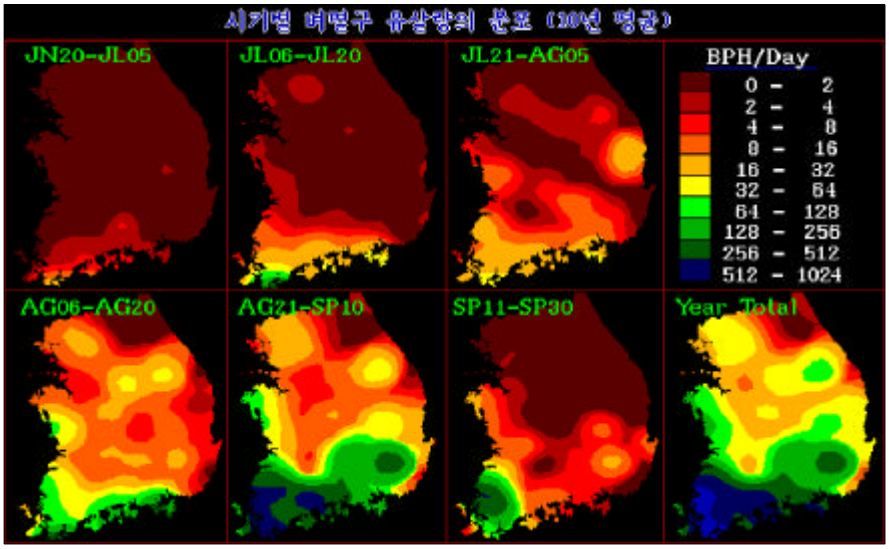
제주도가 제외된 정밀 vector 및 elevation base map을 보완하기 위해 일본 구주 지방까지 포함된 별개의 base map([그림 3-5])을 만들어 Blayer(제4장에서 논의함)의 결과를 수용할 수 있도록 하였다.

[그림 3-5] Blayer의 결과와 실측 조사자료의 비교를 위한 광역 기본도(base map).

2. 온도에 기초한 장거리 이동성 해충의 GIS 밀도변동모형

생물계를 포함한 모든 자연계의 System은 시간에 따라 변화한다. 즉, 어떤 상태가 변화하는데 시간적 지연이 필요하며 이러한 시간지연(Time Delay)은 모든 생물적 변화과정의 천부적 특성으로 볼 수 있다.

그러나 어떤 생물집단의 System의 변화는 단순한 시간의 함수로 표현하기에는 어려운 점이 있다. 왜냐하면 생물개체군은 개체의 집합이며 각 개체의 시간에 따른 상태의 변화는 상당한 변이가 있기 때문이다. 예를 들면, 어떤 해충집단의 시간에 따른 성숙도의 변화는 각 개체의 성숙도의 변화에 따르며 따라서 외부로 표현되는 집단변화의 양상은 어떤 변이 폭을 갖게된다. 이와 같은 변이의 폭을 갖는 집단의 변화를 Simulation 하는데는 Distributed Time Delay의 개념이 적용된유혀적산온도에 따른 시간함수에 근거해야 한다(Manetsch 1976; Manetsch & Park 1978).



[그림 3-6] 벼멸구의 시기별 밀도분포를 지역별 유아등 유살수를 기초로 Interpolation 한 결과.

따라서, 장거리 이동성 해충 중에서 우리 나라에서 가장 예측하기 힘든 벼멸구([그림 3-6])을 대상으로 시기별 온도의 변화를 수용하는 map layer([tm_p1], [tm_p2], 등)와 비래시기의 벼멸구 밀도를 수용하는 map layer([bph_p1], [bph_p2] 등)를 독립변수로 하는 최종밀도분포상황([BPH])들을 추정하는 Song 등(1993)의 모형을 도입

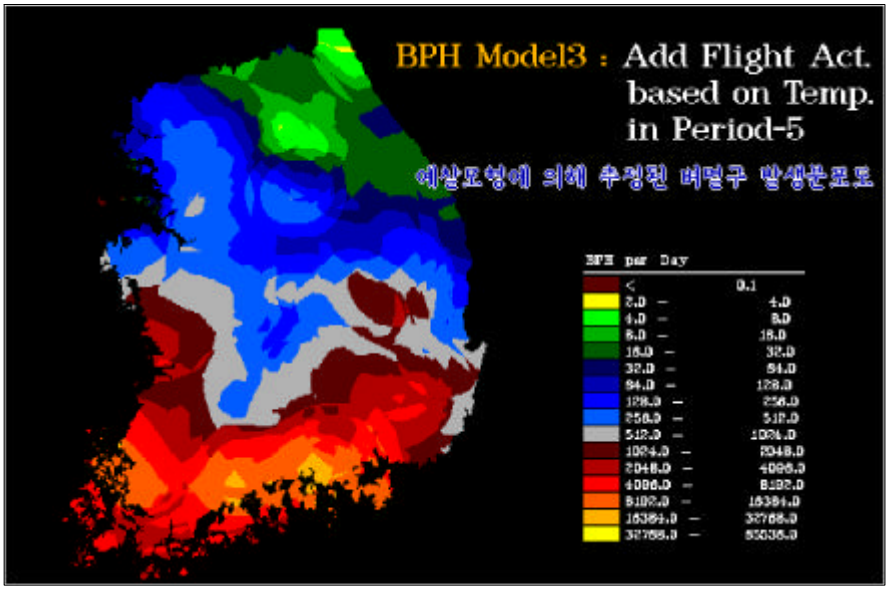
하였다(Song, 1993, [그림 3-7]).

E([BPH]) = f ([bph1_p1], [tm_p1], [tm_p2], ・・[tm_p5])

where

[BPH]= Brown planthopper distribution layer in September
[bph1_p1]= Distribution layer of early immigration
[tm_p1]= Temperature layer-1 after immigration
[tm_p2]= Temperature layer-2 after immigration
・
・
・
[tm_p5]= Temperature layer-5 after immigration

[그림 3-7] 벼멸구의 확산예측을 위한 GIS 모형의 개념도: 우리 나라로 비래한 벼멸구의 개체군 밀도증식모형에 근거하여 작성됨.



[그림 3-8] 벼멸구 GIS Model에 의한 발생위험지 예측의 예 (1990년)

이러한 벼멸구 밀도변동 GIS Model을 확인하기 위해 1990년의 기온의 변화에 근거를 두고 model을 운영해 본 결과 동년의 실측 유아등 유살자료와 매우 잘 일치

함을 알 수 있었다 ([그림 3-6]의 Year-Total 참조).

이와 같이 구성된 GIS 모형은 그간 누적된 기상 및 발생밀도조사자료(PeMoS database, 제5장에서 논의됨)를 정밀 분석하여 그 원리를 알아내는데 매우 좋은 도구가 될 것으로 사료된다. 그러나 Blayer(제4장에서 논의)와 연계하여 현실적이고 개략적인 해충의 밀도변동을 예측하는 데는 좀 더 단순한 방법이 필요할 것으로 생각되었다. 따라서 이동성 격발해충의 대발생 예측을 위한 보다 단순한 GIS 시스템의 구성을 생각하게 되었다.

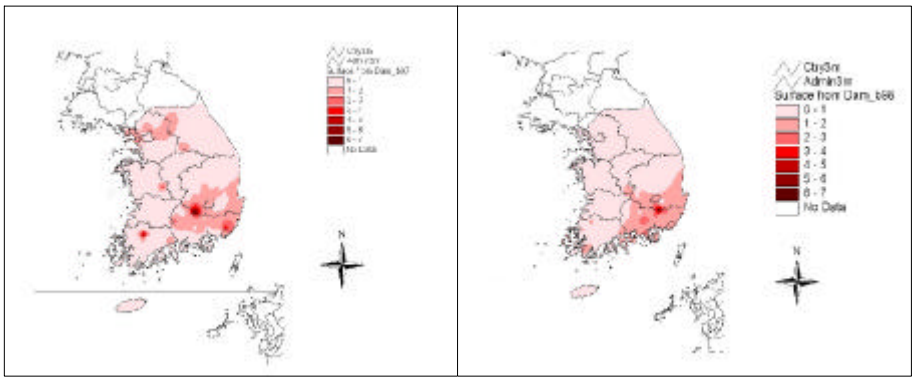
3. GIS에 의한 이동성 격발해충(벼멸구)의 대발생 예측

본 연구기간내의 1996년 및 1999년에는, 이동성 해충 중에서 가장 큰 피해를 주고 있는 벼멸구의 피해가 매우 적었던 반면, 1997년과 1998년에는 매우 심한 피해를 준 바 있다. 이 4개년의 상황을 GIS로 분석하여 그 결과에 근거한 금후의 대발생 광역예측의 가능성을 검토하고 이를 근거로, 장거리 이동상황(Blayer 예측결과)과 연계하여 정착 후 발생-분포를 예측할 수 있는 범용 Spatial Dispersion Model을 구성하고 "통합 Internet 해충감시체계(PeMoS)"의 한 component로 포함시켜 연동될 수 있도록 하였다.

가. 장거리 이동성 격발해충(벼멸구)의 연도별 피해율의 변동

1996년의 경우 벼멸구는 전혀 피해를 주지 않았다. 그러나 1997년에는 전국 대부분의 지역에서 심하게 발생하여 큰 피해를 준 바 있다. 또한 1998년에도 경남을 중심으로 큰 피해를 주고 있는 것으로 보고되었으나, 금년(1999년)에는 남부 해안의 약간의 지역을 제외하고는 전국적으로 벼멸구의 피해가 전혀 보고된 바 없었다.

피해가 컸던 1997년과 1998년의 예상 감수율을 GIS의 point data로 입력하고 interpolation 한 결과인 [그림 3-9]를 살펴보면, 두 연도 모두 영남의 고령, 합천-창령지역을 중심으로 심한 피해를 입은 것을 알 수 있었다. 벼멸구의 피해가 주로 서남부 해안지대에 집중되는 예년의 결과와 다르게 영남 내륙에 피해가 컸던 것이 특기할 만 한 사실이었고, 1998년에는 1997년과 발생양상이 유사하였으나 피해가 다소 적었던 것은 집중적인 방제 때문인 것으로 생각된다.

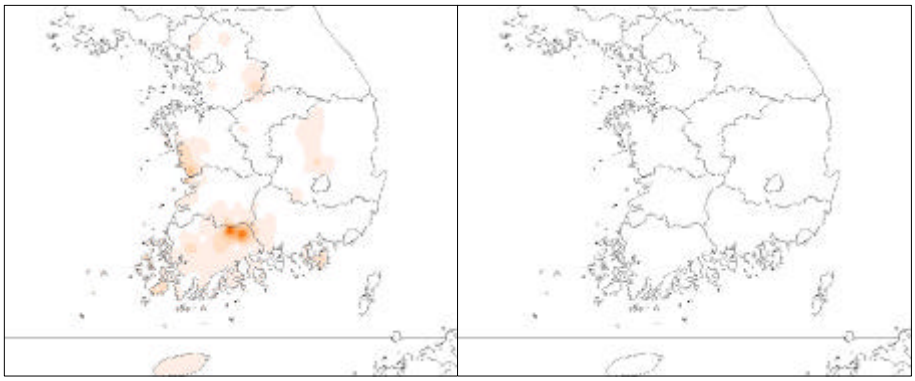


[그림 3-9] 연도별 벼멸구에 의한 벼 수확량 감소비율의 interpolation: (좌측 1997년도, 우측 1998년도의 감수율의 분포)

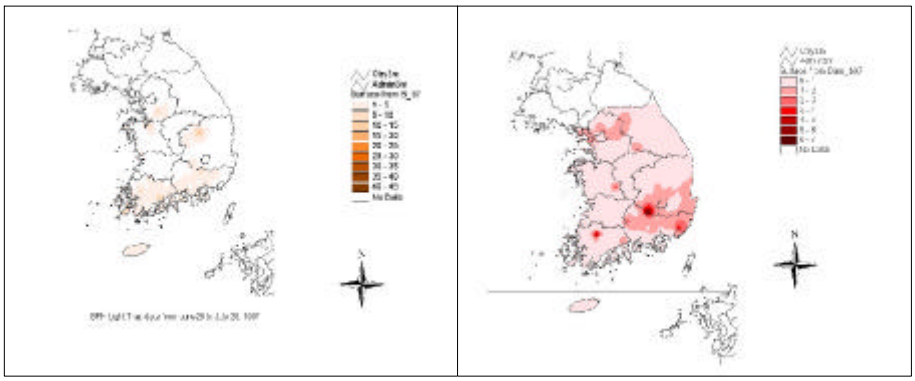
나. 장거리 이동성 격발해충(벼멸구)의 초기 유살량과 피해도

벼멸구에 의한 피해의 정도에 미치는 요인을 GIS를 이용하여 검토해 보기 위해 벼멸구의 비래량을 간접적으로 나타내어 주고 있는 초기 유살량의 분포와 피해율과의 관계를 분석하였다.

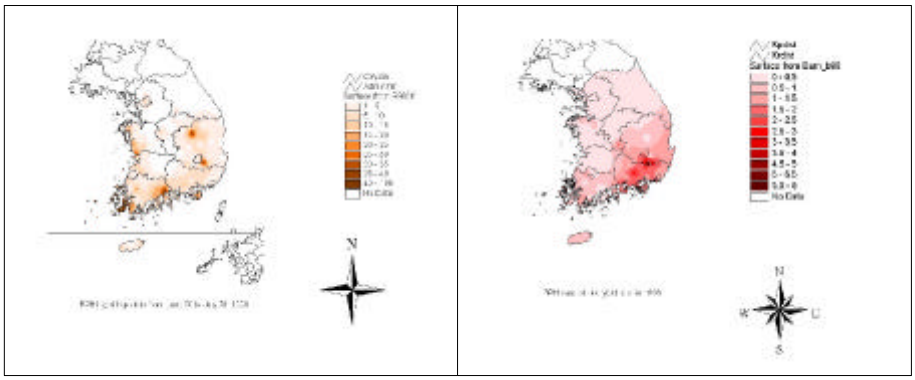
그 결과를 보면 1996년([그림 3-10])과 1999년([그림 3-13])의 경우 호남 및 영남내륙에 상당수의 벼멸구가 유살되었음에도 불구하고 벼멸구에 의한 피해는 전국적으로 전혀 나타나지 않은 것을 볼 수 있다. 그러나, 1997년-1998년([그림 3-11] 및 [그림 3-12])의 경우에는 비래상황도 많았을 뿐만 아니라 후기의 발생량도 전국적으로 높게 나타나고 있다.



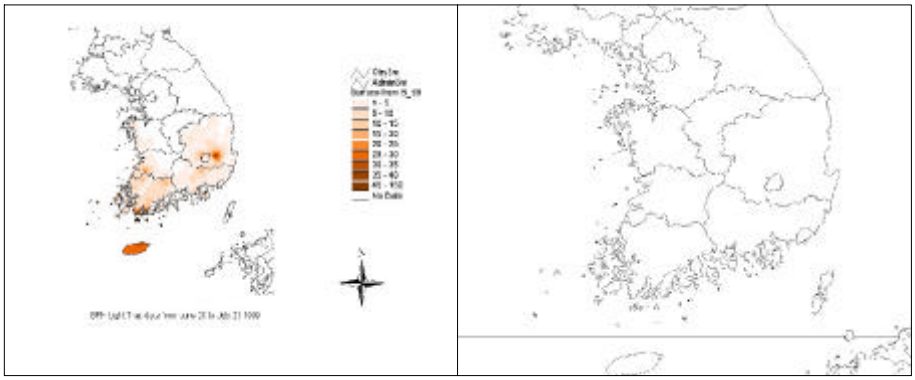
[그림 3-10] 1996년 벼멸구 유아등 유살수의 분포(좌측) 및 피해율(우측)



[그림 3- 11] 1997년 벼멸구 유아등 유살수의 분포(좌측) 및 피해율(우측)



[그림 3- 12] 1998년 벼멸구 유아등 유살수의 분포(좌측) 및 피해율(우측)

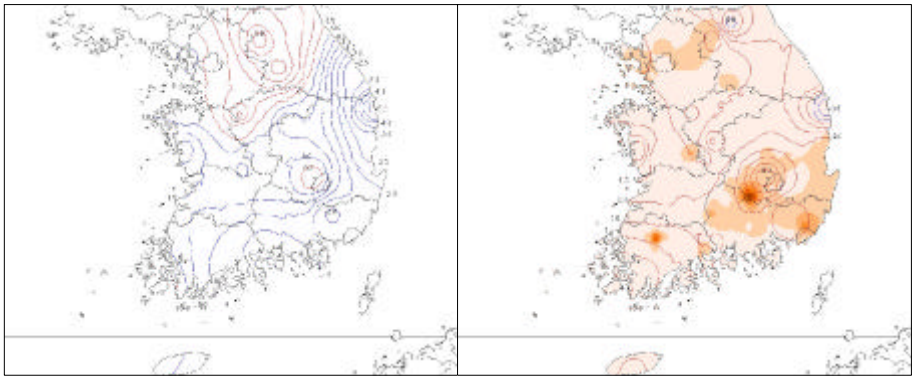


[그림 3- 13] 1999년 벼멸구 유아등 유살수의 분포(좌측) 및 피해율(우측)

다. 장거리 이동성 격발해충(벼멸구)의 피해율의 변동요인

이와 같은 지난 4년간의 유살량 및 후기 발생량의 분석결과를 살펴 볼 때, 비래(장거리 이동)량이 많았으나 후기발생이 적었던 경우(1996년)와 많았던 경우(1997년 및 1998년)로 구분하여 볼 수 있었는데, 이러한 후기 발생량의 년차변이에 영향을 미치는 중요한 요인을 구성한 GIS 모형(2항에서 언급)으로 분석한 결과 초기 비래량과 후기의 고온조건이 가장 큰 영향을 미침을 알 수 있었다.

그 대표적인 예로 2개년도 즉 1996년(저발생)과 1997년(대발생)의 두 해의 경우를 비교할 때, 기온과 피해율의 overlay의 결과인 [그림 3-14]에서 나타난 바와 같이 초기의 비래량은 두 연도 모두 유사하였으나 후기의 발생량(피해율)은 큰 차이를 보였으며, 이는 9월초-중순의 평균 기온과 해당년도의 기온의 차이의 분포(등고선 표시)와 밀접한 관계가 있음을 알 수 있었다. 즉, 9월 초 중순의 기온이 평년보다 낮은 해(1996년)에는 거의 피해를 주지 않았으나, 1997년에는 특히 평년보다 기온이 높았던 고령 등지에서 큰 피해를 주었다.



[그림 3-14] 1996년(좌측)과 1997년(우측)의 벼멸구에 의한 감수율의 분포와 평년 기온에 대한 해당년도의 기온의 차이의 분포(등고선)

결론적으로, 장거리 이동성 격발해충의 후기 피해율에 미치는 영향은 초기의 비래(이동)량과 이동시기, 그리고 기온의 변화를 고려하여 simulation할 수 있었으며, 금후 PeMoS(제5장 및 6장에서 논의)와 연동하여 장거리 이동성 해충의 감시 및 피해예측에 사용될 수 있을 것으로 기대된다.

제4절 요약 및 결론

본 연구는 장거리이동성 해충의 Internet 감시체계(system) 내에서 하나의 구성원소(component)로서 이 GIS 모형을 만들어 넣음으로서 이동성 해충의 지역적 밀도변동을 감시하고 예측할 수 있는 기능을 강화코자 하는 목적으로 수행하였으며, 그 결과는 다음과 같다.

1. 수집, 입력된 digitized data를 이용하여 지역별 병해충의 발생과 이동을 모니터링할 수 있는 대상지역의 base map을 구축하였다.
2. 온도 의존적인 population dynamic model을 근거로 하여 이동성 해충이 비래 한 후 발생경과를 예측하는 모형을 성공적으로 구성하였다.
3. 이와 같이 구성된 GIS model을 이용하여 이동성 격발해충(벼멸구)의 대발생을 분석한 결과, 1996-1998년의 경우 초기 비래량과 후기(9월중)의 온도가 후기의 피해량에 미치는 영향이 컸음을 알 수 있었다.

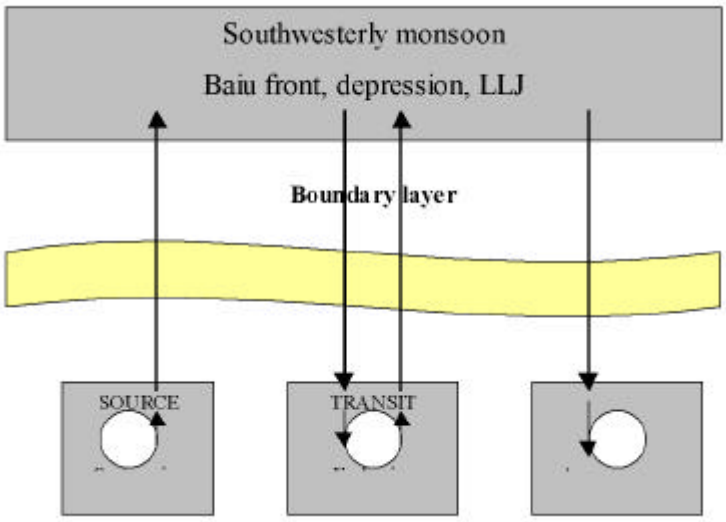
결론적으로 구성된 GIS 모형은 PeMoS 및 Blayer 모형과 연계하여 장거리 이동성 격발해충의 후기 피해율에 미치는 초기의 비래(이동)량과 이동시기, 그리고 기온의 변화를 simulation할 수 있었으며, 금후 장거리 이동성 해충의 감시 및 피해예측에 적절히 사용될 수 있을 것으로 생각된다.

제4장 대기경계층모형을 이용한 장거리 이동성 해충의 이동 및 분산

제1절 서 론

이미 제1장의 서론 등에서 여러 번 언급된 바와 같이 벼멸구, 흰등멸구, 혹명나방 등은 우리 나라에서 월동하지 못하고 중국 남부로부터 비래하여 오는 것으로 알려져 있다. 엄기백(1988), Sogawa(1995) 등 여러 학자들의 연구에 의하면, 이들은 최소한 1000km에 달하는 거리를 바다위로 이동하여 오는데, 이들의 장거리 이동과 6-7월에 형성되는 장마전선(Bei-Yu Front) 간에 밀접한 관계가 있음이 확인된 바 있다.

벼멸구 등 이동성 해충이 성공적으로 이동해 오기 위해서는 [그림 4-1]에 도해된 바와 같이 ① 이동의 근원지에 이동성 장시형 성충이 준비되어 있어야 하고, ② 해충을 실어 나르는 기류가 있어야 하며, ③ 도착지에 해충이 정착할 수 있는 여건, 즉 적당한 생육단계(분얼기)의 벼가 존재하여야 한다.



[그림 4-1] 장거리 이동성 해충류의 이동과 관련된 근원지-도착지의 벼 생태계의 상태와 기류의 역할에 대한 개념도(Sogawa, 1995).

이러한 3가지 중요한 조건 중에서 두 번째인 이동의 매체가 되는 기류는 대기경계층(Boundary Layer: Blayer)의 기류의 흐름이 중요함이 여러번 강조되었다(Sogawa 1995).

이러한 해충의 장거리 이동의 매체가 되는 대기의 흐름을 Watanabe (1990) 등은 대기 상층의 기류의 이동을 역추적하는 back trajectory analysis 방법으로 추적하여 해충 이동상황의 예측에 이용하고 있는데, 이러한 단순한 back trajectory 방법은 곤충이 주로 날으는 층의 기류를 효과적으로 나타내어 주지 못하고, 지표면 부근에 나타나는 상승 및 하강기류를 고려할 수 없는 등의 문제점이 제기되고 있다.

대기경계층모형(Boundary Layer Atmospheric Model: Blayer)은 장거리에 걸쳐 이동하는 해충의 이동수단이 되는 대기의 흐름을 Simulation하는 기상모형중의 하나로서 (Turner 1993), 미국의 옥수수지대로 이동하는 검거세미나방을 예측하기 위해 Iowa 대학에서 처음으로 성공적으로 개발/이용된 바 있다(Turner 등 1998).

따라서, 본 연구 과제에서는 장거리 이동성 곤충을 운반하는 매체(Transport)인 기류, 즉, 비래근원지의 상승기류의 형성조건, 장거리 이동을 유발하는 저층 젯트기류의 흐름, 도착지의 하강기류와 비래하는 해충의 수 등을 예측하는 모형을 Blayer를 주축으로 구성함으로서 이들의 飛上→移動→落下→定着의 Mechanism을 이해하고, GIS Model(제3장), PeMoS(제5장) 등과 연계(integration, 제6장에서 구체적으로 언급됨)하여 Internet 해충감시체계 내에서 해충의 이동시기, 이동량, 이동장소 등을 예측하는데 사용할 수 있게 하였다.

제2절 재료 및 방법

1. Boundary Layer Atmospheric Model (Blayer)

Blayer Model은 대기의 대류권 하부기층 내에서 기류의 흐름을 시뮬레이션 할 수 있는 모형이다. 이 모형은 특히 굴곡이 있는 지표 위를 흐르는 기류를 시뮬레이션 하는데 알맞다. 이 모형은 대기의 특성이 일련의 非彈性 정력학적 수식(anelastic hydrostatic set of equations)에 근거하여 예측되고 있다. 이 방정식들은 비직교 구면상의 좌표에서 기류 흐름으로 표현되며, 구하고자 하는 징후(곤충의 밀도, 바람, 온

도, 습도 등등)의 수직적 분포를 예측하기 위해 대상지역내 최저고도로부터 수직적 구조가 고려될 수 있도록 되어 있다.

징후 예측에 기본이 되는 수식은 다음과 같다.

$$\partial A / \partial t + V \cdot \nabla A = \partial (K \partial A / \partial z) / \partial z + F$$

즉, A는 우리가 관심을 갖고 알고자 하는 징후(온도, 습도, 풍속, 곤충의 밀도 등등)를 나타나며, F는 기압의 경사도(물매) 등 현상을 유발/촉진하는 힘을 의미한다. 보다 구체적으로, 곤충의 이동과 관련하여 공기중의 곤충의 밀도(수)는 다음과 같이 표현될 수 있다.

$$\partial x / \partial t + V \cdot \nabla x = \partial (Kx \partial x / \partial z) / \partial z + S + \nabla \cdot (Kd \nabla x)$$

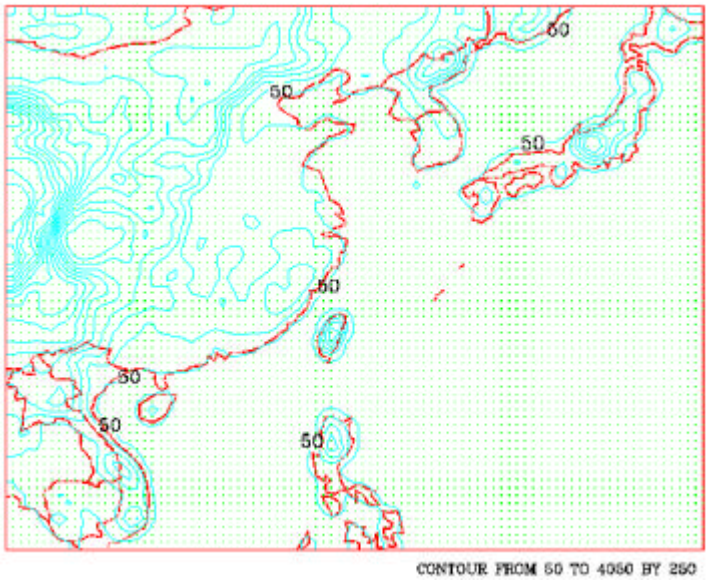
즉, 왼쪽부터 각 term은 지역시간의 변동율, 氣象移流(advection), 수직확산, 대상물의 증가/감소, 그리고 수평적 확산을 나타내고 있다. 이러한 일련의 수식은 한정적 미분법으로 풀 수 있으며, 그 解는 Blayer simulation의 근간이 되었다.

2. Simulation에 사용된 자료 및 조건

Blayer simulation은 다음과 같은 방법으로 해충의 이동을 simulation하였다.

① simulation 간격은 5분, domain내의 grid는 0.5 degree로 하고,
⑤ 그 결과가 GIS(제3장에서 논의)의 입력자료로 할 수 있게 배열하며,
③ domain의 범위는 91x71 격자점으로 동경 100도부터 145도 까지 그리고 북위 10도부터 45도까지로 하고 ([그림 4-2]),
⑦ 수직으로 2200m 까지 24개의 node를 정하고 상부 경계면을 850hpa를 기준으로 정하였으며,
② 이 경계면의 grid data는 미국 환경예측센터(USAs National Center for

Environmental Prediction, NCEP)와 우리 나라의 기상대에서 제공하는 것을 사용하였다.



[그림 4-2] 이동성 해충류(벼멸구) 경로추정을 위한 지표자료 및 Simulation Grid

이동성 해충 특히 벼멸구의 이동을 예측하기 위해 다음과 같은 가정 하에 simulation을 수행하였다.

① 벼멸구는 오전 9시에 비상하여 계속적으로 이동한다. 이 가정은 중국 남경대학의 Cheng 교수(personal information) 등에 의해 이미 증명된 바 있으며, 이 시간대에는 일출 후 지표와 대기의 온도차의 변화로 인해 상승기류가 조성된다.

⑤ 벼멸구의 비상 후 51시간 이내에서는 생존한다. 이 가정 또한 여러 학자들에 의해 이미 증명된 바 있다.

③ 벼멸구는 자력으로 바람의 방향에 반하여 날지 못한다. 이 가정 또한 이미 증명된 바 있다.

⑦ 벼멸구는 장거리 이동시 500m 이상의 고도로 나른다.

3. Simulation의 방법 및 기간

Simulation은 두 번의 series에 걸쳐 수행하였는데, ① 구성초기(1997년 2차년도 연구)에 Blayer 모형의 정확도를 validation 하기 위한 목적으로 미국환경예측센터의 grid data를 이용하여 1987년과 1988년 두 해의 벼멸구 비래의 경우(episode)별로 추출하여 simulation하였으며, ⑤ 본격적인 모형의 가동을 위한 확인 목적으로 기상대에서 제공하는 수치 data를 이용하여 1997년부터 1999년까지 6-7월 두 달간 매일, 총 180회의 simulation을 수행하였다.

첫 번째 series에서는 simulation 된 결과를 NCAR graphic으로 뉴질랜드의 기상연구소에서 분석하였고, 두 번째 series의 simulation의 결과는 상기 graphic software가 값이 너무 비싸서 GIS의 utility로 시각적으로 표시하여 분석하였다. 자세한 사항은 결과 및 고찰에서 논의코자 한다.

제3절 결과 및 고찰

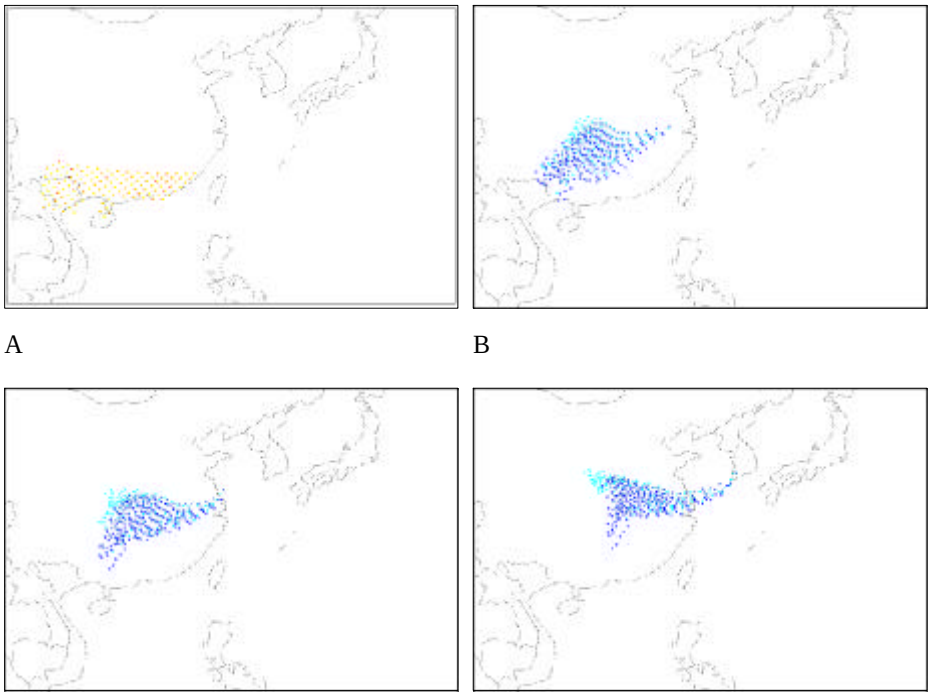
1. 1987-88년 벼멸구의 이동상황을 대상으로 한 model validation

Blayer 모형의 구성 초기에 그 정확도를 validation 하기 위한 목적으로 미국환경예측센터의 grid data를 이용하여 1987년과 1988년 두 해의 벼멸구 비래의 경우(episode)별로 추출하여 simulation하였으며, 그 결과 우리 나라로 이동하여 오는 대표적인 해충인 벼멸구의 1988년 6월초의 비래 경로를 추정하였다.

그 결과, [그림 4-3]에서 보는 바와 같이 초기 비래의 경우 1998년 6월 상순 제주도와 전남 남해안에 비래한 벼멸구의 비래원은 중국 광동성 남동부 지역으로서 약 51시간 후에 도달되는 것으로 나타나고 있다.

한편 이러한 벼멸구 비래 시나리오에서 기류의 방향 및 속도로 본 벼멸구의 구름의 가능한 분포범위와, 기류이동의 역추적(Back Trajectory Analysis)에 의한 이동의 경로를 나타낸 [그림 4-4]를 보면, 우리 나라로 비래하는 벼멸구는 중국의 중요 벼 재배지 전체로 분산되는 개체군과 동일한 유전자 급원을 갖고 있음을 보여주고 있으며, 좀 더 구체적으로는 중국의 광동성 동쪽 해안지대가 직접적인 출발점임을

알아 볼 수 있다.

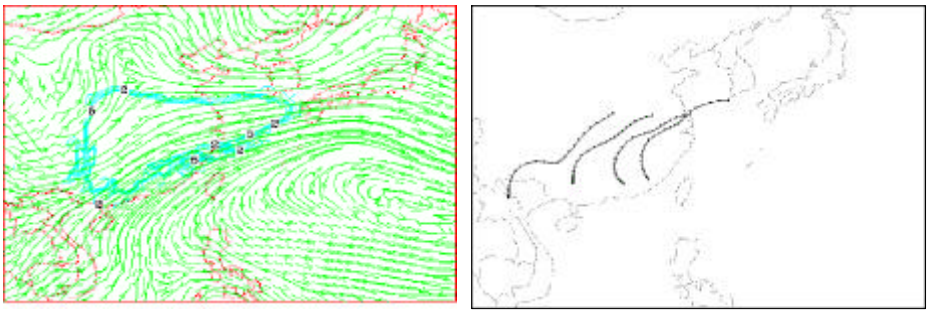


A B

C D

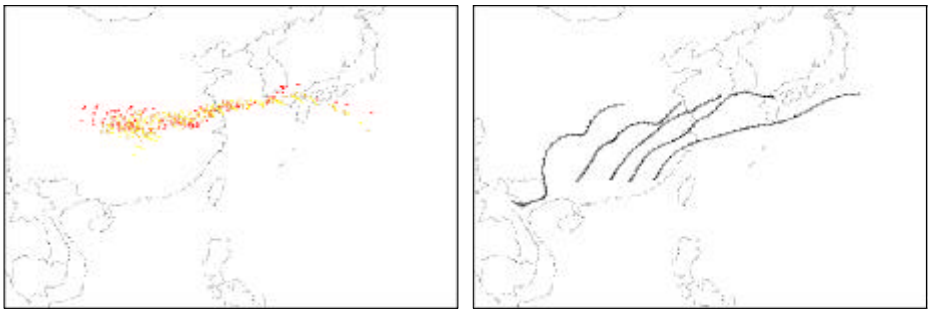
[그림 4-3] Blayer에 의한 1988년 6월초 벼멸구의 조기비래상황의 예측. A: 벼멸구의 월동지역(비래원); B: 6월3일 1차비래 시나리오에서 비상 27시간 후의 벼멸구 구름의 분포; C: 비상 39시간 후의 벼멸구 구름의 분포; D:비상 51시간 후의 벼멸구 구름의 분포(우리나라에 1988년 6월5일경 도착)

벼멸구가 좀 더 많이 비래하는 7월 초 중순의 중기 비래상황을 역시 Blayer 모델로 추적한 [그림 4-5]를 살펴보면, 1987년 7월 3-6일 한국의 남부해안지대에 비래한 벼멸구는 초기비래와는 다소 차이가 있는데, 중국 남부지역을 비래원으로 가상하였을 때 한국에 도달하는 벼멸구는 60시간 정도를 날라야 함으로 그 현실성이 희박하며, 따라서 좀 더 북쪽으로 비래원이 이동된다고 보아야 할 것으로 생각된다.



A B

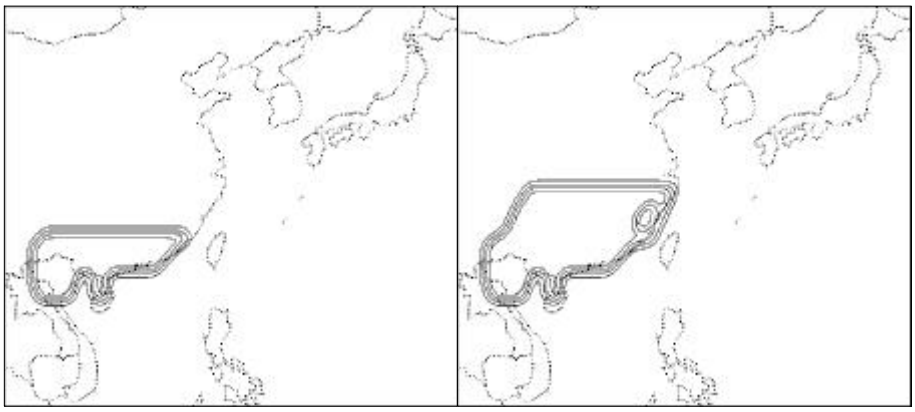
[그림 4-4] Blayer에 의한 1988년 6월초 1차비래 시나리오에서 추정된 벼멸구 분산범위(A) 및 이동경로(B). (1960m AGL at 02 UTC, 6 June 1998)



B D

[그림 4-5] Blayer에 의한 1987년 7월 3일 비산 60시간 후 벼멸구의 분포 (A, 적색: 733mAGL, 갈색: 1350mAGL, 황색: 1960mAGL) 및 7월 2일부터 중국 5개 지역으로부터 back trajectory.

벼멸구의 비래의 근원이 초기(6월초)와 중기(7월초)에 다를 수 있다는 가정하에, 예비 Back Trajectory 추적 결과에 따라 [그림 4-6]에 나타낸 중국 남부지역(OW지역) 및 그 약간 위쪽(A지역)의 두곳을 비래원으로 가정하여 역시 1987년과 1988년 양 연도의 경우를 simulation하였다.

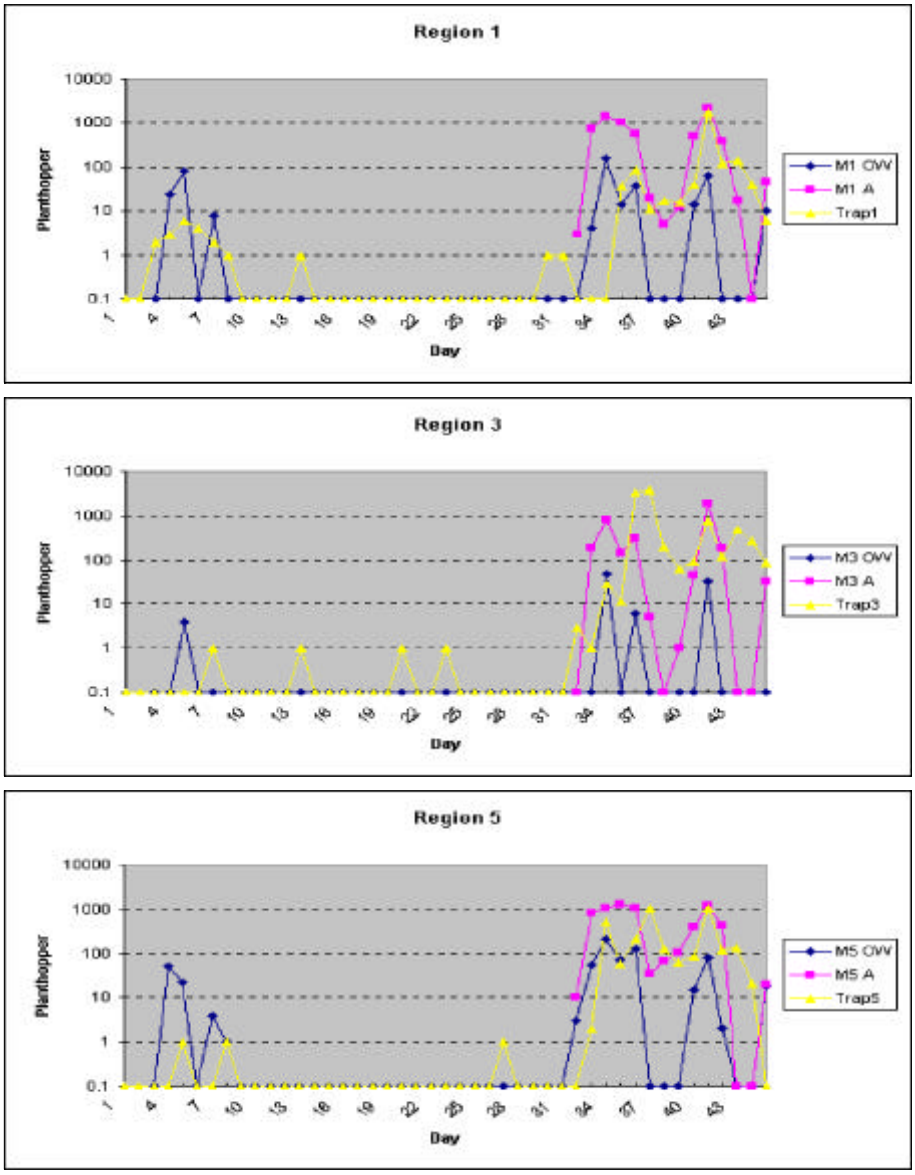


[그림 4-6] 벼멸구 이동경로 추적에 있어서 비래 근원지 설정. 왼쪽: 월동 근원지(OW지역), 오른쪽: 확장 비래 근원지(A지역). 확장근원지는 월동근원지에서 1개월간 확산된 것으로 가정하여 설정.

우리 나라의 벼멸구 Monitoring 지역을 Region-1:서남해안지대, Region-2:서북부지역, Region-3:동남해안지역, Region-4:동북지역, Region-5:제주도 등으로 5개 지역으로 나누었을 때, 1987년도 실재 유아등에 잡힌 곳은 1, 3, 5 등 3개 지역이었으며, 6월초의 초기 비래상황을 보면, 1일-8일 사이에 1, 3, 5지역에서 유살 되었으며, 1지역에서 2마리 이상으로 가장 많았다 ([그림 4-7]).

Blayer에 의해 OW지역을 비래원으로 하여 추정 한 결과도 이 실재 유살 상황과 잘 일치하였으며, 이를 분석할 때 초기에는 벼멸구가 한국의 서남부 해안 정도에 가까스로 도달 될 수 있지 않나 생각된다.

[그림 4-7]은 실재 비래상황과 Simulation 결과를 대비하여 나타낸 것으로, 만일 벼멸구가 60시간 이상 공중에서 생존한다면, Blayer Simulation 에서도 6월 13일에 제주도에 상당수 비래할 수 있었을 것이며, 또한 벼멸구가 공중에서 48시간 이상 버틸 수 있다면, 남부지방에 약간의 개체가 비래하였을 가능성이 있는 것으로 분석되었는데, 13일 부근에는 제주도에는 실제로 유살되지 않았으며 1지역과 3지역에서 각각 1마리씩 유살되었다. 이러한 결과로 볼 때 벼멸구는 장거리 이동 중 약 48시간까지는 생존할 수 있으니 60시간까지는 생존이 어려운 것으로 판단된다.



[그림 4-7] 1987년 6월 1일 이후 남서해안지대의 일별 실측 벼멸구 유살수와 Blayer에 의해 추정된 유살 수의 비교. Region 1: 한국 남서부; Region 3: 한국 남동부; Region 5: 제주도. (노란색: 실재 유아등 비래수, 검은선: 중국남부 OW지역을 비래원으로 가정하였을 때 예상 비래수, 분홍색선: 중국남부 A지역을 비래원으로 가상하였을 때 비래수 추정).

한편 7월초의 벼멸구 비래상황과 Blayer Simulation 결과를 비교해 보면, 실제로 1, 3, 5지역에서 7월 중순까지 상당수의 벼멸구가 유살되었는데, Simulation 결과 OW 지역을 비래원으로 한 경우의 예측치 보다 A지역을 비래원으로 가정한 경우(분홍색선)에서 실측치와 더 잘 일치하였다. 특히, 7월 2일 3지역에 비래한 것은 A지역을 비래원으로 하지 않고는 설명이 되지 않았다. 그 이후 7월 11일 및 13-15일 비래한 벼멸구도 A지역을 비래원으로 하여 Simulation 한 것과 잘 일치하였는데, 전반적으로 볼 때 중기비래의 경우 확장비래원(A지역)을 가정하였을 때 더 정확한 예측이 가능하였으며, OW 지역을 비래원으로 하였을 때 설명되지 않는 경우가 두 번 나타나고있다.

이러한 결과로 볼 때 Blayer 시스템은 해충의 이동 근원에 따른 해충의 도착시간 및 비래수를 지역에 따라 정확하게 예측할 수 있음을 알 수 있다. 이러한 시스템이 확실하게 검정되고 실용화 될 경우 벼멸구 등 돌발해충의 비래상황을 쉽고 빠르게 예측함으로서 미리 대처할 수 있을 것으로 생각된다.

2. Blayer 모델의 주 전산 Workstation 설치 및 활용체계 구축

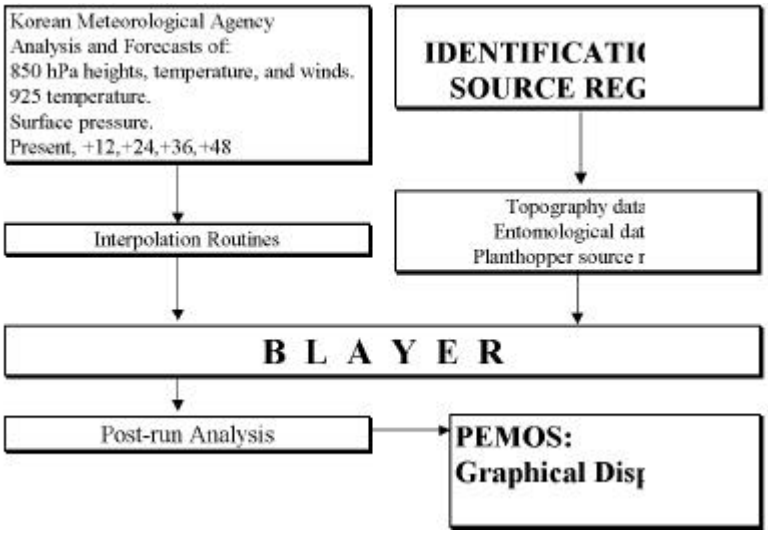
Blayer Model을 개발한 후 1987-88년을 대상으로 미국환경연구센터의 수치 data를 이용하여 validation을 수행한 결과 앞서 언급된 바와 같이 그 정확성과 금후의 이용가능성이 검정되었으므로, 금후 통합된 “Internet Pest Surveillance System"인 PeMoS(제5장에서 설명)에서 운용되기 위하여 주컴퓨터인 ”agribio.gsnu.ac.kr (IP:203.255.3.155)"에 이식하고 컴파일을 진행하였다.

본 연구비의 예산부족으로 Workstation 구매와 함께 구입하지 못한 Compiler (C, C++, PASCAL, FORTRAN77, FORTRAN90 등)를 Public Domain에서 확보하기 위해 많은 노력을 기울였으나 모두 실패하였고, 결국에는 협동연구기관인 농업과학기술원의 별도 예산으로 구매하여 설치하였다.

agribio에서의 Source Code 컴파일은 성공적으로 수행되었으며, Simulation을 수행시켜 본 결과 NIWA 컴퓨터에서 수행한 결과와 비교하여 소수점 6째 자리에서 약간의 차이를 보이는 등 거의 완벽하게 일치하였다.

본 model을 국내에서 활용하기 위해서는 기상 수치 data를 매일 실시간 제공받아

야 하고, 이 수치 data를 입력하여 simulation 된 결과를 보여 줄 수 있도록 하는 자료의 후처리(post run analysis)가 필요하며 이를 PeMoS와 연동시켜야 한다.



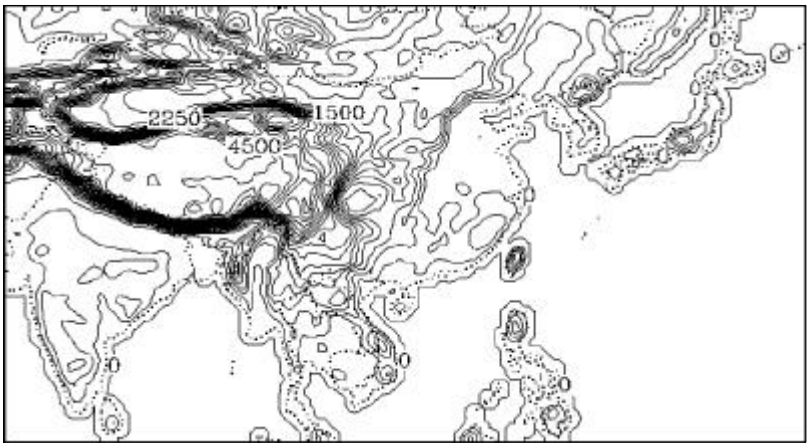
[그림 4-8] Blayer Model의 입출력 자료 및 PeMoS와의 연동체계 개념도.
상세한 사항은 제6장의 integration에서 설명될 것임.

따라서 [그림4-8]에 표시한 개략적인 흐름도에 따라 그 활용체계를 구성하였는데, 즉, 기상청(KMA)으로부터 실시간으로 받은 자료를 Blayer에 사용하기 위해 Interpolation Program을 구성하였으며, 비래의 근원에 관한 정보(제2장에서 설명됨)를 입력받아 분석을 수행하고 그 결과를 PeMoS(제5장에서 설명)에서 보여주기 위한 Post Analysis는 본 연구의 제3장에서 논의된 GIS software인 Arc/Info 및 Arc/View를 활용하는 것으로 시스템을 구성하였다.

그 결과 KMA에서 제공하는 40Km 등거리 Data Grid를 Blayer Domain에 적합한 형태로 변환할 수 있었으나, Simulation할 수 있는 영역이 북위 10도에서 18도로 상승하였고, 경도 또한 동경 145도에서 동경 142도로 이동시킬 수밖에 없는 문제점이 발견되었다. 이러한 문제점은 금후 계속 검토되어야 할 것으로 생각된다.

3. Blayer 모델 Simulation 영역(Domain)의 확장

이동성 해충류가 열대지방인 태국, 월남, 말래이지아, 방글라데쉬, 인도 등지에서도 장거리에 걸쳐 이동하는지에 대해서는 그간 많은 논란이 있었다. 송유한(1995)의 분석에 의하면, 이 지역에서도 년중 반은 동에서 서로 그리고 다른 반은 서에서 동으로 강한 저층 젯트기류가 있는 것으로 확인하였다.



[그림 4-9] 확장 domain영역 및 250m 등고선(추후 적도부근 영역확장 필요)

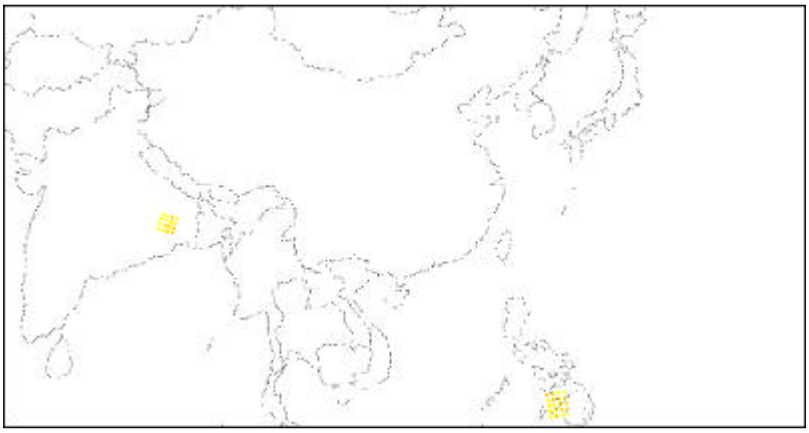
따라서, 우리 나라로 오기 전에 이 지역에서도 Gene Flow를 유발하는 개체군간의 섞임이 있는지를 확인하기 위해서는 Simulation 영역(Domain)의 확장이 필요하다. 이를 위해 [그림 4-9]에 표시된 바와 같이 동쪽으로 필리핀, 서쪽으로는 인도, 남쪽으로는 말레이반도 일부를 포함하는 domain으로 확장하였다. 적도부근까지 domain의 확장은 현재에는 어려운 실정이며, 계속 검토할 예정이다.

이와 같이 확장된 영역 내에서, 인도 동부와 필리핀에서의 1987년 7월 3-4일 가상 벼멸구 구름의 이동상황을 Simulation 한 결과는 [그림 4-10] 및 [그림 4-11]에 나타낸 바와 같다.

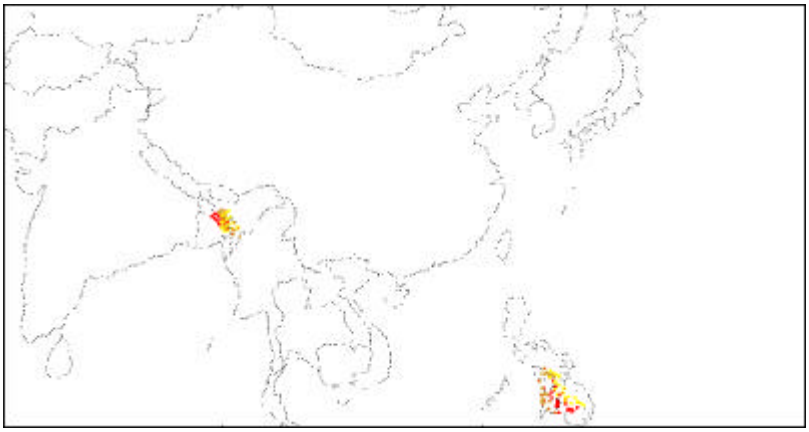
그 결과를 보면, 동인도 지역과 필리핀 중-남부에서 근원한 예상 벼멸구 구름([그림 4-10])은 48시간이 흐른 후에도 각각 부탄 북부와 필리핀 동부 쪽으로 약간 이동하였을 뿐 ([그림 4-11), 같은 시기에 중국 남부-한국에 걸친 장거리 Drifting 현상

은 보이지 않았다. 그러나 동-서 또는 서-동 기류가 강하게 형성되는 시기에 Simulation 한다면, 이들 지역에서도 이동상황을 예측할 수 있는 것으로 생각된다.

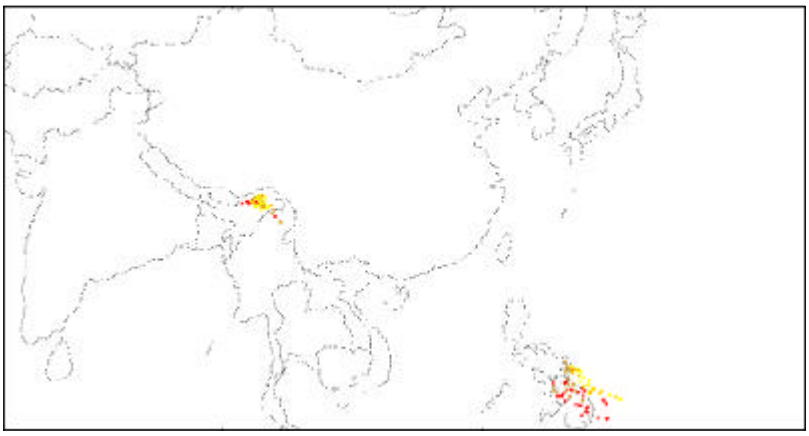
따라서, 이 시스템을 우리 나라에만 국한하지 않고 동남아를 비롯한 아시아의 전 벼 재배지를 대상으로 범용체계로 확장시키는 연구가 필요할 것으로 생각된다.



[그림 4-10] 확장 domain에서의 1987년 7월 2일 벼멸구 구름상황. 적색: 733m AGL, 갈색: 1350m AGL, 황색: 1960m AGL



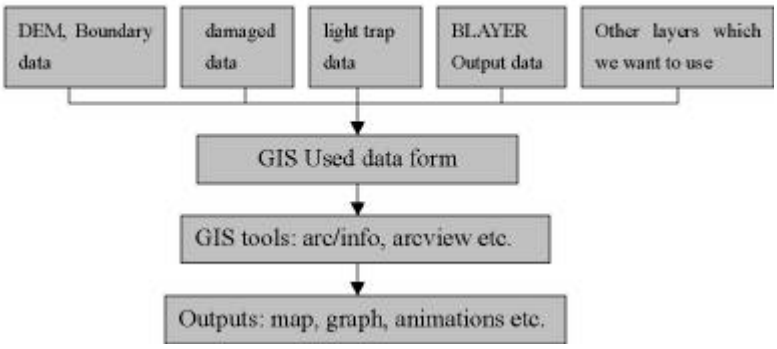
[그림 4-11] 확장 domain에서의 1987년 7월 3일 벼멸구 구름상황. 적색: 733m AGL, 갈색: 1350m AGL, 황색: 1960m AGL.



[그림 4-12] 확장 domain에서의 1987년 7월 4일 벼멸구 구름상황. 적색: 733m AGL, 갈색: 1350m AGL, 황색: 1960m AGL.

4. Blayer에 의한 1997-99년도 장거리 이동성 해충의 비래 예측

개발 된 Blayer Model을 1978-88년 실측자료와 비교하여 validation하였고, 이 model을 국내의 기상청에서 제공하는 수치정보를 이용하여 simulation할 수 있도록 하였으므로, 이제는 이 시스템을 벼멸구 등 장거리이동성 해충의 비래상황을 예측하는데 현실적으로 사용하는 연구를 진행함으로서 그 정확성과 사용상의 문제점 등을 최종적으로 점검코자 하였다.



[그림 4-14] 지리정보처리체계(GIS)와 연계된 Blayer 모형과 그 예측자료의 검정체계 구성도.

이때 사용된 실측자료는 1997년부터 1999년까지의 유아등 유살자료와 매일 기상청의 FTP site로부터 받은 수치정보를 사용하였으며, GIS와 연계하여 Blayer에서 예측된 결과를 실제 장거리 이동성 해충의 유살량과 비교 분석하였다([그림 4-14]).

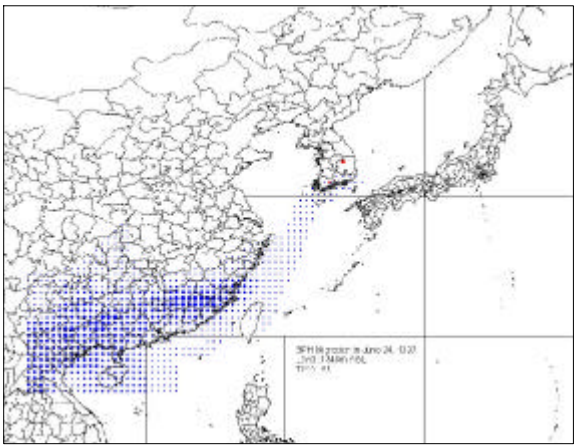
가. 1997-99년의 해충 비래상황의 비래파별 예측

Blayer Model의 이용체계가 완성된 후 1997년부터 1999년까지 최근 3개년의 6월과 7월 두달간 매일 simulation을 실시하고(총 180회, 1회 소요시간 10시간, 총 1800시간의 simulation), 그 결과를 실재 전국 152개 예찰소에서 조사한 장거리 이동성 해충의 유살수와 비교하였다.

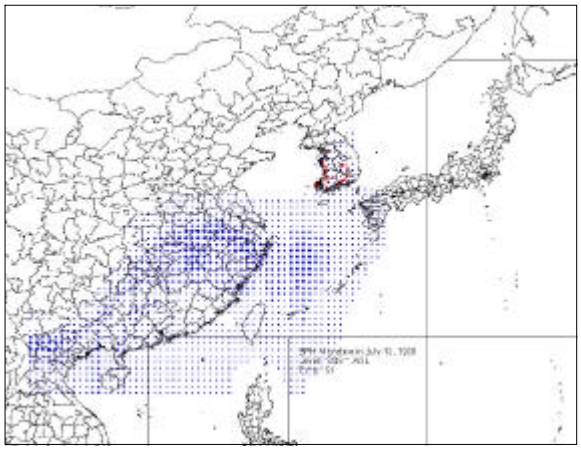
[표 4-1] 1997년과 1998년의 벼멸구 비래파 경우들(episodes)

1997			1998		
Process	Date	BPH light trap number	Process	Date	BPH Light trap number
1	June 20	1	1	June 16	1
2	June 24	6	2	June 22	17
3	July 14	30	3	June 26	45
			4	July 13	70

이러한 180회의 simulation 중에서도 [표 4-1]에서 표시한 바와 같이 1997년과 1998년에 실재 유살수가 분명하게 나타난 7개의 비래파를 중심으로 더 관심있게 추적하였다.



[그림 4-15] 1997년 6월 23일의 벼멸구 구름 분포와 실재 채집상황



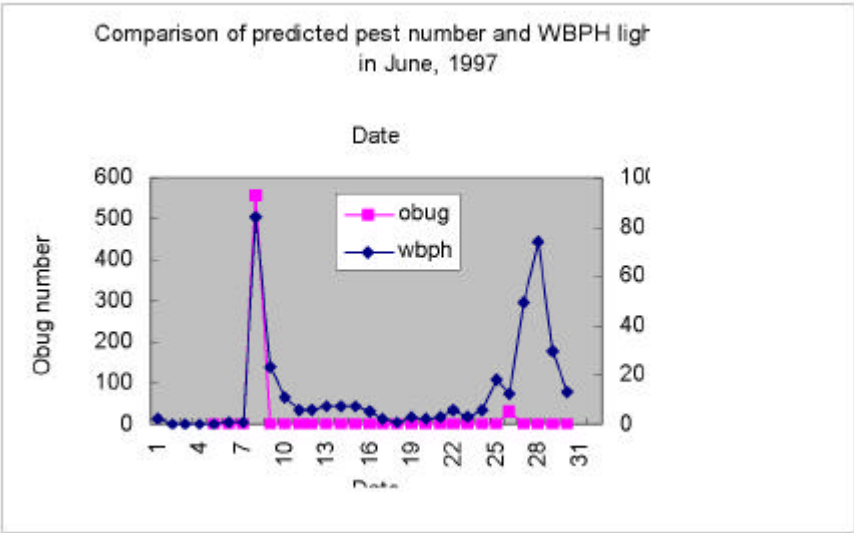
[그림 4-16] 1998년 7월 13일의 벼멸구 구름 분포와 실재 채집상황 (비래개시 48시간 후).

그 결과, 총 7개의 episode중 지면 관계상 일부를 나타낸 1997년 6월 24일의 경우([그림 4-15])와 1998년 7월 13일의 경우([그림 4-16])에서 보는 바와 같이 Blayer Model은 실측된 비래파와 잘 일치하였다. 그림으로 나타내지 않은 비래파의 경우에도 6월 20일 이전에 한 개체가 잡힌 경우를 제외하고는 나머지 4개의 episode 모두 예측치와 실측치가 비교적 잘 맞았다.

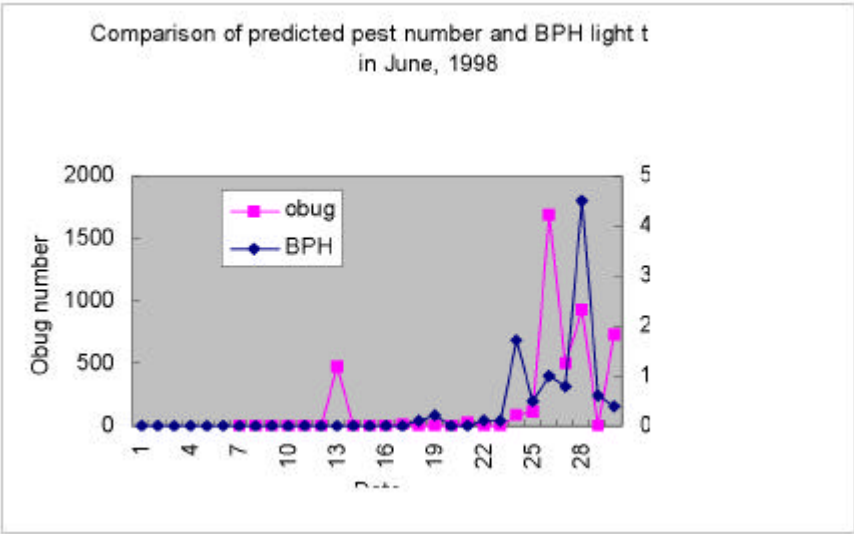
나. 1997-99년의 해충 일별 비래상황의 예측

상기 비래파별 예측상황을 조사한 결과를 볼 때 Blayer의 활용 가능성은 매우 높은 것으로 생각되어 1997년-99년 3개년간 매일매일의 simulation 결과를 일별 비래 해충 유살수와 비교하여 각 연도의 실재 피해상황과 비교해 보았다.

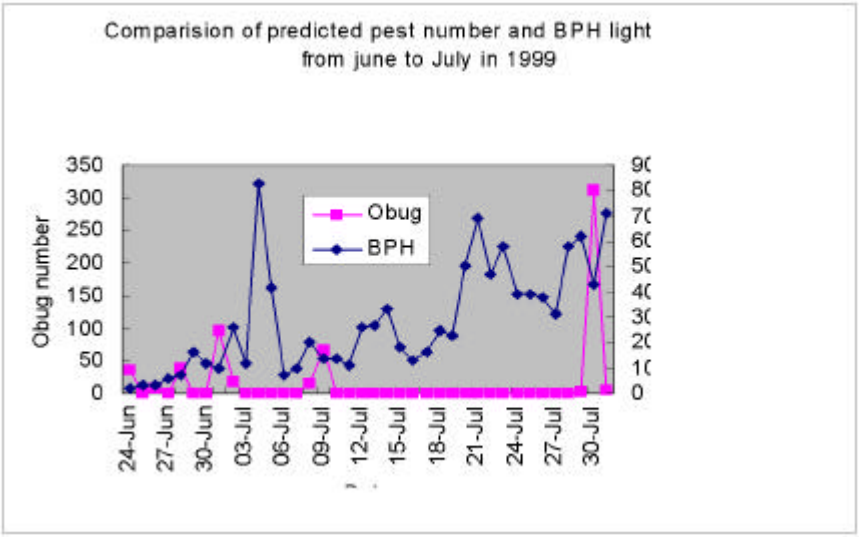
그 결과를 비래가 가장 문제시 되는 6월하순을 중심으로 나타낸 [그림 4-17](1997년도), [그림 4-18](1998년도), [그림 4-19](1999년도)의 경우를 살펴보면, 1997년과 1998년의 경우에는 Blayer Model은 벼멸구와 흰등멸구의 비래파별 비래시기와 량을 비교적 잘 나타내어 주고 있다.



[그림 4-17] 1997년 6월의 벼멸구류 일별 유살량과 Blayer 예측결과



[그림 4-18] 1998년 6월의 벼멸구류 일별 유살량과 Blayer 예측결과



[그림 4-19] 1999년 6월의 벼멸구류 일별 유살량과 Blayer 예측결과

그러나, [그림 4-19]에서 나타난 바와 같이 1999년의 경우에는 Blayer에서는 매우 적은 양의 배래가 예측되었음에도 불구하고 실재의 유살량은 매우 높게 나타나고 있다.

흥미로운 사실은 1997년과 98년에는 벼멸구의 발생과 피해가 극심하였던 반면, 1999년에는 이러한 멸구류의 피해가 거의 나타나지 않았다. 즉 Blayer의 예측에 의하면 1999년에는 비래성 멸구류의 이동량이 적어 후기의 발생량도 적게 나타나는 실재 상황을 잘 반영하였으나, 유아등에 의해 조사된 유살수는 그렇지 못함을 알 수 있었는데, 이러한 현상이 금후로도 계속 나타난다면 많은 노력과 예산이 소요되는 유아등 조사를 Blayer Model로 대치할 수 있을 것으로 생각된다.

제4절 요약 및 결론

본 연구 과제에서는 장거리 이동성 곤충을 운반하는 매체(Transport)인 기류, 즉, 비래근원지의 상승기류의 형성조건, 장거리 이동을 유발하는 저층 젯트기류의 흐

름, 도착지의 하강기류와 비래하는 해충의 수 등을 예측하는 모형을 B ㅣ 묠 ㄱ를 주축으로 구성함으로서, 장거리 이동성 해충의 飛上→移動→落下→定着의 Mechanism을 이해하고, GIS Model, PeMoS 등과 연계하여 Internet 해충감시체계 내에서 해충의 이동시기, 이동량, 이동장소 등을 예측하는데 사용할 수 있게 하기 위하여 수행하였다.

그 결과 우리 나라의 기상청으로부터 제공받을 수 있는 수치 data를 입력자료로 받아, 대기의 Boundary Layer 내부에 있는 기류의 상승 이동 하강을 simulation함으로서 해충류의 장거리 이동을 예측할 수 있는 Blayer Model을 성공적으로 개발하였다.

개발된 Model을 1987-88년 실재 비래 episode를 중심으로 실측 및 예측결과를 비교해 본 결과 잘 일치하였으며, 따라서 이를 토대로 실무적으로 이용할 수 있는 system을 PeMoS 및 GIS와 연계하여 구축하였다.

이러한 system 전체를 평가하기 위하여 1997년부터 1999년까지 3개년간의 수치 data 및 실재 유아등 해충 유살상황을 비교하였는데, 1997년과 1998년의 경우 초-중기 배래상황은 Model의 예측결과와 잘 맞았으며, 초기비래가 많았기 때문에 후기에 해충(멸구류)의 발생량도 많았다. 그러나, 1999년에는 Model 예측치가 실재 유살수보다 현저히 낮았는데, 그 해의 후기발생량 또한 매우 적게 나타나, Model의 예측이 더 신빙성이 높았다.

결론적으로 Blayer Model은 벼멸구 등 장거리이동성 해충의 배래상황을 잘 예측해 주고 있는 것으로 생각되며, 금후 좀 더 연구를 진행하며 보완한다면, 많은 인력과 예산이 소요되고 있는 전국 152개 병해충발생예찰소 유아등 조사를 대체할 수도 있을 것으로 생각된다.

제5장 인터넷 기반 예찰정보 시스템 (PeMoS)

제1절 서 론

폭발적으로 늘어가는 인터넷의 사용자수에 걸맞게 최근 다양한 정보들이 인터넷을 통해 제공되고 있지만, 국내에서는 농업과 직접 관련된 정보 서비스가 많지 않아 과학 영농에 크게 이바지하지 못하고 있다. 그중 우리 나라의 주곡인 벼의 생산에 관련된 것도 마찬가지이다.

현재 벼의 안정 생산에 가장 큰 장해 요인중의 하나는 이동성 벼 병해충의 돌발적인 발생이다. 따라서 이들 병해충이 돌발하는 정확한 시점뿐만 아니라 발생 근원과 이동 경로를 예측하여 상황을 파악할 수 있다면 주곡의 안정 생산에 크게 기여할 수 있다. 그런데 장거리 이동성 해충류는 우리 나라에서 월동하는 것이 아니라 매년 다른 나라에서 이동하여 오기 때문에 현실적으로 국내의 연구만으로는 해결할 수가 없다. (1장 참조)

사실 우리 나라는 세계에서 매우 앞서가는 벼 병해충 발생 예찰 체계를 운영하고 있다. 즉, 경지 면적에 비해 가장 많은 예찰소를 가지고 있으며(해상력 26Km), 통일된 예찰포와 잘 조직된 예찰 자료 수집 체계를 갖고 있다. 특히, 수십 년에 걸쳐 모아진 누적 예찰 조사 자료는 큰 자랑이라고 할 수 있다. 우리 나라와 견줄만한 이러한 예찰 체계는 중국(2000여개의 예찰소)이나 인도에도 있지만, 자료를 수집하는 수준에 그치고 있을 뿐이다.

그런데 앞의 장들에서 본 것과 같이 벼 병해충 발생 자료를 보다 체계적으로 활용하기 위해서는 누적 수집된 이들 자료를 분석하여 적절한 예측 모델을 만들어 내는 것이 중요하다. 이 경우 병해충의 예찰 및 조사 과정에서 모아진 자료를 분석하는데는 여러 가지 독립된 모델들이 사용될 수 있겠으나, 벼 병해충의 발생을 지역적 공간적으로 분석하고 예측하는 데는 지리 정보 처리 체계(GIS)가 가장 합리적이고도 보편적인 수단으로 이용된다. (3장 참조) 따라서 대부분의 경우 이 분야 학자들은 자신들이 개발한 예측 모델을 GIS에 접목하여 사용하고 있다. 또한 우리 나라에서와 같이 외국으로부터 바람을 타고 이동하여 오는 벼 병해충이 많은 곳에서는 그 이동 경로와 도착 후 분포를 예측해야 하는데, 이 경우 대기의 경계층 모

델(Blayer: Boundary Layer Model)이 큰 도움이 된다(4장 참조).

따라서 GIS는 벼멸구 등 초기 밀도가 중요한 해충에서 이미 응용 단계에 와 있으며, Blayer 역시 벼멸구 등 장거리 이동성 해충의 예찰을 위해 본격적으로 사용이 검토중이다.

그런데 이러한 벼 병해충 발생 예측 모델들이 효과적으로 활용되기 위해서는 바람, 습도, 온도 등의 기상 데이터와 벼 병해충 발생 근원지 또는 국내에서의 병해충 발생 정도 및 분포 값을 입력받아 일반 사용자에게 인터넷을 통해 다양한 형태로 서비스할 수 있는 시스템의 지원이 필요하다.

본 연구에서는 인터넷을 이용하여 이동성 병해충 발생 정보를 실시간으로 수집하고 이를 이용하여 새로운 지역에 대한 병해충 발생 및 확산 정도를 조기에 실시간으로 예측하여 다양한 형태로 사용자들에게 제공할 수 있는 병해충 예찰정보 시스템 PeMoS를 개발한 내용을 기술한다. 새로운 병해충 예찰정보 시스템은 인터넷 환경에서 시각적인 그림 형태의 아이콘으로 명령어를 사용함으로써 일반 사용자가 사용하기 매우 편리하며, 사용자의 수준에 따라 접근을 제한함으로써 자료의 보안 및 관리에 일관성을 유지시키고, 기존의 텍스트 형식을 탈피하여 다양한 멀티미디어 정보도 함께 제공한다. 이러한 PeMoS는 여러 개의 부시스템들로 구성되었고, 각 부시스템들에서 처리되는 농업 예찰정보를 통합 데이터베이스로 관리한다.

PeMoS에서는, 시스템이 사용자에게 제공하는 다양한 표준 입력 양식을 통해, 사용자가 현장에서 관측 조사한 병해충 관련 자료를 직접 입력한다. PeMoS는 이를 적절히 분류하고 가공하여 사용자들에게 다시 다양한 병해충 발생 및 예측 정보를 제공하게 되는데, 이는 웹 브라우저의 표준 질의 양식을 통해 이루어 진다. 이때 시스템은 질의에 대해 검색한 병해충 예찰정보를 사용자의 요구에 따라서 (1) 텍스트, (2) 그래프, (3) 지도 형태 등으로 보여준다. 이 외에도 PeMoS는 농업 관련 자료 및 의견을 개방 환경에서 교환할 수 있도록 지원해 준다

제2절 시스템의 설계

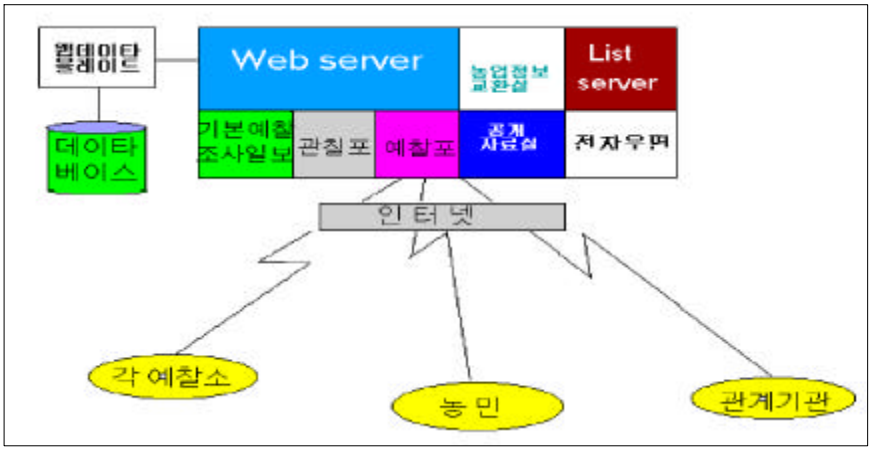
1. 시스템의 구조 및 기능

본 연구에서 개발한 병해충 예찰정보 시스템 즉, PeMoS는 크게 9개의 부시스템들로 구성되어 있으며, 각 부시스템은 상호독립적으로 동작한다. 그리고 시스템에서 처리할 농업 예찰정보는 모두 객체 관계형 DBMS인 Illustra에서 관리/운영한다. 이러한 병해충 예찰정보 시스템의 주 기능은 크게 3가지로 나누어 생각해 볼 수 있다.

첫째는 사용자의 시스템 접근 및 농업 예찰정보 입력 기능으로, 기본 예찰 조사일보, 관찰포 조사, 예찰포 조사, 농업 정보 교환실, 공개 자료실, List-Server, 전자우편 등 각 부시스템의 특징에 따라 수행된다.

둘째는 농업 예찰정보의 처리 기능으로, 병해충 발생 조사 지점에서 관측/조사된 자료를 Illustra DBMS에 DB로 저장하고 사용자의 농업 예찰정보에 대한 질의를 처리하는 것으로 Web 서버, 웹 데이타블레이드 모듈이 여기에 해당한다.

셋째는 농업 예찰정보의 관리 기능으로, 각 예찰소로부터 제공된 농업 예찰정보를 저장하고 관리/운영하는 것으로 이 역시 Illustra DBMS를 이용하여 수행된다.



[그림 5-1] 예찰정보 시스템의 구성도

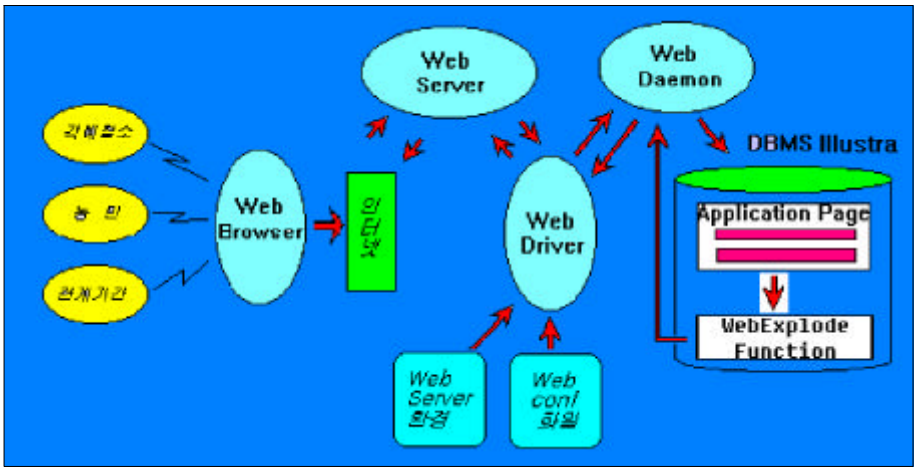
한편, 병해충 예찰정보 시스템은 이외에도 사용자가 농업 예찰정보에 대해 질의할 경우 Illustra DBMS에 저장된 농업 예찰정보를 검색하여 질의에 대한 검색 결과를 그래프 모양, 텍스트 모양 등으로 사용자에게 편리하게 제공하기도 하며, 농업 관련 자료의 상호교환 및 농업 예찰에 대한 개인의 의견교환 등을 쉽게 할 수 있도록 도와주기도 한다.

병해충 예찰정보 시스템의 전반적인 구조는 [그림 5-1]과 같으며, 구성 요소로서는 Web 서버, DBMS, 웹 데이타블레이드 모듈, 기본 예찰 조사 일보, 관찰포 조사, 예찰포 조사, 농업 정보 교환실, 공개 자료실, List-Server, 전자 우편 등 9개의 부분으로 구성되어 있다.

2. 시스템의 동작 원리

개발된 예찰정보 시스템의 동작은 [그림 5-2]의 흐름도와 같이 제어된다. 시스템에서 병해충 예찰정보의 입력은 먼저 시스템이 사용자에게 인터넷을 통하여 표준 입력 양식을 제공하고, 사용자는 이를 통해 관측/조사한 병해충 관련 자료를 입력한다. 또한 사용자는 병해충 발생 및 예측 정보에 대한 질의를 표준 질의 양식을 통해 시스템에게 질의할 수 있으며, 이때 시스템은 사용자의 질의에 따라서 Illustra DBMS에 저장되어 있는 병해충 예찰정보를 검색하여 텍스트, 그래프, 지도 형식 등으로 사용자에게 결과를 보여준다. 이때 농업 예찰정보의 검색에는 웹 데이타블레이드, CGI(Common Gateway Interface), JAVA 기술 등을 이용하였다.

기본 예찰 조사 일보, 관찰포 조사, 예찰포 조사 등 관련 조사 자료 처리 부시스템들은 [그림 5-2]의 흐름도와 같이 인터넷 기반으로 구현하였기 때문에, 사용자는 웹 브라우져를 통하여 이들을 편리하게 사용할 수 있다. 즉, 예찰정보 시스템에서는 [그림 5-2]의 흐름도와 같이 각 모듈이 자신의 기능을 독립적으로 수행하며, 각 예찰소에서 보고하는 병해충 발생 상태 정보 등이 웹페이지를 통해 입력된다. 이렇게 입력된 자료는 웹 서버와 Illustra DBMS간의 인터페이스인 웹 데이타블레이드 모듈에 의해 자동으로 데이터베이스로 구축된다.



[그림 5-2] 예찰정보 시스템의 제어 흐름도

3. 시스템의 특징

개발된 예찰정보 시스템은 다음과 같은 몇 가지 특징을 가지고 있다.

첫째, 다양한 형태의 시스템 보안성을 제공한다. 시스템에 접근하여 농업 예찰정보를 이용하고자 할 경우 시스템 접근자에 대한 ID와 PASSWORD 확인을 통해 접근을 제한한다. 또한 각 부시스템에서도 사용자 인증 과정을 통하여 관리자, 자료 입력자, 자료 검색자 등을 분류하여 접근/열람/수정 등에 대한 사용 권한을 제한함으로써 시스템의 보안성을 유지하였다.

둘째, 표준화를 제공한다. 각 예찰소에서 웹 브라우저로 시스템에 접근하면, 각 부시스템에서는 농업 예찰정보의 입력, 검색, 열람에 대한 표준 양식을 제공하며, 사용자에게 해당 항목에 대한 자료를 직접 입력할 수 있도록 도와준다. 그리고 DBMS의 중앙 통제 기능을 통해 데이타의 기술 양식, 내용, 처리 방식, 문서화 양식 등에 관한 표준화를 범기관적으로 시행할 수 있게 하였다. 또한 시스템에서는 각 예찰소에서 입력되어진 자료들에 대해 적합성 검증을 수행하여 부적합한 자료일 경우 입력을 거부하고 잘못 입력된 자료에 관하여 입력자에게 메시지를 통보함으로써 농업 예찰정보의 정확성도 제공하여 준다.

셋째, 농업 예찰정보의 일관성을 유지한다. 이는 각 예찰소에서 농업 예찰 자료

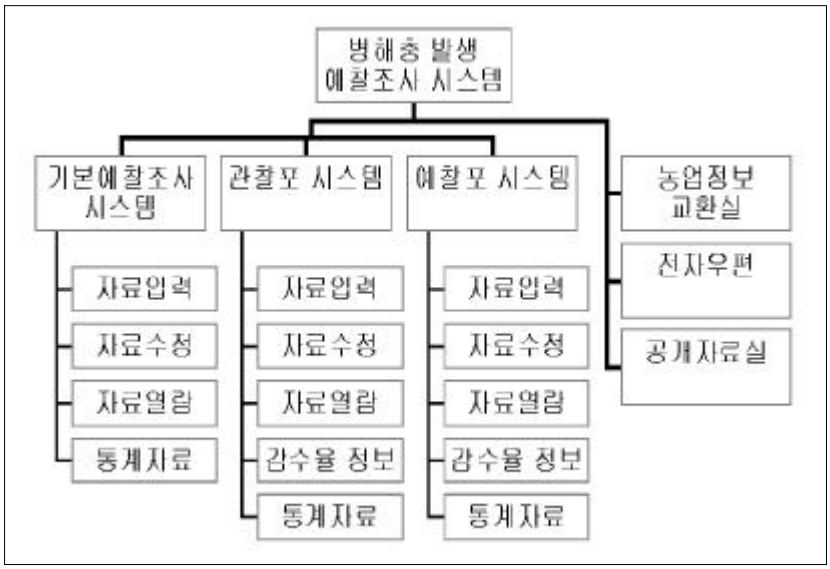
를 입력할 경우, 자신의 농업 예찰 자료만 입력할 수 있으며, 입력자의 오류로 다른 예찰소의 농업 예찰 자료를 입력하고자할 경우에는 “자료 입력의 권한이 없습니다.“ 등의 오류 메세지를 자료 입력자에게 통보함으로써 농업 예찰정보의 일관성을 유지하였다.

넷째, 사용자 편의성이 높다. 시스템은 인터넷 기반 GUI 환경을 제공함으로써 시스템 운영자 및 자료 입력자에게 자료 입력 및 농업 정보 교환의 편리성을 증대시켰다.

다섯째, 다양한 예찰정보 형태를 수용한다. 시스템에서는 병해충 발생 관찰/조사 자료를 데이타베이스화하여 이를 기반으로 사용자의 농업 예찰정보 질의에 대하여 텍스트 혹은 그래픽 형태로 결과를 나타내어 사용자의 농업 예찰정보에 대한 이해의 편의성을 증대하였다.

4. 시스템의 메뉴 체계

예찰정보 시스템을 구성하는 각 부시스템은 기본 예찰 조사 시스템, 관찰포 시스템, 예찰포 시스템, 농업 정보 교환실, 전자 우편, 공개 자료실 등 크게 6개로 구성되어 있으며, 부시스템들 상호간의 계층 구조는 [그림 5-3]과 같다.

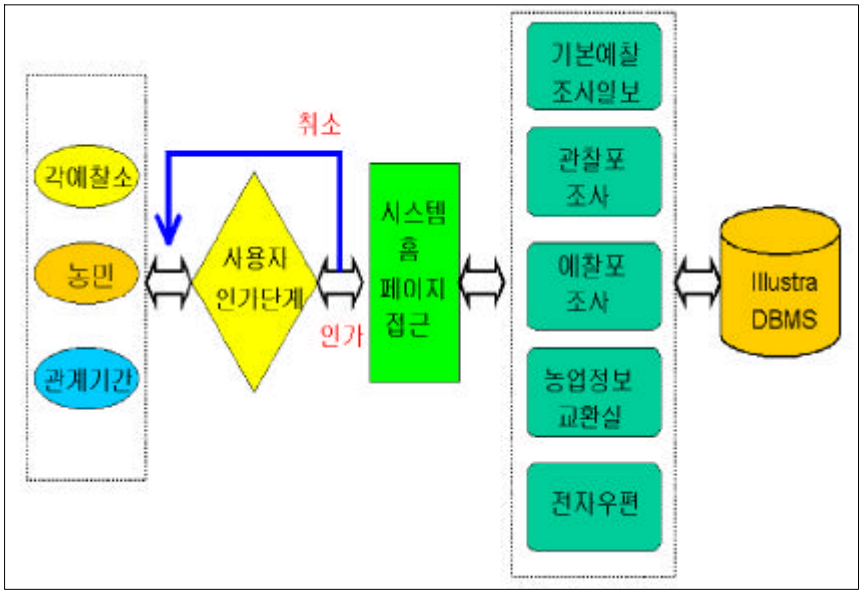


[그림 5-3] 예찰정보 시스템의 계층 구조

각 부시스템은 상호 독립적인 기능을 가지고 있으며, 해당 병해충 예찰정보의 입력, 검색, 수정, 확인, 통계 자료, 감수율 등의 정보 제공 기능을 수행한다. 그러나 이러한 독립된 부시스템들 사이의 상호 이동은 인터넷 환경에서 GUI 기반으로 설계하였기 때문에 다른 부시스템으로의 전환은 매우 편리하다.

5. 시스템의 사용 절차

본 연구에서 개발한 예찰정보 시스템을 사용자가 접근하려면 [그림 5-4]와 같은 절차를 따르게 된다. 따라서 각 부시스템의 사용 권한에 따라 접근 수준이 달라지고, 또한 제공받는 병해충 예찰정보도 달라진다.



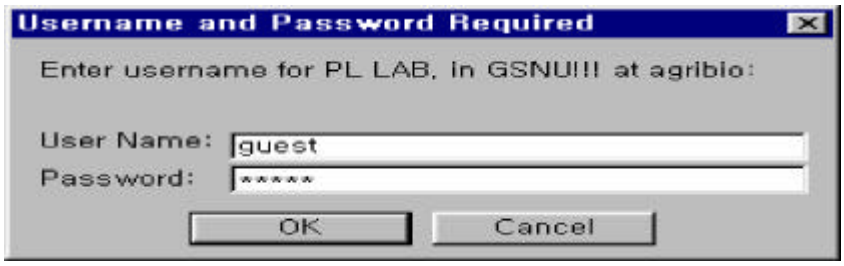
[그림 5-4] 예찰정보 시스템의 접근 절차

제3절 시스템의 구현

앞에서도 언급한 바와 같이 예찰정보 시스템은 인터넷을 기반으로 구현되었으며, GUI 환경을 제공함으로써 사용자의 편의성을 증대시켰다. 이 절에서는 개발된 예찰정보 시스템의 화면 모양을 중심으로 각 부시스템의 특징 및 기능들을 설명한다.

1. 접근 단계

예찰정보 시스템은 사용자에게 다양한 형태의 보안성을 요구한다. 우선 사용자가 시스템에 접근하여 농업 예찰정보를 얻고자 할 경우에는 시스템이 자료 입력자나 검색자의 ID와 PASSWORD를 확인하여 허락되지 않은 사용자가 입력 시스템에 접근하려는 것을 사전에 차단한다. [그림 5-5]는 예찰정보 시스템에 사용자가 접근할 때 제공되는 첫 번째 보안 단계의 그림이다.



[그림 5-5] 예찰정보 시스템의 초기 보안

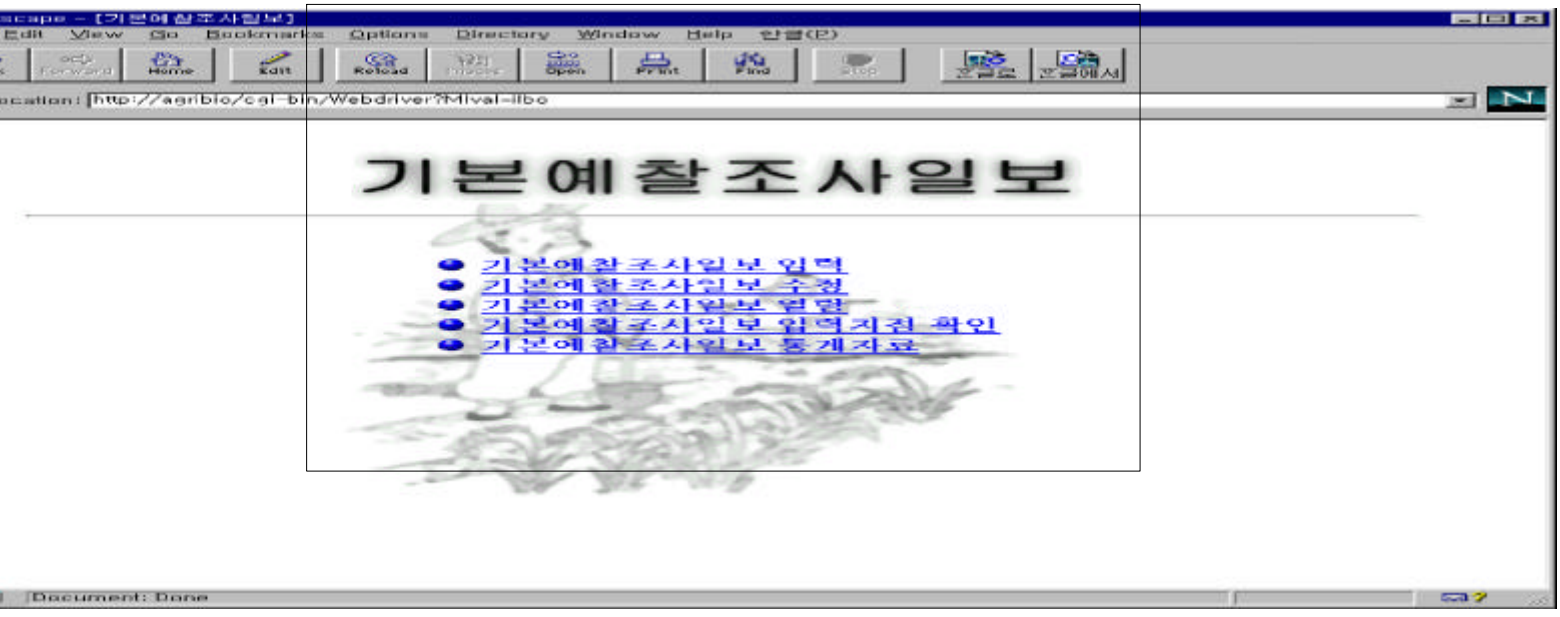
2. 초기화면

[그림 5-6]은 예찰정보 시스템의 초기 화면이다. 이는 사용자가 인터넷에서 웹 브라우저를 통해 처음 만나는 화면이다. 초기 화면에는 예찰정보 시스템의 상징 그림 및 각 부시스템에 대한 아이콘이 배치되어 있다. 각 부시스템에 접근을 하고자 할 경우에는 해당 아이콘을 선택하여 해당 병해충 예찰정보를 이용할 수 있다.

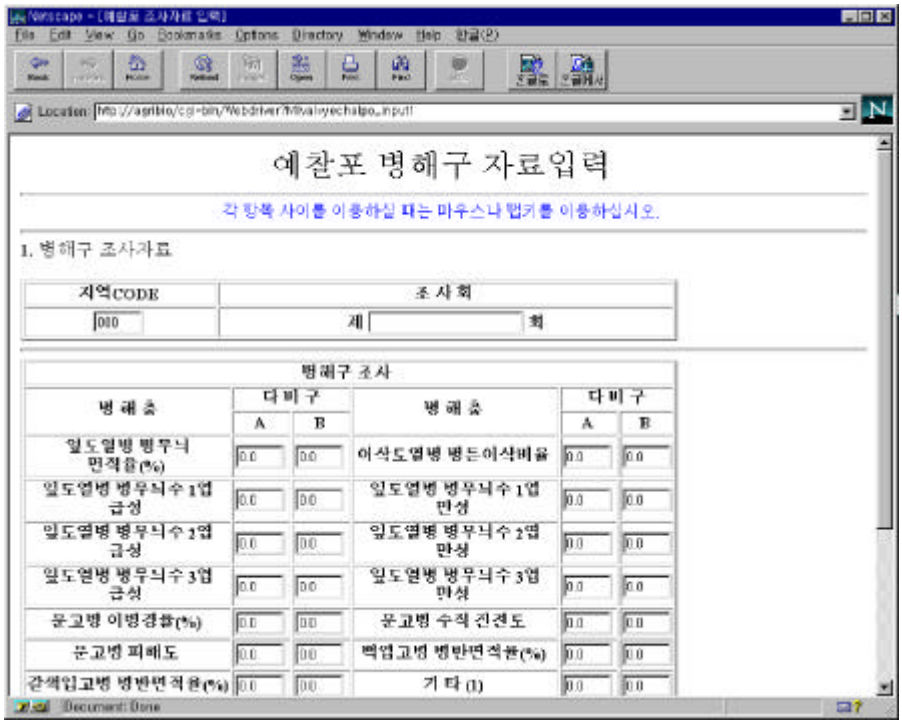
[그림 5-6] 예찰정보 시스템의 초기 화면

3. 기본 예찰 조사 일보 부시스템

기본 예찰 조사 일보 부시스템의 초기 화면은 아래 [그림 5-7]과 같다.

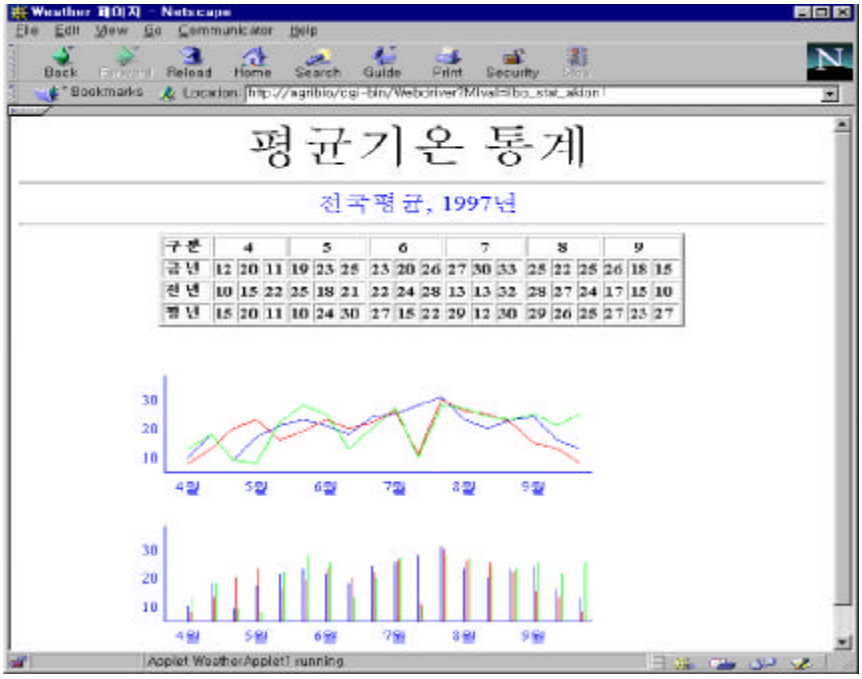


이 기본 예찰 조사 일보 부시스템에 입력되는 자료는 아래 [그림 5-8]과 같이 기온, 습도, 풍속 등의 기상 개황과 포충망 및 유아등에서 채집한 해충의 수로서, 이는 매일 입력된다. 그리고 5일에 한 번씩 도열병 조사 자료가 추가로 입력된다. 입력되어진 자료는 입력 날짜와 예찰소 코드를 기본키로하여 매일 입력되어지는 자료와 5일마다 입력되어지는 자료를 구분하여 2개의 테이블에 저장된다. 자료 입력자는 주어진 표준 양식을 통하여 자료를 입력한 후 입력 양식의 마지막에 있는 "확인" 버튼을 선택하면 입력이 완료된다. 이때 예찰정보 시스템에서는 자료 입력자로부터 입력되어진 자료를 점검하여 입력 자료중 잘못된 데이타가 있을 경우, 즉시 자료 입력자에게 잘못 입력된 데이타가 있다는 오류 메세지를 알려주고 수정을 요구한다. 이러한 과정을 반드시 수행함으로써 항상 자료의 정확성을 유지할 수 있다. 기본 예찰 조사 일보 부시스템에서의 자료 입력은 [그림 5-8]과 같이 시스템에서 표준 입력 양식을 통해 이루어진다.



[그림 5-8] 기본 예찰 조사 일보 부시스템의 입력 페이지

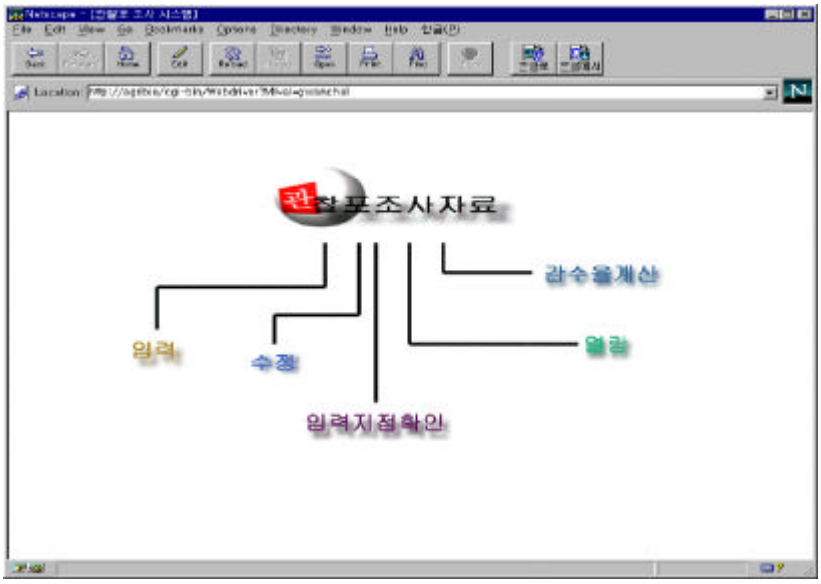
기본 예찰 조사 일보 부시스템에서는 병해충 예찰정보에 대하여 2가지 형태의 정보를 제공하여 준다. 출력되는 내용은 기상, 해충, 도열병 조사 자료의 일별, 반순별, 순별, 월별 변화이며, 전년 및 평년 평균 등과 비교하여 텍스트, 그래프 형태로 보여준다. 첫 번째로 텍스트 형태의 출력은 지역별, 기간별 병해충 통계 자료를 수치로서 표현하여 보여주고, 두 번째는 그래프 형태의 출력으로 X축은 기간, Y축은 기간별 평균으로 하고, 전년, 평년 평균과 현재의 자료를 각각 다른 색의 꺾은선 그래프나 막대 그래프로 구분하여 보여준다. 또한 지도 형태의 출력으로 병해충의 지역별 분포를 발생 정도에 따라서 색깔로 구분하여 보여주는 기능도 가지고 있다. [그림 5-9]는 기본 예찰 조사 일보 부시스템에서 농업 예찰정보에 대한 텍스트, 그래프 형태의 출력을 보여주는 예이다.



[그림 5-9] 기본 예찰 조사 일보 부시스템의 농업 예찰정보 출력 형태

4. 관찰포 조사 부시스템

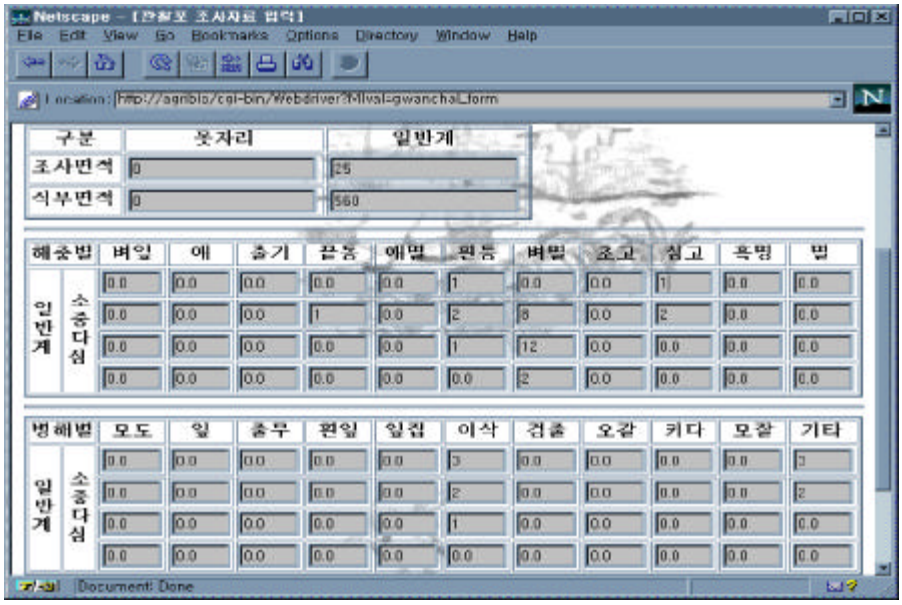
관찰포 조사 부시스템의 초기 화면은 아래의 [그림 5-10]과 같다.



[그림 5-10] 관찰포 조사 부시스템의 초기 화면

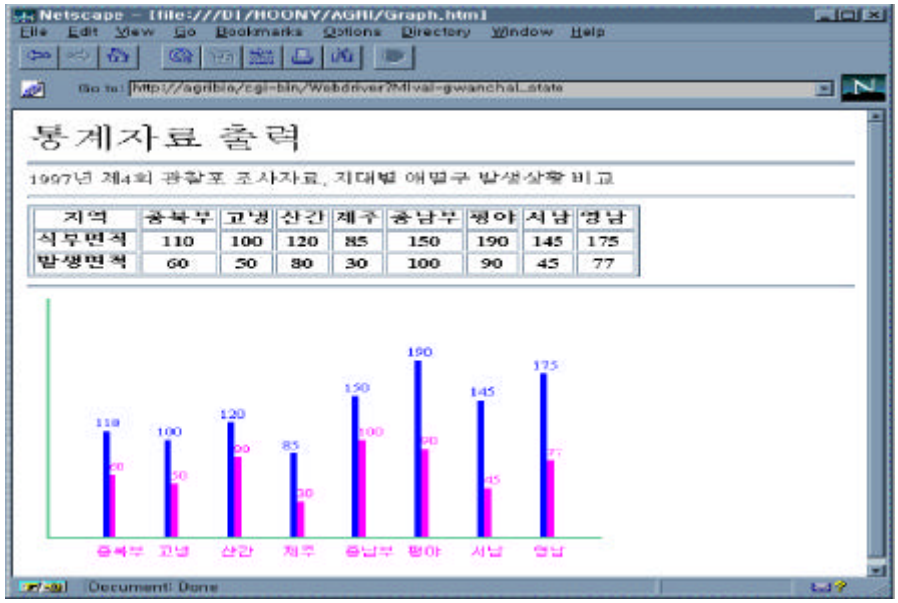
[그림 5-10]에서 “입력”을 선택하면 [그림 5-11]과 같이 관찰포 조사 부시스템의 표준 입력 양식을 제공받는다. 이때 관찰포 조사 부시스템은 [그림 5-11]과 같이 각 예찰소로부터 소, 중, 다, 심의 네 단계로 구분된 해충 피해도와 병해 피해도 조사 자료를 입력받는다. 입력된 자료는 조사 회수와 예찰소 코드를 기본키로 하여 하나의 테이블에 저장된다. 출력자료의 내용으로는 시도별 감수율, 지역별 감수율, 지대별 감수율 및 모작별 감수율이다. 자료 입력자는 주어진 표준 양식을 통하여 자료를 입력한 후 입력 양식의 마지막에 있는 “확인” 버튼을 선택하면 입력이 완료된다. 이때 예찰정보 시스템에서는 자료 입력자로부터 입력되어진 자료를 점검하여 입력 자료중 잘못된 데이타가 있을 경우, 즉시 자료 입력자에게 잘못 입력된 데이타가 있다는 오류 메세지를 알려주고 수정을 요구한다. 이러한 과정을 반드시 수행

함으로써 항상 자료의 정확성을 유지할 수 있다. 관찰포 조사 일보 부시스템의 자료 입력 표준 양식은 [그림 5-11]과 같다.



[그림 5-11] 관찰포 조사 부시스템의 입력 페이지

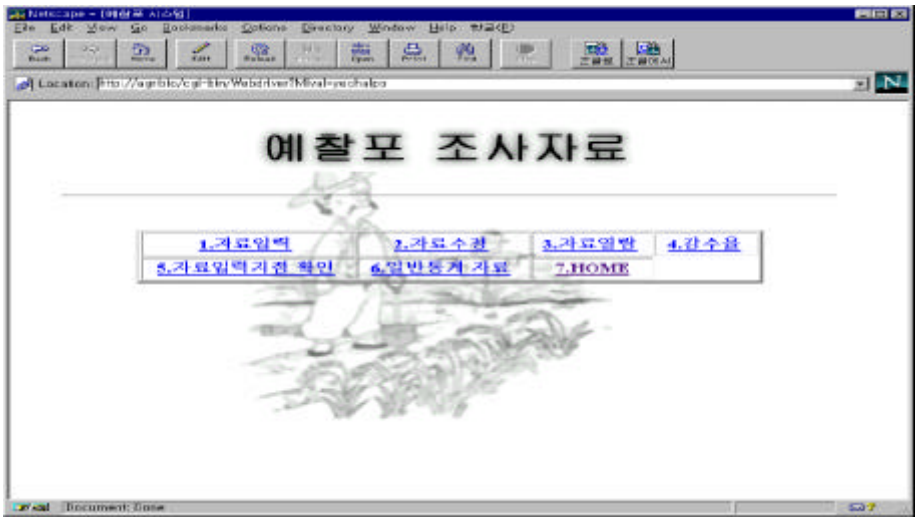
관찰포 조사 부시스템은 감수율 계산에 대하여 두 가지 형태의 정보를 사용자에게 제공하여 주며, 감수율 계산 자료를 텍스트, 그래프, 지도 형태로 출력한다. 텍스트 형태의 출력은 수치로서 감수율 계산 자료를 표시하고, 그래프 형태의 출력에서 X축은 기간을 나타내며, Y축은 피해 정도나 감수율을 나타내고, 전년, 평년 자료와 현재의 자료를 각각 다른 색의 꺾은선 그래프나 막대 그래프로 전체의 내용을 쉽게 파악할 수 있는 형태로 출력된다. 그리고 지도 형태의 출력은 지역별 감수율 사항을 지도 상에서 단계적으로 각각 다른 색으로 표시함으로써 전국의 상황을 한눈에 파악할 수 있게 한다. 다음의 [그림 5-12]는 관찰포 조사의 농업 예찰정보 출력의 그림이다.



[그림 5-12] 관찰포 조사 부시스템의 감수율 정보 출력 형태

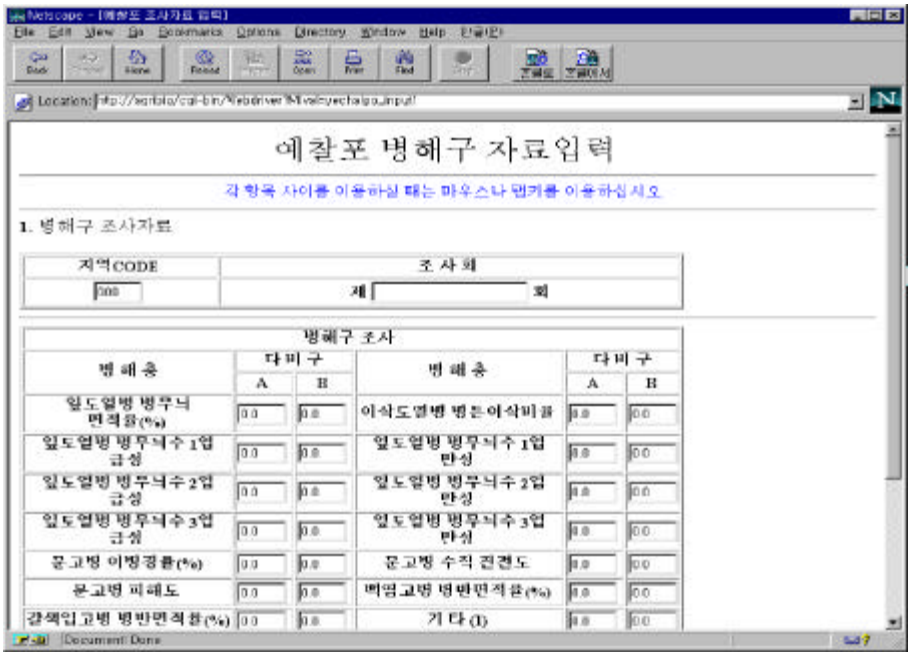
5. 예찰포 조사 부시스템

예찰포 조사 부시스템의 초기 화면은 아래의 [그림 5-13]과 같다.



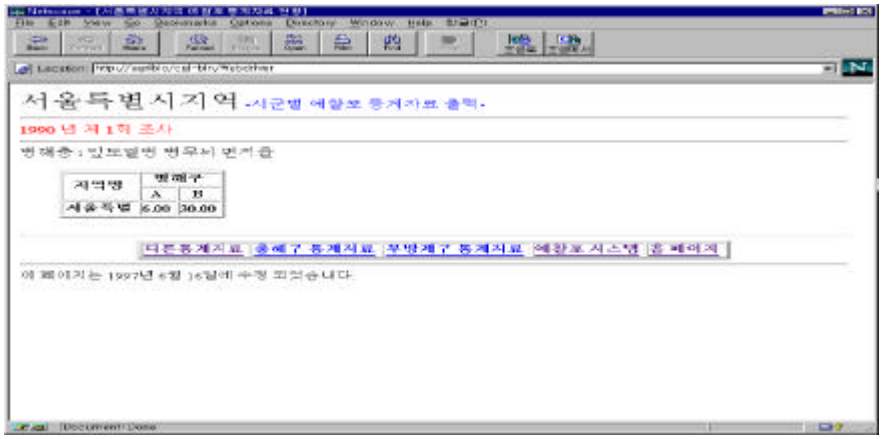
[그림 5-13] 예찰포 조사 부시스템의 초기 화면

예찰포 조사 부시스템은 병해구, 충해구, 무방제구에 대한 각각의 병해충 발생 상황 조사 자료를 입력받는다. 입력된 자료는 조사 회수와 예찰소 코드를 기본키로 하여 하나의 테이블에 저장된다. 자료 입력자는 주어진 표준 양식을 통하여 자료를 입력한 후 입력 양식의 마지막에 있는 “확인” 버튼을 선택하면 입력이 완료된다. 이때 예찰정보 시스템에서는 자료 입력자로부터 입력되어진 자료를 점검하여 입력 자료중 잘못된 데이타가 있을 경우, 즉시 자료 입력자에게 잘못 입력된 데이타가 있다는 오류 메세지를 알려주고 수정을 요구한다. 이러한 과정을 반드시 수행함으로써 항상 자료의 정확성을 유지할 수 있다. 예찰포 조사 일보 부시스템의 자료 입력 표준 양식은 [그림 5-14]와 같다.



[그림 5-14] 예찰포 조사 부시스템의 입력 페이지

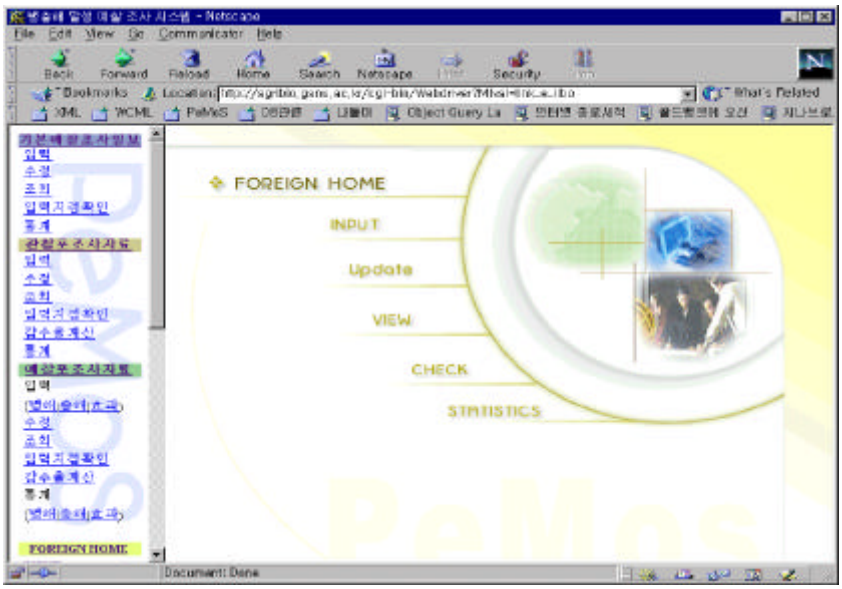
예찰포 조사 부시스템에서는 농업 예찰정보에 대하여 텍스트 형태로 출력한다. 텍스트 형태의 출력은 수치로서 농업 예찰정보를 표시한다. [그림 5-15]는 예찰포 조사 부시스템에서 제공하는 텍스트 형태의 농업 예찰정보에 대한 그림이다



[그림 5-15] 예찰포 조사 부시스템의 통계 출력 형태

6. 외국인용 부시스템

효과적인 병해충 방제를 위해서는 발생 예찰정보를 국제간에 상호 교환해야만 한다. 본 연구에서는 국제간에 병해충 발생 예찰정보를 용이하게 교류하기 위해 외국인용 부시스템을 개발하였다. 현재 본 연구에서 개발된 외국인용 부시스템의 기본적인 모양은 [그림 5-16]과 같다.



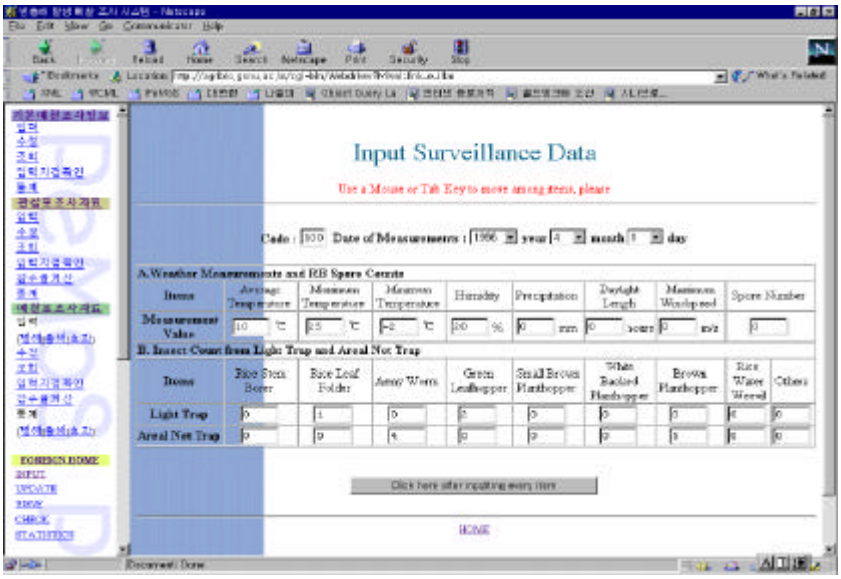
[그림 5-16] 외국인용 부시스템 홈페이지

가. 외국인용 부시스템의 홈페이지

외국인을 위한 병해충 자료 교환 홈페이지이다. 아직 외국인의 대상이 명확하게 결정되지 않아서 국내 홈페이지의 기본 예찰 조사 일보를 영어로 번역하여 설계하고 구현하였다.

나. 입력 페이지

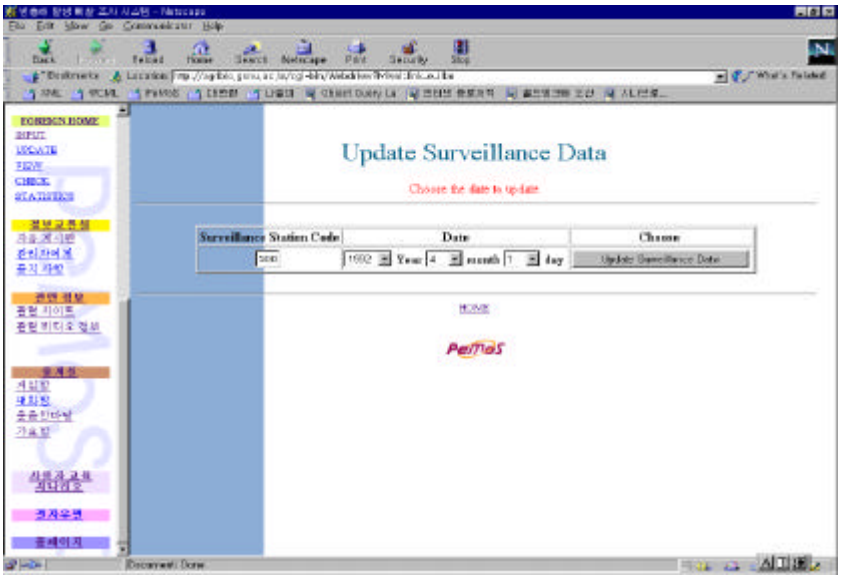
자료 입력 페이지이다. 이 시스템을 사용하고자 하는 국가의 코드 번호에 대해 알지 못하므로 현재는 코드 번호를 직접 입력하도록 하고 있다. 코드 번호와 조사 월일은 반드시 입력하여야 하고 해당 자료에 따라 입력 값을 넣은 후 표 아래의 긴 버튼('Click here after inputting every item')을 마우스로 선택하면 데이터베이스에 내용이 저장된다.



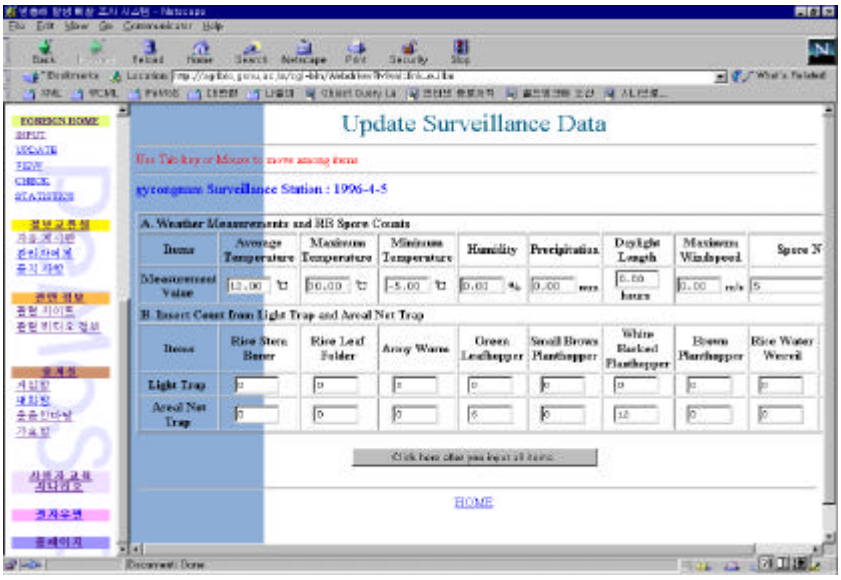
[그림 5-17] 외국인용 입력 페이지

다. 수정 페이지

입력 과정에서 잘못된 데이터를 저장한 경우에는 수정 페이지를 통해 변경할 수 있다. [그림 5-18]은 수정하고자 하는 조사 자료에 해당하는 예찰소 코드와 조사 월일을 묻는 화면이다.



[그림 5- 18] 외국인용 수정 페이지(질문)



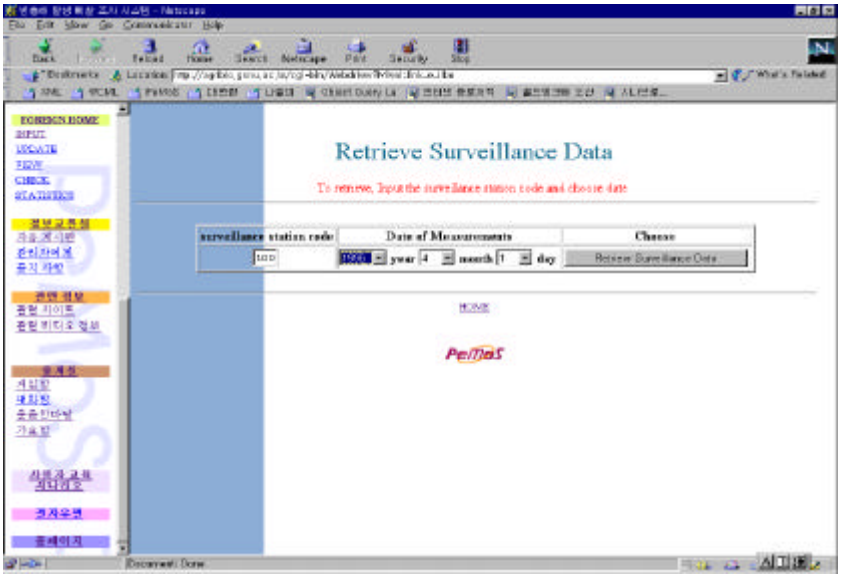
[그림 5- 20] 외국인용 수정 페이지(자료 입력)

예찰소 코드를 입력하고 조사 월일을 선택하여 오른쪽의 버튼을 누르면 데이터 베이스에 들어 있는 자료를 불러오므로 [그림 5- 20]과 같이 올바르게 수정하여 새

로운 값을 저장할 수 있다.

라. 조회 페이지

입력된 자료를 조회하는 페이지이다. 예찰소 코드를 입력하고 조사 월일을 선택한 후 오른쪽 버튼을 누르면 해당 자료를 검색할 수 있다. 이 페이지는 수정 페이지와 사용법이 유사하나, 수정 페이지에서는 데이터베이스에 자료가 있는지를 검사하고 수정 가능하게 해주는데 반해 조회 페이지에서는 단순히 있는 자료에 대한 출력만 한다.

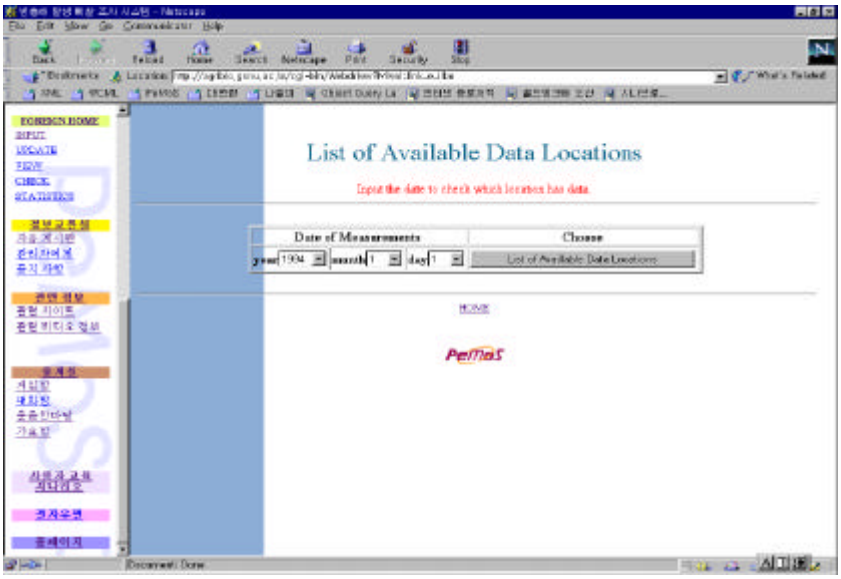


[그림 5-21] 외국인용 조회 페이지

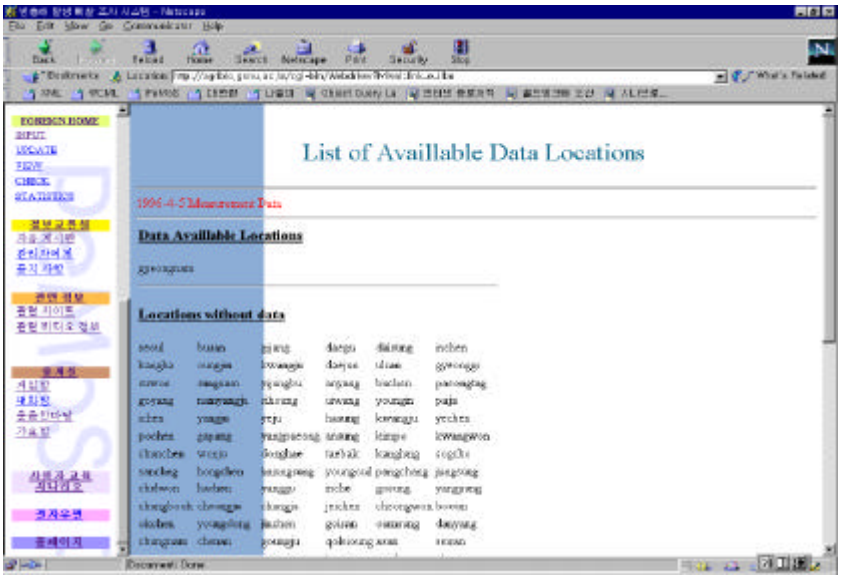
마. 입력 지점 확인 페이지

입력 지점 확인 페이지는 조사 월일만 입력하고 오른쪽에 위치한 버튼을 누른다([그림 5-22] 참조).

선택한 날짜에 대해 자료를 입력한 예찰소와 입력하지 않은 예찰소로 구분하여 [그림 5-23]과 같이 보여준다. 국내 홈페이지의 경우 관리자나 도원 사용자만 볼 수 있는 페이지로서 관리 목적으로도 사용가능하다.



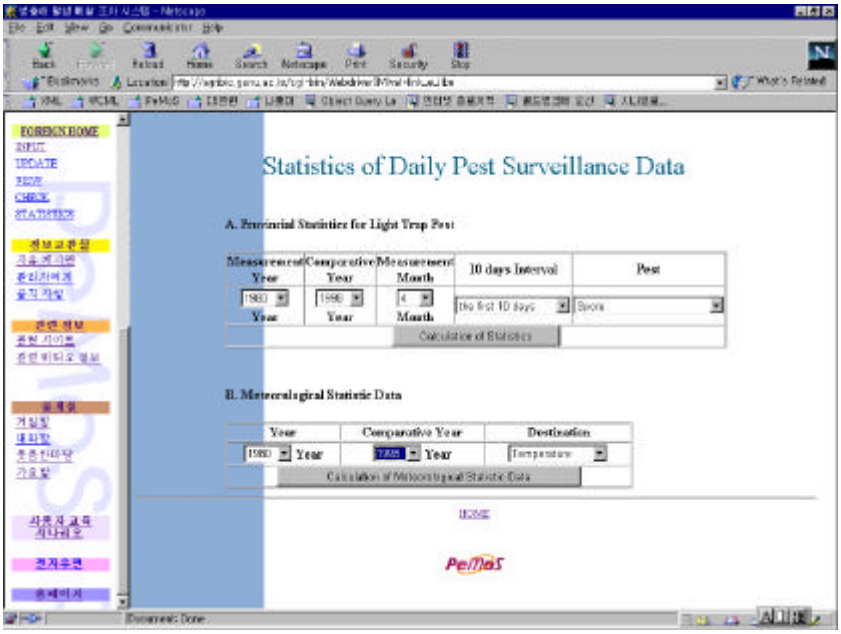
[그림 5- 22] 외국인용 입력 지점 확인 페이지 (질문)



[그림 5- 23] 외국인용 입력 지점 확인 페이지 (결과)

바. 통계 페이지

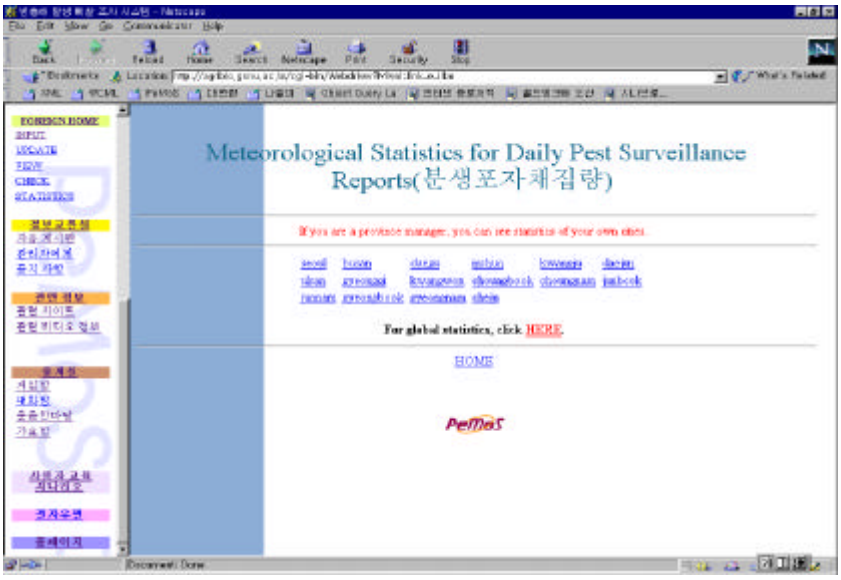
통계 페이지는 기상 자료 통계와 유아등 해충 발생 통계를 각각 보여준다. 기상 자료는 누구나 접근하여 볼 수 있지만, 유아등 해충 발생 상황 자료의 열람은 사용자의 등급별로 차이가 있다. [그림 5-24]은 통계 페이지의 첫 화면이다.



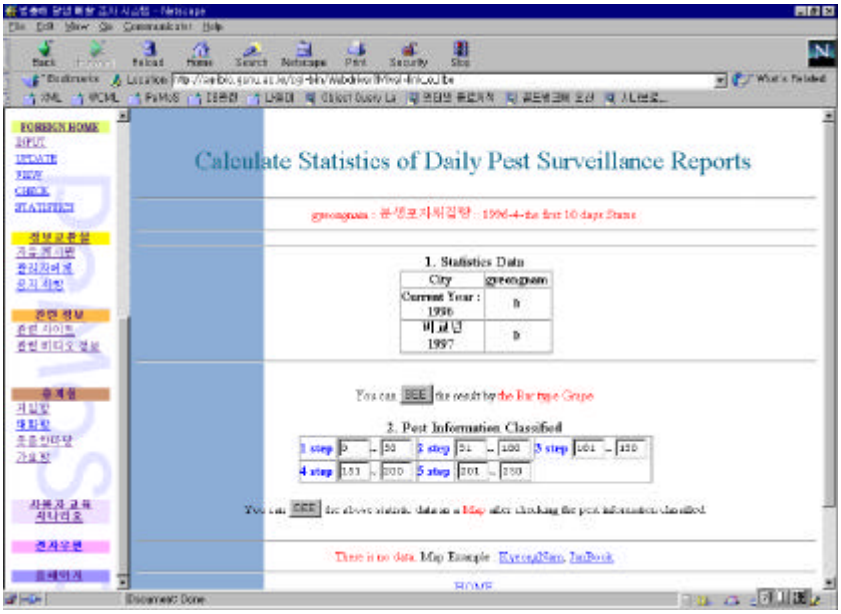
[그림 5-24] 외국인용 통계 페이지 (첫 화면)

화면 상단의 "A. Provincial Statistics for Light Trap Pest"는 해충의 발생 상황을 막대 그래프나 지도로 볼 수 있게 한다. 그리고 비교 년도와 대조해 볼 수 있게 해주는 통계 자료를 출력해 주는데 [그림 5-25]는 버튼을 눌렀을 때의 첫 화면이다.

이중 어느 한 지역을 선택하게 되면 다시 [그림 5-26]이 화면에 나타나고 여기서는 자료 통계를 막대 그래프로 볼 것인지 지도의 형태로 볼 것인지를 선택할 수 있다.

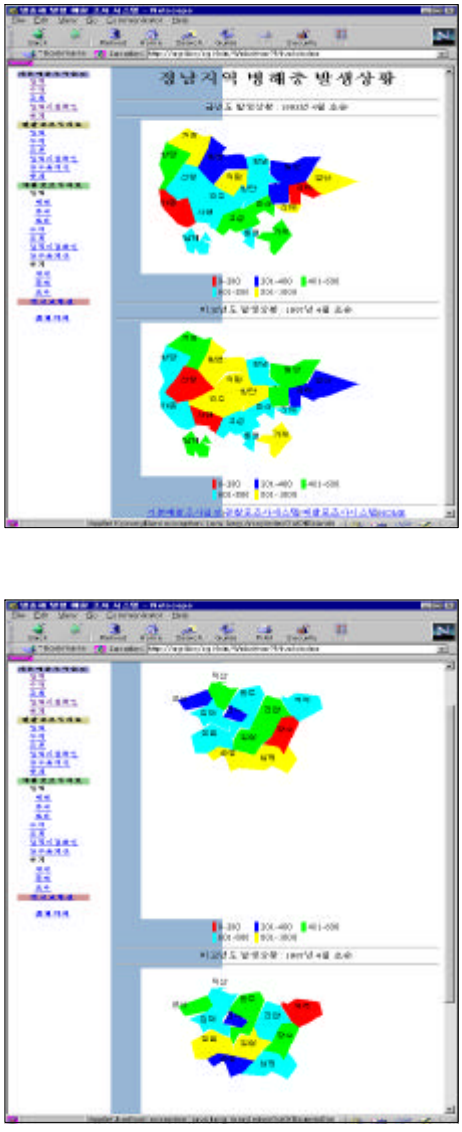


[그림 5- 25] **외국인용 통계 페이지** (출력)



[그림 5- 26] **외국인용 통계 페이지** (선택)

이 그림에서 보이는 두 개의 버튼('SEE') 중 위의 것은 막대 그래프로 결과를 보여주고, 아래 버튼을 선택하면 해충의 분포 지역과 발생량의 심각성에 대해 다양한 색상의 지도로 나타난다. 아직은 자료가 많지 않고 이 시스템을 사용할 나라가 정해지지 않았으므로 본보기로서 국내 자료를 보여준다. [그림 5-27]에서 좌측은 경남의 자료이고 우측의 지도는 전북의 자료에 대한 통계이다.

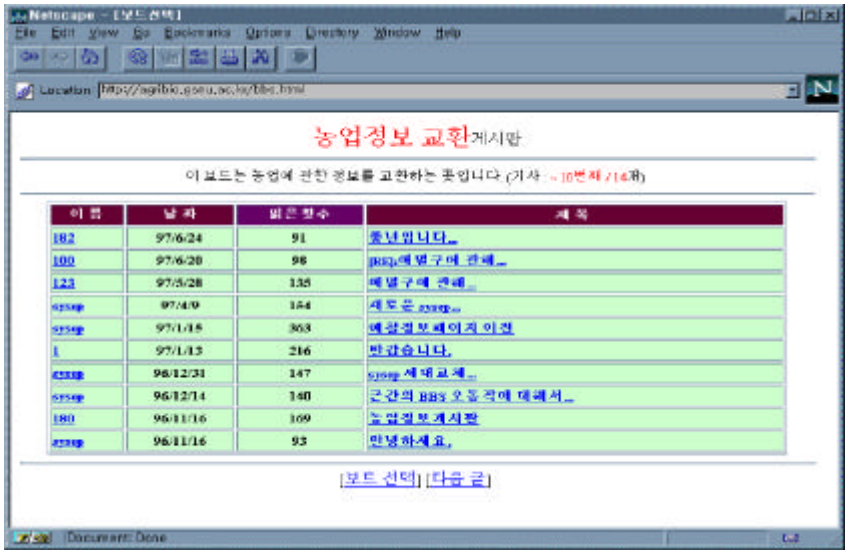


[그림 5-27] 외국인용 통계 페이지 (지도 형태)

다시 돌아가서 통계 페이지의 첫 화면에 대한 부가 설명을 하면 "B. Meteorological Statistic Data"는 기상 상황(평균 기온, 강수량, 일조 시수)을 전국, 시도별, 예찰소별로 나누어 순별 통계량을 금년, 전년, 평년, 비교년으로 구분하여 출력하고, 이 통계 자료를 꺾은선 그래프로 보여준다. 이러한 통계 자료는 이전의 자료를 바탕으로 하므로 현재는 제대로 된 모습을 보기가 어려우나 앞으로 계속 자료가 보강될 계획이며, 멀티미디어 출력 형태는 Java Applet을 이용하기 때문에 사용자의 웹 브라우저에서 Java Applet의 사용이 가능하여야 한다. 앞으로 이전 자료의 입력이 완료되면, 실제적인 통계 정보를 각종 형태로 볼 수 있게 될 것이다.

7. 자료 교환 및 의견 교환

동시에 다수의 사용자가 접근할 수 있으며, 농림부나 농업진흥청에서 현재의 병충해 상황이나 농업 신기술을 알릴 수 있다. 그리고, 각 지역의 농민과 농업 지도 공무원, 기타 관련이 있는 사람들이 농업 관련 주제에 관하여 묻고 답할 수 있다. 이는 웹 기반의 BBS 기능을 개발함으로써 가능하다. [그림 5-28]은 인터넷 환경하에서 본 연구팀에서 자체 개발한 농업 정보 교환실의 웹 페이지에 대한 초기 화면의 모양이다.



[그림 5-28] 농업 정보 교환실의 초기 화면

제4절 원시 데이터 변환 프로그램

이 절에서는 지금까지 농촌진흥청에서 병해충 예찰을 위해 오랫동안 누적해 온 VAX 시스템의 원시 데이터를 인터넷 서비스를 제공할 수 있는 DBMS의 원시 데이터로 변환하기 위해 필요한 기술적인 사항을 설명한다. 이를 위해 본 연구에서는 VAX 시스템의 원시 데이터를 분석하였고, 이를 Illustra DBMS에 적합하게 변환시켜 주는 프로그램을 개발하였다. 변환되어진 원시 데이터와 이에 대한 변환 프로그램은 각 절에서 유닉스 컴퓨터의 지정된 위치에 저장된다.

이후의 소절들에서는 지면관계상 주로 “예찰포 조사” 변환 프로그램에 대해서만 동작을 설명하고 COBOL 프로그램을 보임으로써 그 기능을 기술하였다. 즉, “기본 예찰조사 일보”와 “관찰포 조사”에 대한 변환 프로그램은 기본적으로 “예찰포 조사” 변환 프로그램과 동일하게 동작하므로 설명을 생략한다. 이들에 대한 COBOL 소스 프로그램은 PeMoS 시스템이 동작되고 있는 “agribio.gsnu.ac.kr"의 유닉스 컴퓨터의 지정 위치에 등록되어 있다.

1. 기본 예찰 조사 일보

예찰포 조사의 변환 프로그램과 거의 동일하며, 처리 과정도 유사하다. 프로그램 소스는 agribio의 "/usr3/happy/*.*"에 있다.

이에 대한 변환 프로그램은 : "ye01.cbl" 으로 구성되어 있다.

2. 관찰포 조사

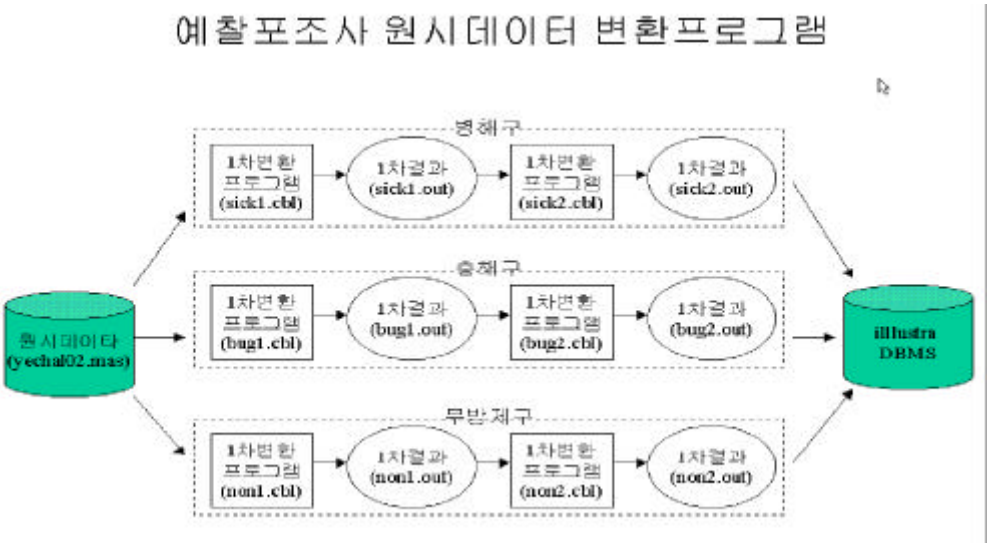
예찰포 조사의 변환 프로그램과 거의 동일하며, 처리 과정도 유사하다. 프로그램 소스는 agribio의 "/usr3/convert/gwanchalpo"에 있다.

이에 대한 변환 프로그램은 : "qwanchl01.cbl" 으로 구성되어 있다.

3. 예찰포 조사

가. 개요

아래 [그림 5-29]는 예찰포 조사 부시스템을 위한 원시 데이터 변환 프로그램의 자료 흐름도이다. 예찰포 조사 부시스템은 크게 3개의 부분으로 구성되어 있다. 즉, (1) 병해구, (2) 충해구, (3) 무방제구(효과구) 등이다. 각각은 병해충의 항목들이 조금씩 다르며, 조사 대상의 수도 조금씩 다르다. 따라서 예찰포 조사 부시스템에서는 3개를 독립적으로 운영하며, 이들에 대한 데이터를 관리하다. 따라서 기존의 원시 데이터도 3개의 부분으로 구분하여 변환 프로그램을 작성하였으며 변환 프로그램의



[그림 5-29] 예찰포 조사 원시 데이터 변환 프로그램

1단계 : 원시 데이타로부터 3개의 부분으로 선별하고 DBMS에 저장하기 위해 자료 정렬을 수행하는 단계

2단계 : 원시 데이터를 현재의 데이터로 가공하는 단계

3단계 : 원시 데이타로부터 생성된 변환 데이타를 Illustra DBMS로 옮기는 단계

변환 프로그램들은 1단계와 2단계를 수행하며 3단계는 데이터베이스 명령만으로 수행한다. 따라서 변환 프로그램은 2가지이며 알고리즘이 비교적 단순하기 때문에 프로그램 소스로 각각의 내용 설명을 대신한다.

나. 예찰포 조사 병해구 1차 변환 프로그램 (1단계)

```
//예찰포조사 병해구 자료 1차 변환 프로그램
       IDENTIFICATION          DIVISION.
       PROGRAM-ID.             TEST01.

       ENVIRONMENT             DIVISION.
       CONFIGURATION           SECTION.
       SOURCE-COMPUTER.        IBM-PC.
       OBJECT-COMPUTER.        IBM-PC.
       INPUT-OUTPUT            SECTION.
       FILE-CONTROL.
           SELECT IN-F ASSIGN TO INPUT, 'YECHAL02.MAS'
                  ORGANIZATION IS LINE SEQUENTIAL.
           SELECT OUT-F ASSIGN TO PRINT, 'sick1.OUT'.

       DATA                    DIVISION.
       FILE                    SECTION.
       FD  IN-F LABEL RECORD IS STANDARD.

// 원시데이터 입력 레코드 구조
       01  IN-R.
           03 A    PIC 9(1).
           03 B    PIC 9(2).
           03 C    PIC X(2).
           03 D    PIC 9(3).
           03 E    PIC X(2).
           03 F    PIC X(2).
           03 G    PIC X(8).
           03 I    PIC X(36).
           03 H    OCCURS 96 PIC X(6).

// 1차 수정된 자료 출력 레코드
       FD  OUT-F LABEL RECORD IS STANDARD.
       01  OUT-R.
      *    03 A1   PIC X(1).
      *    03 X1   PIC X(1).
           03 D1   PIC X(3).
           03 X4   PIC X(1).
           03 B1   PIC 9(4).
           03 X2   PIC X(1).
           03 E1   PIC X(2).
           03 X5   PIC X(1).
           03 F1   PIC X(2).
           03 X3   PIC X(1).
           03 C1   PIC X(2).
      *    03 X6   PIC X(1).
```

```
           03 H1 OCCURS 96 PIC X(7).
           03 X1  PIC X(1).

       WORKING-STORAGE        SECTION.
       01  II  PIC 9(3)  VALUE ZERO.
       01  JJ  PIC 9(3)  VALUE ZERO.
       01  KK  PIC 9(3)  VALUE 1.
       01  LL  PIC 9(3)  VALUE ZERO.
       01  TEMP.
           03  TEMP1   PIC 9(1).
           03  TEMP2   PIC 9(1).
           03  TEMP3   PIC 9(1).
           03  TEMP4   PIC 9(1).
           03  TEMP5   PIC 9(1).
           03  TEMP6   PIC 9(1).
       01  TEMP-R.
           03  TEMP-R1   PIC X(1) VALUE '|'.
           03  TEMP-R2   PIC X(1).
           03  TEMP-R3   PIC X(1).
           03  TEMP-R4   PIC X(1).
           03  TEMP-R5   PIC X(1).
           03  TEMP-R6   PIC X(1).
           03  TEMP-R7   PIC X(1).
       PROCEDURE              DIVISION.
       GAJA-RTN.
           OPEN    INPUT    IN-F.
           OPEN    OUTPUT   OUT-F.

       READ-RTN.
           READ IN-F AT END GO TO END-RTN.
           IF A NOT = 0 THEN GO TO READ-RTN.
```

// **기존 예찰소 코드를 현재의 예찰소코드로 변환**

```
           IF d = 001 THEN MOVE "010" to d1.
           IF d = 002 THEN MOVE "020" to d1.
           IF d = 128 THEN MOVE "030" to d1.
```

// **지역 코드 변환 계속** //

```
           IF d = 162 THEN MOVE "E82" to d1.
           IF d = 163 THEN MOVE "E83" to d1.
           IF d = 166 THEN MOVE "E84" to d1.
```

// **레코드의 항목 사이에 구분자 삽입**

```
       *    MOVE     A      TO    A1.
           MOVE     '|'    TO    X1.
```

```
           ADD B 1900 GIVING       B1.
       *    MOVE       B       TO     B1.
           MOVE       '|'     TO     X2.
           MOVE       C       TO     C1.
           MOVE       '|'     TO     X3.
       *    MOVE       D       TO     D1.
           MOVE       '|'     TO     X4.
           MOVE       E       TO     E1.
           MOVE       '|'     TO     X5.
           MOVE       F       TO     F1.
       *    MOVE       '|'     TO     X6.
       *    MOVE       G       TO     G1.
           MOVE       ZERO    TO     JJ.

       LOOP-RTN.

           PERFORM  LOOP-3 THRU LOOP-4
                   VARYING II FROM 1 BY 1 UNTIL II = 96.
```

// **원시데이터가** blank**일때에는** 0**으로 채움**

```
       LOOP-3.
                   MOVE   H(II)  TO   TEMP.
                   IF TEMP1 = SPACE THEN MOVE '0' TO TEMP1.

                   MOVE   TEMP1  TO   TEMP-R2.
                   IF TEMP2 = SPACE THEN MOVE '0' TO TEMP2.

                   MOVE   TEMP2  TO   TEMP-R3.
                   IF TEMP3 = SPACE THEN MOVE '0' TO TEMP3.

                   MOVE   TEMP3  TO   TEMP-R4.
                   IF TEMP4 = SPACE THEN MOVE '0' TO TEMP4.

                   MOVE   TEMP4  TO   TEMP-R5.
                   IF TEMP5 = SPACE THEN MOVE '0' TO TEMP5.
                   MOVE   TEMP5  TO   TEMP-R6.

                   IF TEMP6 = SPACE THEN MOVE '0' TO TEMP6.
                   MOVE   TEMP6  TO   TEMP-R7.
                   MOVE   TEMP-R TO   H1(II).
       LOOP-4.
       LOOP-END.
           DISPLAY    OUT-R.
           WRITE      OUT-R.
           GO TO      READ-RTN.
       END-RTN.
```

```
    CLOSE      IN-F    OUT-F.
    STOP RUN.
```

다. 예찰포조사 병해구 2차 변환 프로그램 (2단계)

```
// 예찰포조사 2차변환 프로그램
    IDENTIFICATION          DIVISION.
    PROGRAM-ID.             TEST01.

    ENVIRONMENT             DIVISION.
    CONFIGURATION           SECTION.
    SOURCE-COMPUTER.        IBM-PC.
    OBJECT-COMPUTER.        IBM-PC.
    INPUT-OUTPUT            SECTION.
    FILE-CONTROL.
        SELECT in-F ASSIGN TO INPUT, 'sick1.OUT'
               ORGANIZATION IS LINE SEQUENTIAL.
        SELECT out-F ASSIGN TO PRINT, 'sick2.OUT'.
    DATA                    DIVISION.
    FILE                    SECTION.
    FD  out-F LABEL RECORD IS STANDARD.

//2차 변환 프로그램 출력 레코드
    01  out-R.
        03 A1   PIC X(18).
        03 DATA11.
           05  N1    PIC X(5).
           05  B01   PIC X(14).
           05  D01   PIC X(14).
           05  N2    PIC X(5).
           05  B22   PIC X(14).
           05  D22   PIC X(14).
           05  N3    PIC X(5).
           05  B33   PIC X(14).
           05  D33   PIC X(14).
           05  N4    PIC X(5).
           05  B44   PIC X(14).
           05  D44   PIC X(14).
           05  N5    PIC X(5).
           05  B55   PIC X(14).
           05  D55   PIC X(14).
           05  N6    PIC X(5).
           05  B66   PIC X(14).
           05  D66   PIC X(14).
           05  N7    PIC X(5).
           05  B77   PIC X(14).
           05  D77   PIC X(14).
```

```
           05  N8     PIC X(5).
           05  B88    PIC X(14).
           05  D88    PIC X(14).
           05  N9     PIC X(5).
           05  B99    PIC X(14).
           05  D99    PIC X(14).
           05  N10    PIC X(6).
           05  B100   PIC X(14).
           05  D100   PIC X(14).
           05  N11    PIC X(6).
           05  B110   PIC X(14).
           05  D110   PIC X(14).
           05  N12    PIC X(6).
           05  B120   PIC X(14).
           05  D120   PIC X(14).
           05  N13    PIC X(6).
           05  B130   PIC X(14).
           05  D130   PIC X(14).
           05  N14    PIC X(6).
           05  B140   PIC X(14).
           05  D140   PIC X(14).
           05  N15    PIC X(6).
           05  B150   PIC X(14).
           05  D150   PIC X(14).
           05  N16    PIC X(6).
           05  B160   PIC X(14).
           05  D160   PIC X(14).
           05  N17    PIC X(6).
           05  B170   PIC X(14).
           05  D170   PIC X(14).
           05  N18    PIC X(6).
           05  B180   PIC X(14).
           05  D180   PIC X(14).
       FD  in-F LABEL RECORD IS STANDARD.
```

// 2**차 변환 프로그램 입력 레크도(즉 1차 변환 프로그램의 출력을 입력으로 받음)**

```
       01  in-R.
           03 A   PIC X(18).
           03 DATA2.
              05  B1   PIC X(14).
              05  C1   PIC X(7).
              05  D1   PIC X(14).
              05  E1   PIC X(7).
              05  B2   PIC X(14).
              05  C2   PIC X(7).
              05  D2   PIC X(14).
              05  E2   PIC X(7).
              05  B3   PIC X(14).
```

```
05  C3   PIC  X(7).
05  D3   PIC  X(14).
05  E3   PIC  X(7).
05  B4   PIC  X(14).
05  C4   PIC  X(7).
05  D4   PIC  X(14).
05  E4   PIC  X(7).
05  B5   PIC  X(14).
05  C5   PIC  X(7).
05  D5   PIC  X(14).
05  E5   PIC  X(7).
05  B6   PIC  X(14).
05  C6   PIC  X(7).
05  D6   PIC  X(14).
05  E6   PIC  X(7).
05  B7   PIC  X(14).
05  C7   PIC  X(7).
05  D7   PIC  X(14).
05  E7   PIC  X(7).
05  B8   PIC  X(14).
05  C8   PIC  X(7).
05  D8   PIC  X(14).
05  E8   PIC  X(7).
05  B9   PIC  X(14).
05  C9   PIC  X(7).
05  D9   PIC  X(14).
05  E9   PIC  X(7).
05  B10   PIC  X(14).
05  C10   PIC  X(7).
05  D10   PIC  X(14).
05  E10   PIC  X(7).
05  B11   PIC  X(14).
05  C11   PIC  X(7).
05  D11   PIC  X(14).
05  E11   PIC  X(7).
05  B12   PIC  X(14).
05  C12   PIC  X(7).
05  D12   PIC  X(14).
05  E12   PIC  X(7).
05  B13   PIC  X(14).
05  C13   PIC  X(7).
05  D13   PIC  X(14).
05  E13   PIC  X(7).
05  B14   PIC  X(14).
05  C14   PIC  X(7).
05  D14   PIC  X(14).
05  E14   PIC  X(7).
05  B15   PIC  X(14).
```

```
           05  C15   PIC X(7).
           05  D15   PIC X(14).
           05  E15   PIC X(7).
           05  B16   PIC X(14).
           05  C16   PIC X(7).
           05  D16   PIC X(14).
           05  E16   PIC X(7).
       PROCEDURE              DIVISION.
       GAJA-RTN.
           OPEN     INPUT     in-F.
           OPEN     OUTPUT    out-F.
       READ-RTN.
           READ in-F AT END GO TO END-RTN.

  //예찰포 조사 병해구 이름 정의
             MOVE 'sick1|'    TO  N1.

               // 병해충 명 데이터 복사 //

             MOVE 'sick18|'   TO  N18.

             MOVE  A          TO  A1.
             MOVE  B1         TO  B01.

               // 실제 데이터 이동 : 데이터 베이스 스키마 참조 //

             MOVE  B16        TO  B160.
             MOVE  D16        TO  D160.
             MOVE  '000000|000000|'     TO  B170.
             MOVE  '000000|000000|'     TO  D170.
             MOVE  '000000|000000|'     TO  B180.
             MOVE  '000000|000000|'     TO  D180.
       LOOP-END.
           DISPLAY   out-R.
           WRITE     out-R.
           GO TO     READ-RTN.
       END-RTN.
           CLOSE     IN-F   OUT-F.
           STOP RUN.
```

라. 변환 데이터를 DBMS**로 옮기는 작업** (3**단계**)

Illustra DBMS**의 복사 명령인** "MICOPY"**를 사용하여 최종 생성된 데이터를** DBMS**로 이동한다.**

제5절 결론 및 향후연구과제

최근 일반 사용자들도 손쉽게 접근할 수 있는 인터넷 브라우져들이 많이 만들어지면서 사용자들이 보다 쉽게 각종 정보를 인터넷에서 교환할 수 있게 되었다. 이러한 인터넷 기술을 이용하면 "병해충 발생 예찰정보"의 수집, 보관, 관리, 요약, 분석 및 출력 등이 원격지에서 실시간으로 손쉽게 가능하며, 예찰 자료가 예찰 본부에만 집중되어 있던 과거와는 달리 농민들이나 관계자들이 전국 어디에서도 예찰에 관련된 분석 자료를 손쉽게 공유할 수 있다.

본 연구에서는 기존의 병해충 예찰 체계를 인터넷 환경에서 손쉽게 사용할 수 있는 병해충 예찰정보 시스템인 PeMoS를 개발하였다. PeMoS는 크게 5개의 부시스템으로 나누어져 개발되었다. 이는 기본예찰조사일보, 관찰포조사, 예찰포조사, 농업정보교환실, 전자우편 등이다. 앞의 3개 부시스템들은 병해충 예찰정보를 전국의 예찰소로부터 입력받아 이들 자료를 분석하여 지역별, 시도별, 지대별, 모작별, 전국별 등으로 분류한 후 다양한 형태(테이블 자료, 막대그래프, 지도)로 사용자들에게 제공하는 시스템이며, 나머지 2개 부시스템들은 각종 농업정보 및 공지사항 등을 공유할 수 있도록 관리해 주는 시스템이다. 본 연구에서 개발된 PeMoS는 다음과 같은 몇가지 특징을 갖는다.

(1) 편리한 사용자 인터페이스를 제공한다. 이는 기존의 명령어 시스템 방식 대신에 그래픽 모양의 버턴만을 선택하여 자신이 원하는 기능을 수행할 수 있게 한다.
(2) 다양한 형태의 예찰정보를 제공한다. 이는 전국의 각 예찰소로부터 입력되어진 예찰정보를 여러 기준으로 분류하여 지도, 막대 및 꺾은선 그래프, 테이블 등 여러 형태로 나타내 줌으로써 예찰자들이 쉽게 병해충 예찰정보를 분석할 수 있게 한다.
(3) 다양한 보안 기능을 제공한다. 이는 관리자가 설정한 다양한 보안 기준에 따라 정보를 관리함으로써 데이터 관리의 일관성, 데이터에 대한 접근의 차별성을 유지하게 한다.

실제 PeMoS는 2차년도까지 기본 시스템이 거의 완성되어 지금까지 계속 운영되

고 있고 3차년도에는 기능 향상과 국제간 데이터베이스 모델이 개발되었다. 따라서, 앞으로 여기서 개발된 PeMoS를 이용하여 비래 병해충 발생지의 근원에 해당되는 국가들을 연결하는 국제간 병해충 발생 정보 데이터베이스가 완전하게 구축된다면 조기에 유용한 병해충 예찰정보를 얻을 수 있게 될 것이다.

특히 본 연구에서 개발된 PeMoS를 기반으로 앞장들에서 살펴본 GIS와 Blayer를 연동시키는 통합 예찰정보 시스템을 개발하면 병해충 발생 자료 뿐만 아니라 분석된 자료를 활용할 수 있게 되고, 병해충의 생리/생태에 영향을 미치는 환경 정보가 결합되어 보다 정확하고 신속한 병해충 예찰정보를 도출할 수 있게 될 것이다. 나아가, 분석 정보가 DB 형태로 이용될 수 있기 때문에 미래의 상황을 예측할 수 있는 보다 정교한 유형 인식이 가능해진다. 이를 위해서 다음 6장에서는 이들을 통합하는 연구를 수행한다.

제6장 시스템 통합과 금후의 과제

제1절 서 론

5장에서 기술된 PeMoS는 국내·외에 분포되어 있는 농작물 병해충 예찰소로부터 직접 관측, 조사된 병해충 발생 정보를 수집하고 관리하며, 이를 가공하여 수치형 및 그래프 형태로 사용자들에게 제공한다. 하지만 이 시스템이 보다 유용하게 활용되기 위해서는 3장에서 기술된 GIS 시스템 및 4장에서 기술된 Blayer 시스템과 효과적으로 연동되어야 한다. 즉, 실시간으로 수집된 병해충 발생 정보를 이용하여 병해충의 비래 상황(Blayer를 이용)과 병해충 확산 정도(GIS를 이용)를 예측하여 다양한 형태로 인터넷을 통해 관계자들에게 알려 줌으로써 실용적인 시스템이 될 수 있다.

이를 위해 본 연구는 5장의 PeMoS를 기반으로 각종 병해충 발생 정보뿐만 아니라 병해충 예측 이동 경로 정보 및 기상 예측 정보도 통합적으로 제공할 수 있는 통합 예찰 정보 시스템을 설계 및 구현하였다. 이러한 통합 예찰 정보 시스템은 인터넷 환경에서 클라이언트/서버 형태로 구동되며, Blayer 시스템 및 Arc/Info GIS 시스템과 연동된다.

제2절 통합 예찰 정보 시스템

1. 시스템의 구성

본 연구에서 개발한 통합 예찰 정보 시스템은 앞에서 설명된 3개의 독립적인 시스템들(GIS, Blayer, PeMoS)을 인터넷 환경에서 통합적으로 이용할 수 있도록 개발되었다. 따라서 이 시스템의 내부는 (1) 기상 예찰 정보 부시스템, (2) 병해충 예찰 정보 부시스템, 그리고 (3) PeMoS 부시스템으로 구성되어 있으며, 하나의 인터넷 인터페이스 환경에서 통합적으로 동작할 수 있도록 이들을 재구성하였다. 이에 대한 전체 구성도는 [그림 6-1]과 같다.

[그림 6-85] 통합 예찰 정보 시스템의 구성도

통합 예찰 정보 시스템의 각 부시스템은 UNIX 환경에서 구동하는 Blayer 시스템과 Arc/Info GIS 시스템을 웹 환경에서 이용할 수 있게 설계하였다. 그리고 이들 시스템들이 생성하는 시각적 예찰 정보 자료들이 상호 연관 관계를 가지도록, 즉 서로의 출력 정보를 이용하여 보다 더 효과적으로 병해충 예찰 정보를 활용할 수 있게 하였다.

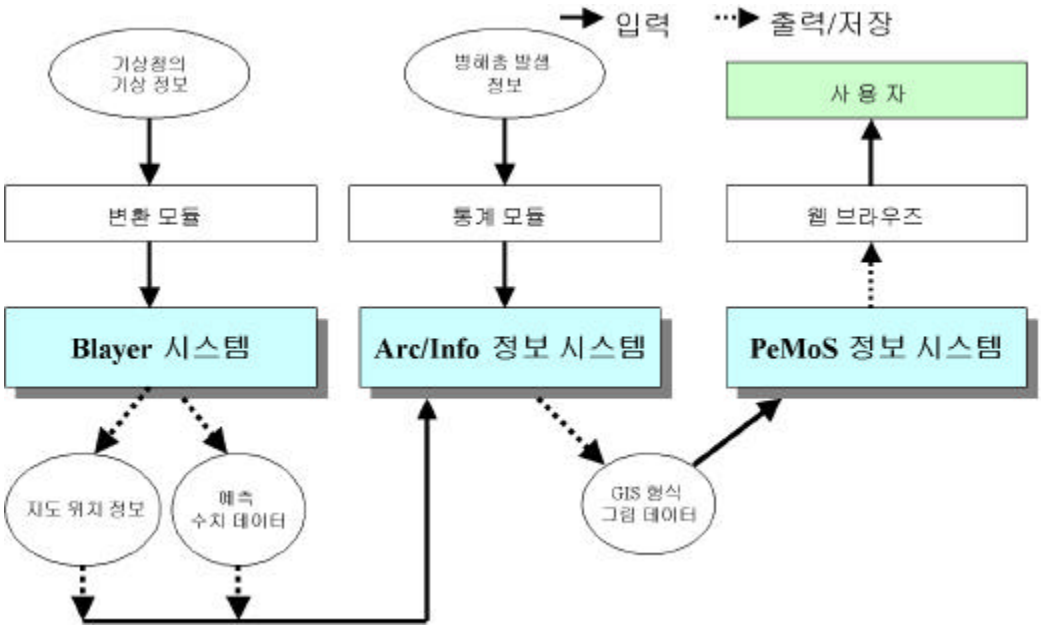
이를 위해, 통합 예찰 정보 시스템은 각 예찰 정보 부시스템에서 발생되는 예찰 데이터를 Illustra DBMS를 사용해 체계적으로 관리한다.

2. 시스템의 작업 흐름

[그림 6-2]는 통합 예찰 정보 시스템의 전체적인 작업 흐름을 보이고 있다. 여기서 기상 예찰 정보 부시스템의 원시 입력 자료는 기상청의 기상 정보와 위치 정보이며, 이는 변환 모듈을 통해 Blayer 시스템의 입력 자료로 사용된다. Blayer 시스템의 출력 자료는 지리 위치 정보와 해당 위치의 기상 정보를 가지며, 이것이 Arc/Info 시스템에서 시각적 정보로 변환된 후 PeMoS 정보 서비스 시스템을 통해 사용자들에게 제공된다.

병해충 예찰 정보 부시스템은 PeMoS의 기본 예찰 일보 데이터를 이용하여 사용자 질의 에 의한 통계 데이터를 산출하는 통계 모듈을 통해 이를 Arc/Info 시스템의 입력 자료로 사용하며, Arc/Info 시스템은 이를 시각적 병해충 이동 정보로 변

환한 후 이를 PeMoS 정보 서비스 시스템으로 전달한다.



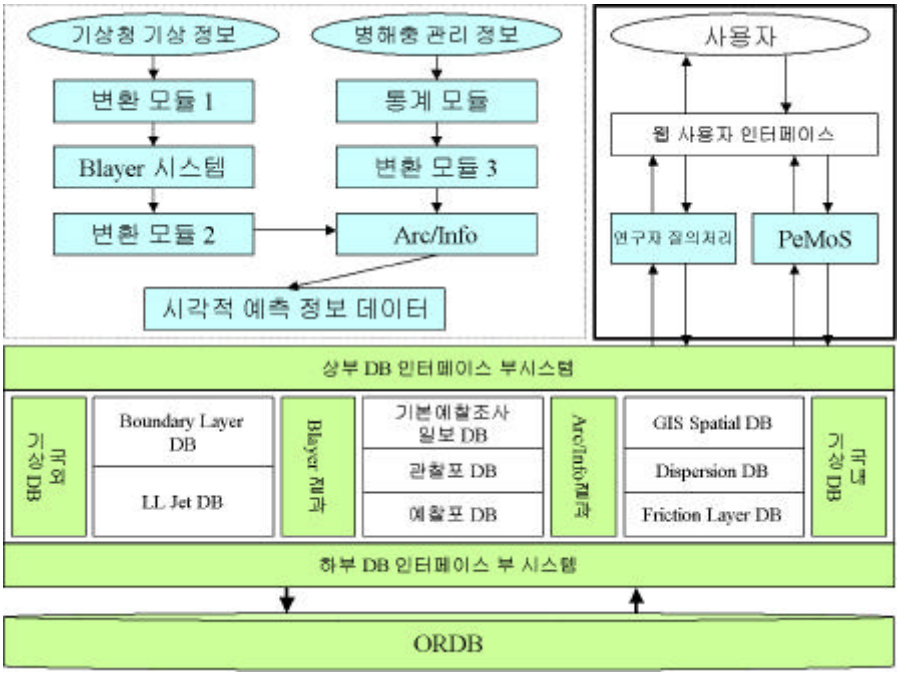
[그림 6-86] 통합 예찰 정보 시스템의 작업 흐름도

3. 시스템의 설계

통합 예찰 정보 시스템의 상세 구조는 [그림 6-3]과 같다. 이를 구성하는 각 부 시스템들의 기능과 이들을 재구성하여 통합한 내용을 알아본다.

먼저 [그림 6-3]에서 왼쪽 위 즉, 점선으로 구성된 부분은 통합 예찰 정보 시스템 중에서 UNIX 환경에서 동작되는 부분이다. 여기에는 Blayer 시스템과 Arch/Info 시스템이 각각 기반이 된 기상 예찰 정보 부시스템과 병해충 예찰 정보 부시스템이 있다. 먼저 Blayer 시스템은 압축된 기상청 기상 자료를 12시간 간격으로 입력받는다. 기상 자료는 바람, 습도, 온도 등의 요소를 표현하는 GPV(Grid Point Value) 형식의 데이터이다. Blayer 시스템은 이러한 자료들을 시뮬레이션하여 기상 이동 상황을 지도상에 점 형태의 구름 모양 등으로 예찰 정보를 생성할 수 있도록 수치값을 산출한다. 다음은 Arch/Info 시스템으로, 사용자가 원하는 확

산 모델에 따라 지리적 분포의 확산 유형을 시각적 GIS 정보로 생성하는 시스템이다. 이 시스템은 Blayer 시스템의 출력 결과 중에서 병해충 발생에 대한 수치 데이터를 입력으로 받아 국내 각 지역에서 수집된 기상 정보와 결합하여 국내에서 해당 병해충의 발생 분포가 어떻게 확산되는가를 GIS 파일 형식의 그림으로 제공해 준다.



[그림 6-87] 통합 예찰 정보 시스템의 상세 구성도

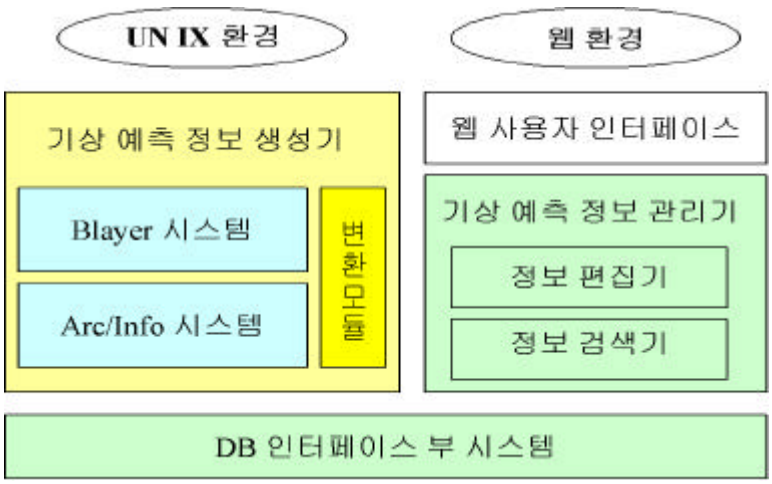
그러나 이 두 시스템은 UNIX상에서 독립적으로 동작하며, 두 시스템사이에 자료를 공유하기 위해서는 많은 수작업 과정이 있어야만 가능하다. 따라서 이들을 통합하고 체계적으로 관리할 수 있도록 본 연구에서는 모듈식 변환 프로그램을 FORTRAN과 C 프로그램으로 작성하여 Blayer와 Arch/Info 시스템이 인터넷상에서 단일 인터페이스로 통합될 수 있도록 개발하였다.

다음으로 [그림 6-3]에서 오른쪽 위 즉, 실선으로 그려진 사각형안의 부분은 인터넷 환경에서 동작되는 시스템이다. 여기에는 PeMoS 부시스템과 사용자 질의 처

리 부시스템이 있다. PeMoS 부시스템은 5장에서 기술된 것과 같이 1, 2차년도 연구에서 거의 개발이 완료되었는데, 현재는 주로 국내의 병해충 예찰 정보를 입력으로 받아 다양한 병해충 발생 예찰 정보를 생성하고 있다. 따라서 최종 3차년도 연구에서는 완전한 장거리 이동성 해충의 조기 경보 체제를 구축하기 위해 병해충의 근원지라고 추정되는 외국 지역의 예찰 정보 수집을 위해 외국인이 사용할 수 있는 외국인 예찰 정보 홈페이지를 추가 개발하였다. 이로써 병해충 발생 근원지의 예찰 정보를 실시간으로 얻을 수 있으며, 이를 통해 병해충의 확산에 대한 예상 이동 경로를 추적하고, 병해충 발생 예상 분포도를 추측하여 사전에 병해충 발생에 대한 조기 경보를 할 수 있다. 이후의 절에서는 이들을 보다 자세히 알아 본다.

제3절 기상 예찰 정보 부시스템

기상 예찰 정보 부시스템은 기상청으로부터 전송받은 기상 데이터(Grid Point Value)를 UNIX에서 독립적으로 동작하는 Blayer 시스템과 Arc/Info 시스템을 통합해 인터넷 환경에서 사용할 수 있게 설계한 부시스템으로 기상 정보를 Illustra DBMS를 이용하여 관리하고 있다. [그림 6-4]는 기상 예찰 정보 부시스템의 개괄 구조도이다.



[그림 6-88] 기상 예찰 정보 부시스템의 개괄 구조도

[그림 6-4]의 기상 예찰 정보 부시스템은 UNIX 환경에서 동작하는 기상 예찰 정보 생성기와 이의 결과를 웹 환경에서 제공하기 위한 기상 예찰 정보 관리기로 구성된다.

1. 기상 예찰 정보 생성기

기상 예찰 정보를 생성하기 위한 생성기는 기상청으로부터 제공받은 기상 정보를 이용하여 입력값의 형태에 따라 다양한 형식의 예찰 정보를 산출하는 Blayer 시스템, 기상 수치 정보를 GIS를 이용해 시각적 정보로 생성하는 Arc/Info 시스템, 그리고 이들간의 데이터를 호환성있게 변환 데이터를 생성하는 변환 모듈로 구성된다. 이러한 구조에 의해 생성되는 시각적 기상 예찰 정보는 DBMS에서 관리하며 이를 인터넷상에서 사용할 수 있게 한다.

가. Balyer 시스템

Blayer 시스템은 대기 경계층 모형을 이용하여 기상 이동 현황을 추적하여 시뮬레이션할 수 있으며, 또한 제한된 범위에서 지리 정보를 적용할 수 있는 기상 시뮬레이션 응용 시스템이다. 입력 데이터는 기상청으로부터 얻은 기상 수치 데이터와 해당 지리 위치값(Grid Point Value) 정보이며, 출력 정보는 사용자 정의에 의한 기상 예찰 정보를 생성한다.

이 시스템에 대한 입력 자료는 기상청에서 제공하는 기상 데이터 즉, 바람, 습도, 온도 등의 요소를 표현하는 GPV(Grid Point Value) 형식의 데이터이다. 특히, 기상 데이터는 3차원 공간상에서 표현된 점들의 분포로서 기상청을 통해 입수되는데 구름 사진 등의 형태를 만들어낼 수 있다.

이 시스템에 의해 시뮬레이션한 기상 예찰 정보는 PostScript 혹은 Bitmap 형태 등의 그래픽 자료를 생성할 수 있는 가공 데이터를 생성한다. 이렇게 생성되어진 그래픽 지도 정보는 장거리 이동성 병해충의 이동 경로를 규명하고, 예찰할 수 있는 예찰 자료로 활용된다.

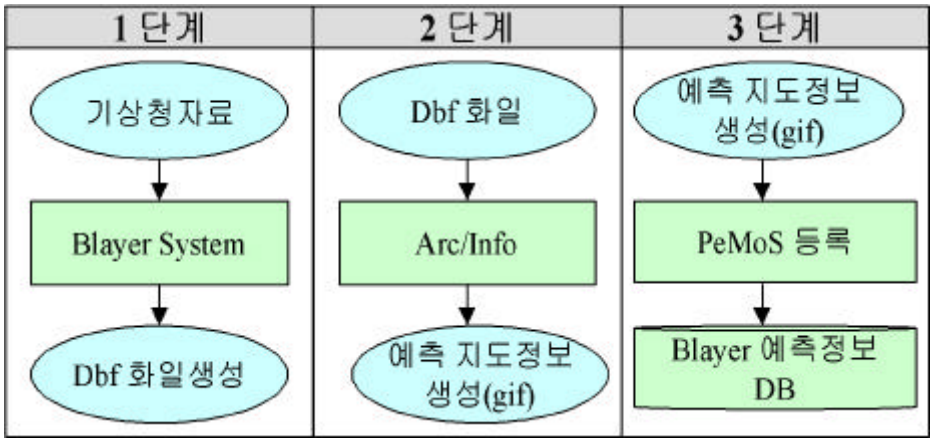
1) 동작 원리

본 연구에서는 Blayer 시스템의 정보 처리 과정을 [그림 6-5]와 같이 3단계로 수

행하도록 구현하였다.

먼저, 1단계에서는 기상청에서 제공되는 기상에 대한 정보를 Blayer 시스템이 인식할 수 있는 데이터 형태로 변환하는 단계이다. 기상청으로부터 12시간 간격으로 추출된 압축 데이터를 Blayer 시스템에서 인식할 수 있는 데이터로 변환한 다음 사용자 정의에 의한 출력 형식을 입력값으로 하여 기상청 데이터를 GIS 형식에 맞는 데이터로 변환하게 된다. 본 연구에서는 이러한 변환을 FORTRAN 프로그램을 이용하여 자동화된 파일 생성 기법으로 재작성하였다. Blayer 시스템에서는 지리 정보와 기상 정보를 일정한 시간 간격으로 다시 세분화하고 현재의 기상 데이터를 시뮬레이션하여 미래 예상 시점의 기상 예찰값을 산출한다.

2단계에서는, 1단계에서 생성된 미래 예상 시점의 데이터를 시각적 데이터로 변환하는 단계이다. Blayer 시스템으로부터 산출된 데이터의 형식은 일반 Text형 자료 타입이다. 그러나 지리 정보와 연결한 시각적 정보를 생성하는 Arc/Info 시스템의 경우는 GIS 형식의 DBase형 자료를 이용한다. 그래서 2단계에서는 먼저 Text형 자료 타입을 DBase형 자료로 변환을 실시하는데 본 연구에서는 자체적으로 개발한 Text2Dbf 모듈 프로그램에 의해 변환하였다. DBase형 자료를 입력값으로하는 Arc/Info 시스템에서는 먼저 지리 정보를 데이터베이스 형태의 자료 구조로 형성하고 여기에 Blayer 시스템에서 산출한 미래 예상 시점의 기상 예찰값을 연결함으로써 시각적 기상 예찰 정보를 생성한다.



[그림 6-89] Blayer 시스템의 3단계 정보 처리 과정

3단계에서는, 시각적 기상 예찰 정보로 생성된 데이터를 웹을 통해 사용자에게 제공하기 위한 단계이다. 기존 PeMoS 내의 부시스템으로 새롭게 작성한 기상 예찰 정보 웹 페이지를 통해 사용자가 질의하고 결과를 브라우징한다.

2) 입/출력 데이터

[그림 6-5]에서 처리되는 과정에서 각 시스템에 입/출력되는 데이터의 종류는 다음 [표 6-1]과 같다.

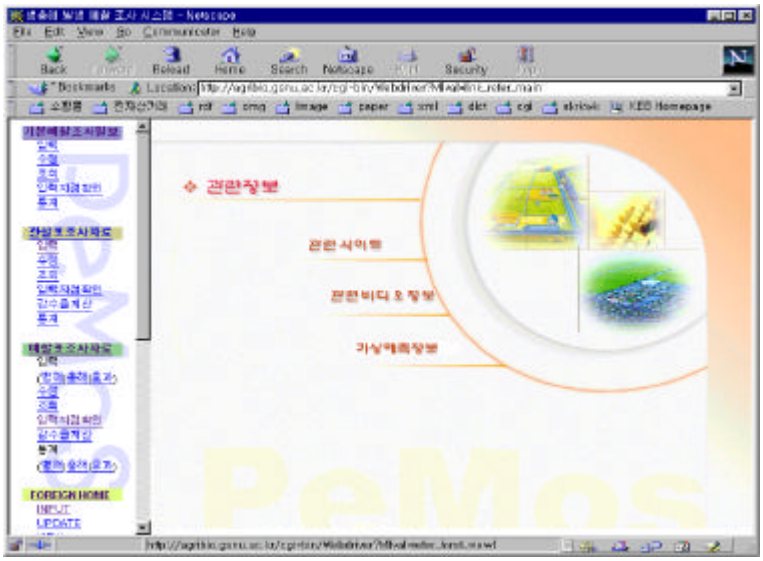
[표 6-18] Blayer 시스템의 3단계 정보 처리 과정에 대한 입/출력 데이타

구분	입력 데이타	출력 데이타	비고
1 단계	기상청 원시 기상 데이타	Dbase 파일	Blayer
2 단계	Dbase 파일	예찰 지도 정보(gif)	Arc/Info
3 단계	질의 정보	시각적 기상 예찰 정보(gif)	웹

2. 기상 예찰 정보 관리기

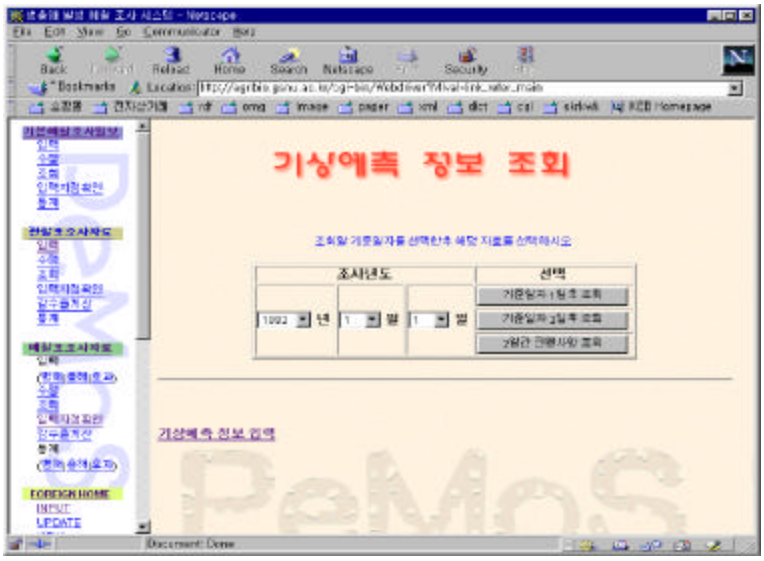
본 연구에서는 Blayer 시스템의 정보 처리를 위해 인터넷 환경에서 동작하는 사용자 인터페이스를 [그림 6-6] 및 [그림 6-7]과 같이 설계하였다. [그림 6-7]은 PeMoS 통합 예찰 정보 시스템의 홈페이지에서 기상 예찰 정보를 위해 새롭게 개설한 페이지이다. “기상 예찰정보“에 대한 접근 경로는 [”http://agribio.gsnu.ac.kr"] -> [사용자 인가] -> [관련정보] 순서로 접근하며, 이렇게 하면 [그림 6-6]의 인터페이스를 만나게 된다.

다음의 [그림 6-7]은 [그림 6-6]에서 “기상 예찰 정보”를 선택하면 나타나는 웹 인터페이스 화면이다. 여기에서는 Blayer 정보 시스템에서 생성된 예찰 지도 정보를 검색할 수 있다. 일반 사용자는 사용 권한이 부여된 사람만 이용할 수 있다.



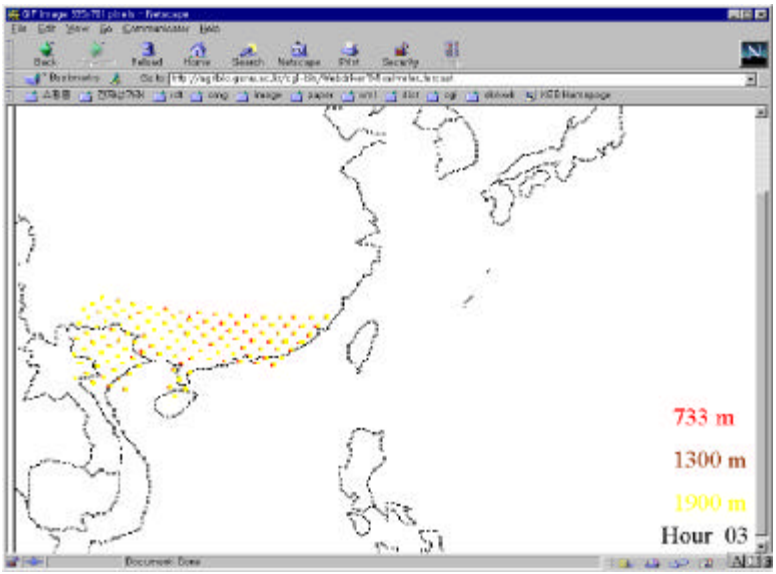
[그림 6-90] 기상 예찰 정보 홈페이지

먼저 [그림 6-7]에서 기상 예찰 정보를 이용하려면 인터페이스 화면에서 요구하는 연도, 월, 일 등 3가지 정보를 선택한다. 그리고 나면 요구 조건에 대한 검색 결과를 화면에 3가지 형태로 제공하는데 사용자는 이를 선택적으로 이용할 수 있다.

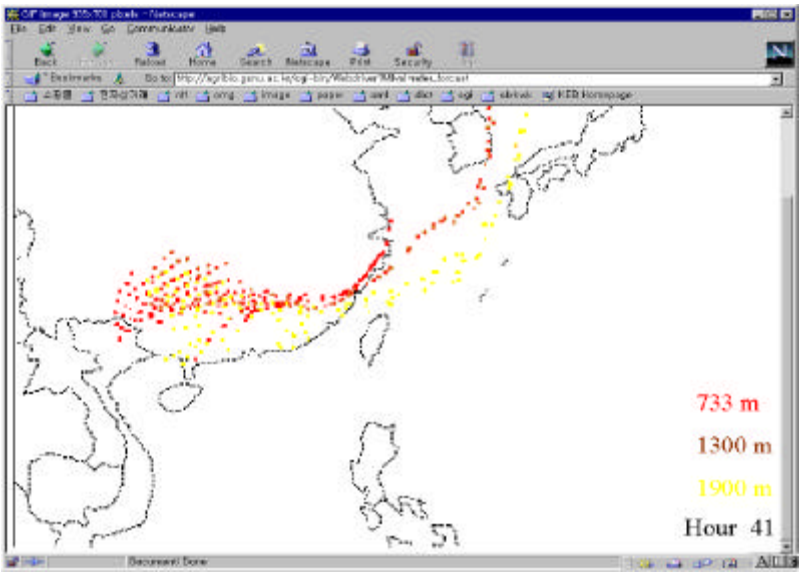


[그림 6-91] 기상 예찰 정보 조회 페이지

[그림 6-8]은 연도, 월, 일을 입력한 후에 화면에 나타날 결과 모양을 첫 번째에 해당하는 기준일의 1일 후 결과 화면을 선택한 것이며, [그림 6-9]는 기준일의 2일 후 결과 화면을 선택한 것이다.



[그림 6-92] 기준일의 1일 후 결과 화면



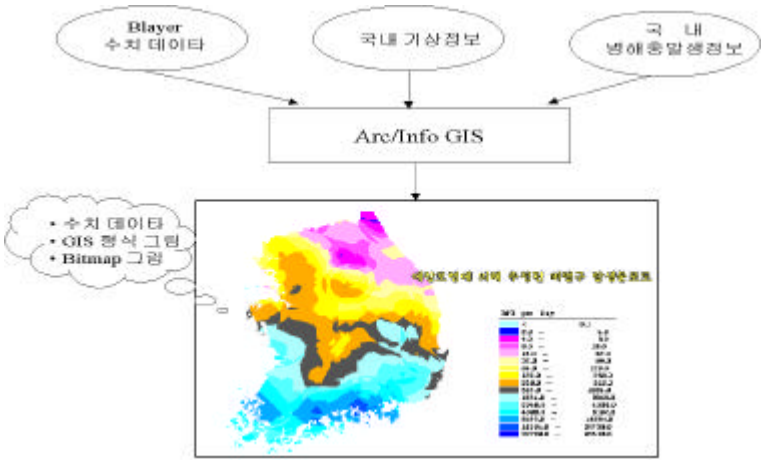
[그림 6-93] 기준일의 2일 후 결과 화면

제4절 병해충 예찰정보 부시스템

병해충 예찰 정보 부시스템은 PeMoS의 기본 예찰 일보 데이터를 Arc/Info GIS를 이용하여 사용자가 원하는 확산 모델에 따라 지리적 분포의 확산 유형을 예찰 시뮬레이션하는 부시스템이다. 이 부시스템에서는 세 종류의 입력 데이터로부터 그래픽 형태의 예찰 정보를 생성한다. 먼저 입력되어지는 데이터의 종류는 Blayer 시스템으로부터 생성되어진 수치 데이터, PeMoS 시스템으로부터 생성된 병해충 예찰 정보 및 기상청으로부터 제공되는 국내 기상 정보 등이며, 출력되는 예찰 정보는 그래픽 모양의 지도 정보이다.

1. 전체 구성도

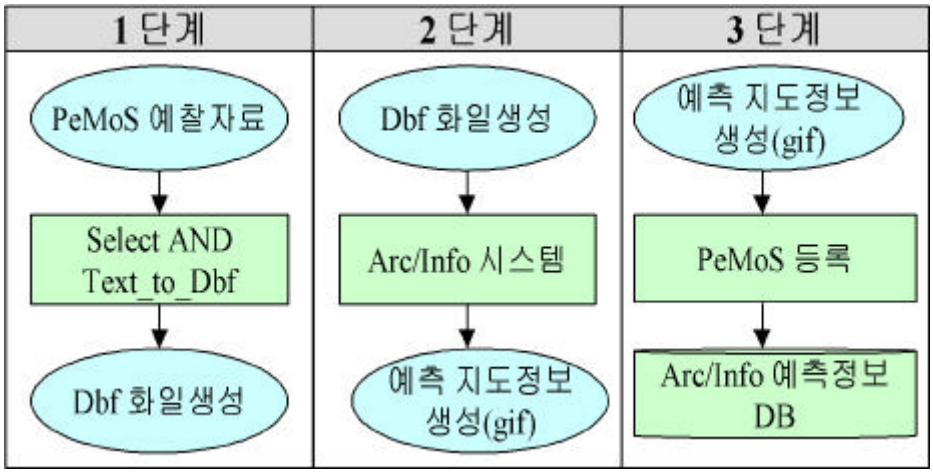
[그림 6-10]은 Arc/Info GIS 시스템에서 입출력 데이터를 처리하는 개념이다. 이 시스템은 Blayer 시스템의 출력 결과 중에서 병해충 발생에 대한 수치 데이타를 입력으로 받아 국내 각 지역에서 수집된 기상 정보와 결합하여 국내에서 해당 병해충의 발생 분포가 어떻게 확산되는가를 GIS 파일 형식의 그림으로 보여주는 시스템이다. 이때 발생되어지는 GIS 파일 형식의 그림은 병해충 발생 분포 정도에 따라 색상의 범주를 다르게 정의하였으며, 이는 표현되어진 색상의 의미로 병해충이 어떻게 확산되는 가를 쉽게 알 수 있게 한다.



[그림 6-94] Arc/Info GIS 시스템의 개념

2. 동작 원리

본 연구에서는 Arc/Info 시스템의 정보 처리 과정을 3단계로 수행하도록 통합하고 이를 구현하였다. 다음의 [그림 6-11]은 PeMoS 통합 예찰 정보 시스템에서 Arc/Info의 예찰 정보를 생성하고 관리하기 위하여 3단계로 변환을 처리하는 과정이다. 그런데 [그림 6-11]은 Arc/Info에서 생성되는 예찰 정보를 관리자가 처리하는 과정이다. 일반 사용자는 이렇게 관리자가 생성하여 PeMoS 통합 예찰 정보 시스템에서 관리하게 된 Arc/Info 예찰 정보 결과만을 볼 수 있다. 즉, 일반 사용자는 질의 부시스템을 통해 병해충 발생에 대한 예찰 이동 경로 정보를 검색하는 방법을 통해 인터넷 환경에서 직접 볼 수 있다.



[그림 6-95] Arc/Info 시스템의 3단계 정보 처리 과정

먼저 첫 번째 단계는 PeMoS 예찰 정보 시스템이 가지고 있는 병해충 자료를 사용자의 질의 조건에 맞게 검색을 하고 이를 다시 Arc/Info 정보 시스템이 인식할 수 있는 데이터 형태로 변환하는 단계이다. 즉, PeMoS로부터 검색되어 생성된 입력 파일명을 입력한 후에 실행 버튼을 선택하면 “Text_to_Dbf” 모듈이 자동적으로 Arc/Info 정보 시스템이 인식할 수 있는 "dbf" 형태의 데이터로 변환한다. 두 번째는 “dbf"로 생성된 자료를 관리자가 UNIX 상에서 Arc/Info 시스템을 실행하여 지

도 형태의 ”병해충 발생 확산 예찰 지도 정보“를 생성한다. 두 번째 과정은 관리자만이 프로그램을 실행할 수 있는 권한이 주어지게 된다. 마지막으로 Arc/Info로부터 생성된 병해충 확산 예찰 지도 정보를 통합 예찰 정보 시스템에 등록하는 과정이다. 이 때 관리자는 일반 사용자가 통합 예찰 정보 시스템에서 Arc/Info에 대한 정보를 질의할 때 사용할 검색 정보를 키워드로 입력하여 예찰 지도 정보와 함께 저장한다.

3. 입/출력 데이터

[그림 6-11]에서 처리되는 과정에서 각 시스템에 입/출력되는 데이터의 종류는 다음 [표 6-2]와 같다.

[표 6-19] Arc/Info 시스템의 3단계 정보 처리 과정에 대한 입/출력 데이타

구분	입력 데이타	출력 데이타	비고
1 단계	1) 검색 조건 데이타 2) PeMoS 병해충 발생 데이터	1) Dbf 파일 (Arc/Info 입력 파일)	
2 단계	1) Dbf 파일 (Arc/Info 입력 파일)	1) 병해충 확산 예찰 지도 정보(gif)	
3 단계	1) 검색 키워드 2) 병해충 확산 예찰 지도 정보(gif)	1) 검색결과 예찰 지도 정보(gif)	

4. 구현 인터페이스

본 연구에서는 Arc/Info 시스템의 정보 처리를 위해 인터넷 환경에서 동작하는 사용자 인터페이스를 설계하였다. 이를 사용하기 위해서는 PeMoS 통합 예찰 정보 시스템의 홈페이지에서 접근할 수 있다. 즉, “기상 예찰 정보“에 대한 접근 경로는 [”http://agribio.gsnu.ac.kr"] -> [사용자 인가] -> [관련정보] 순서로 접근을 하면 된다.

가. 예찰 시각 정보 게시판 접근

1) 직접 접근 경로 :

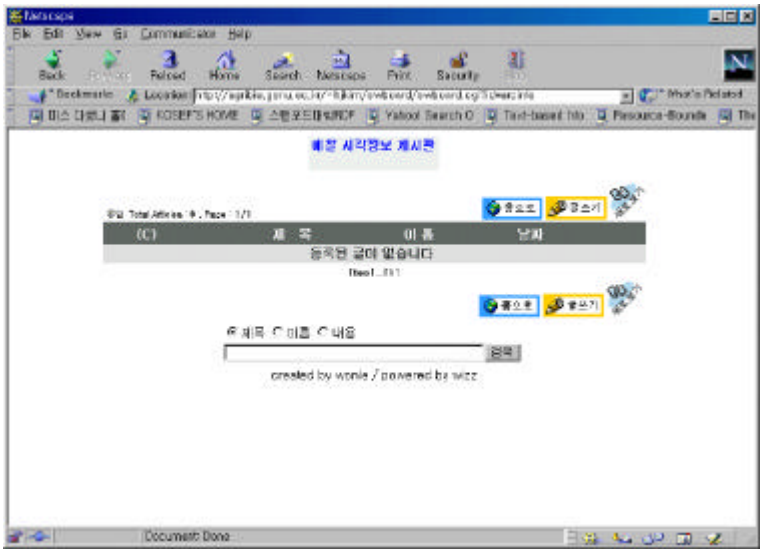
=> http://agribio.gsnu.ac.kr/~hjkim/swboard/weboard.cgi?id=arcinfo

2) PeMoS 홈페이지를 통한 접근 경로

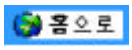
=> [PeMoS 홈페이지] -> [관련정보] -> [기상 예찰 정보]

나. 홈페이지 접근

다음의 [그림 6-12]는 예찰 시각 정보 게시판 홈페이지이다. 이곳에서는 기상 및 병해충에 대한 시각 정보에 대하여 질의하고 그 결과를 볼 수 있는 기능을 제공한다. 예찰 시각정보 게시판의 기능들은 아래와 같이 아이콘으로 표현하였다.



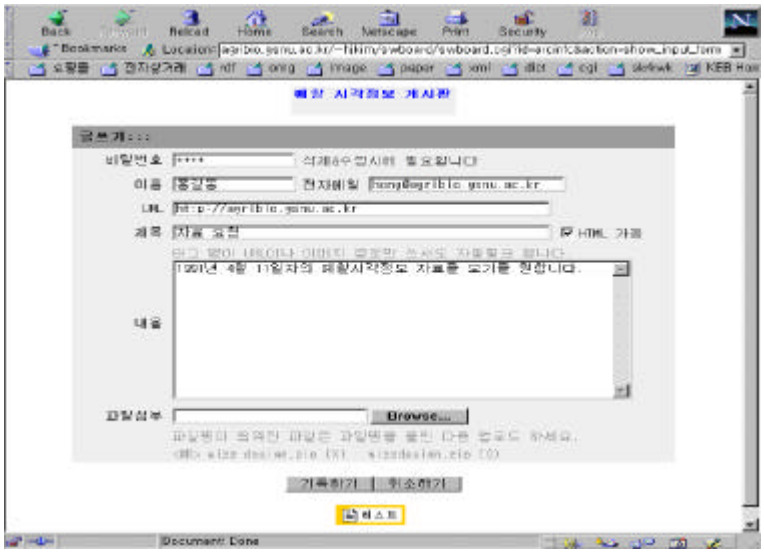
[그림 6-96] 예찰 시각 정보 게시판의 홈페이지

	예찰 시각 정보 게시판의 홈페이지로 이동하는 버튼.
	예찰 시각 정보 게시판의 관리자에게 질의할 수 있는 버튼.
	웹 브라우저의 화면을 재적재해 주는 버튼.

다. 질의하기

일반 사용자가 예찰 시각 정보 게시판의 관리자에게 질의를 하기 위해서는 [그림 6-12]에서 “글쓰기“ 버튼을 선택하면 된다. 이때 질의하는 화면은 [그림 6-13]과 같다.

[그림 6-13]을 통해 사용자는 관리자에게 질의를 할 수 있다. 이때 사용자는 아래의 사항을 필수적으로 기입하여야 한다.



[그림 6-97] 질의 화면

<필수 사항>

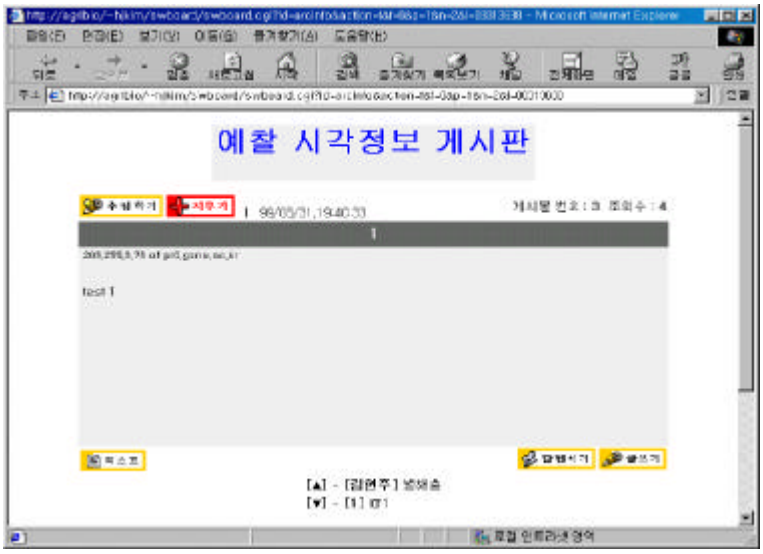
1) **비밀번호** : 질의하는 문서에 대한 비밀 번호이다. 숫자, 문자를 혼합하여지정할 수 있다. 이렇게 하는 이유는 글을 작성한 사람과 관리자만 수정, 삭제 권한을 갖도록 하기 위함이다.
2) **이름** : 관리자에게 질의하는 사람의 이름이다. 이는 누가 질의하는지를 관리자에게 알려주는 역할을 한다.
3) **제목** : 질의하는 문서의 제목(주제)이다.

[그림 6-98] 등록 결과 리스트 페이지

질의 문서를 작성한 후에 “기록하기” 버튼을 선택하면 관리자에게 질의 문서가 전달된다. 작성 도중에 “취소하기” 버튼을 선택하면 지금까지 작성된 내용을 모두 삭제하여 처음부터 다시 작성할 수 있게 한다. [그림 6-14]는 “기록하기“ 버튼을 선택하였을 때 등록된 결과 리스트를 보여주는 화면이다.

라. 응답하기

응답하기는 사용자가 관리자에게 질의된 내용에 대하여 답변을 하는 화면이다. 이를 위해서는 먼저 사용자가 작성한 문서의 내용을 확인하고, 그에 대하여 응답하는 과정으로 처리된다. 다음 [그림 6-15]는 [그림 6-14]에서 3번 문서의 제목을 선택하였을 때 확인을 위해 나타나는 화면이다.

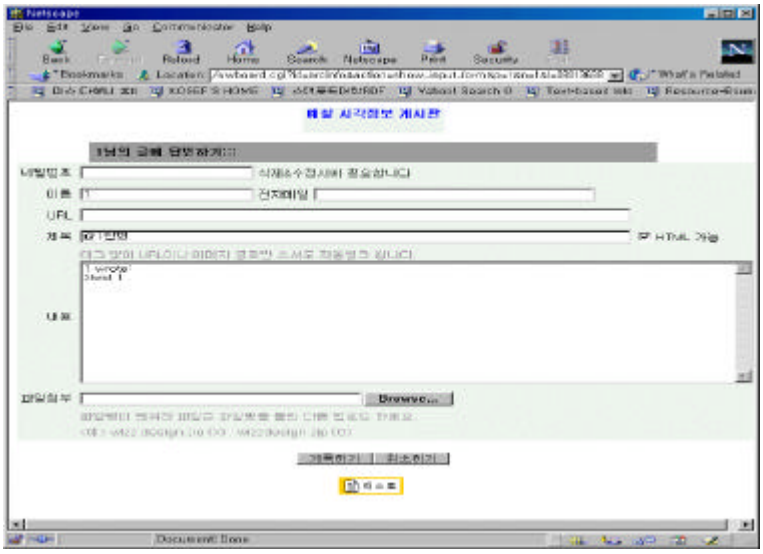


[그림 6-15] 확인하기 페이지

아래는 [그림 6-15]에 나타나는 아이콘 버튼의 기능을 기술하고 있다.

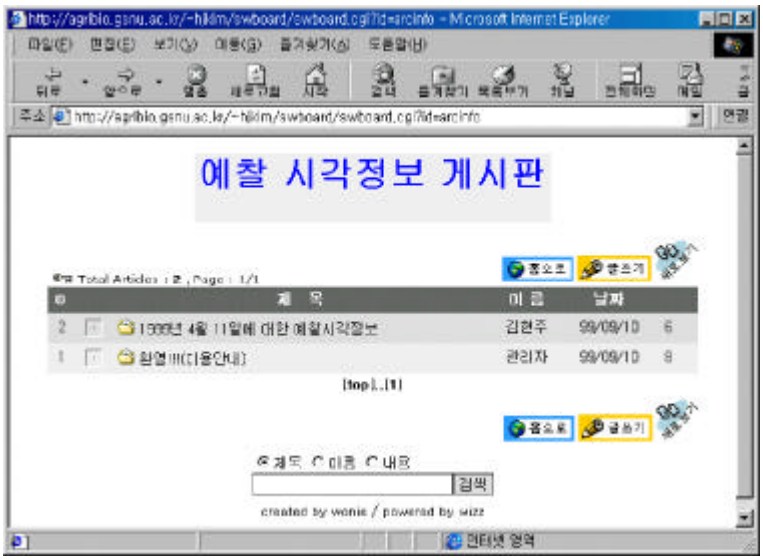
수정하기	질의 내용을 수정할 수 있는 기능을 제공.
지우기	질의 문서의 파일을 삭제하는 기능을 제공.
답변하기	질의에 대하여 답변하는 기능을 제공.
글쓰기	새로운 글을 쓸 수 있는 기능을 제공.
리스트	예찰 시각 정보 게시판의 모든 리스트을 보여줌.

[그림 6-15]에서 "답변하기“ 버튼을 선택하였을 때 나타나는 화면은 [그림 6-16]과 같다.



[그림 6-16] 답변하기 작성 페이지

[그림 6-16]은 답변하기 페이지이다. 이는 [그림 6-13]의 사용자 질의 페이지와 동일한 구조를 가진다. 그러나 [그림 6-13]과 다른 점은 질의한 문서의 내용 정보를 [그림 6-16]에서는 그대로 출력해주고 있는 점이다.



[그림 6-17] 회신 결과 목록 페이지

즉, 질의에 대하여 회신을 하는 것이므로 질의 내용이 화면에 출력된다. 그리고 제목란에는 기본값으로 “손“ 모양의 아이콘을 표시하여 회신이라는 의미를 부여하였다. 이렇게 해당 문서에 대하여 회신을 작성하고 마지막에 있는 ”기록하기“ 버튼을 선택하면 다음의 [그림 6-17]과 같이 회신하고자하는 문서 아래에 계층적인 구조를 통해 목록을 보여준다.

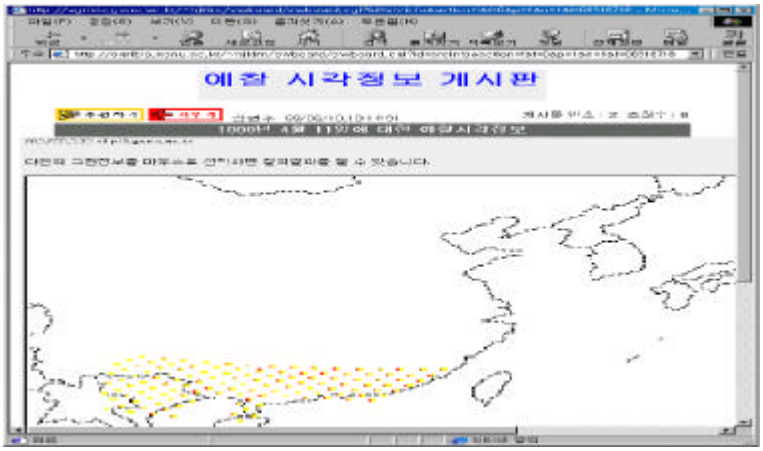
이를 정리해 보면, 응답하기는 다음과 같은 순서로 진행하여 그 결과를 얻을 수 있다.

<**응답하기 처리 순서**>

1) **내용보기** : [그림 6-14]에서 해당되는 문서를 선택한다.
2) **확인하기** : [그림 6-15]에서 “답변하기” 버튼을 선택한다.
3) **회신내용 작성** : [그림 6-16]에서 해당 항목을 작성한다.
4) **기록하기** : [그림 6-16]에서 “기록하기” 버튼을 선택한다.

라. 사용자 결과 보기

관리자는 위의 4단계를 통하여 질의된 문서에 대하여 회신을 한다. 그러면 질의를 한 사용자가 해당 문서를 선택하여 그에 대한 결과를 얻을 수 있다. 다음 [그림 6-18]은 회신되어진 문서를 선택하여 일반 사용자가 결과를 보는 화면이다. 이는 [그림 6-17]에서 병해충 문서 제목을 선택하였을 때 나타나는 결과 화면이다.



[그림 6-102] 질의에 대한 이미지 회신 결과 페이지

제4절 금후의 과제

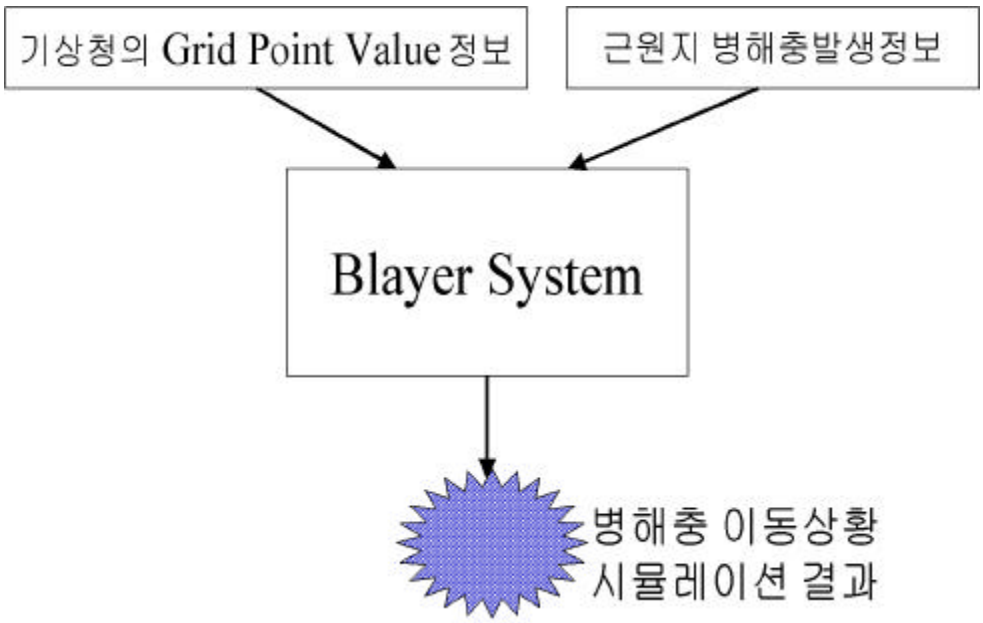
지금까지 시스템 통합에 대해 알아 보았다. 하지만 이들은 비 실시간 정보 교환을 바탕으로 한 느슨한(loosely-coupled) 통합이다. 실제로 시스템이 현장에서 유용하게 사용되기 위해서는 3개의 부시스템들이 보다 강력한(tightly-coupled) 통합이 이루어져야 한다. 따라서, 앞으로 남은 가장 중요한 연구 과제는 본 연구를 통해 적절히 개발되고 필요에 따라 상호 연동될 수 있도록 느슨하게 통합된 3개의 부시스템들을 실시간 DB를 기반으로 하여 강력하게 완전히 통합된 시스템으로 발전시키는 것이다. 즉, (1) 벼에 관련된 장거리 이동성 병해충 특히, 벼멸구의 근원지라고 생각되는 라오스에서 발생된 병해충 정보와 주변 기상 정보를 입력으로 받아 국내외 병해충 발생을 예찰할 수 있게 하는 Blayer 시스템, (2) 병해충 확산을 예상할 수 있는 Arc/Info GIS 모델, (3) 인터넷을 통해 기상 상태와 병해충 발생 정보를 실시간으로 수집해 통계 정보를 제공하여 병해충 피해에 대비할 수 있게 하는 PeMoS 시스템을 실시간 객체 관계형 데이타베이스 시스템을 이용하여 강력하게 완전히 통합함으로써 실시간으로 정보를 연동 서비스할 수 있는 최종 시스템을 개발하는 것이다.

이러한 강력한 통합을 위해서 앞으로 남은 과제들을 좀 더 자세히 살펴보도록 하자. 먼저 각 부시스템의 정보 처리 특성을 알아보고 다음으로 추후 고려되어야 할 사항을 점검해 본다. 그리고, 마지막으로 통합 시스템의 개선을 위해 제안된 모델을 보도록 한다.

우선, 각 부시스템의 정보 처리 특성은 다음과 같다.

(1) Blayer 시스템은 장거리 이동성 병충해 발생 경로 추적 시스템으로 어떤 의미에서 제한된 범위에 적용된 기상 시뮬레이션 응용 시스템이다. 이 시스템에 대한 입력 자료는 병해충 발생 근원지(벼멸구의 경우 라오스로 알려짐)에서의 병해충 발생 정도 및 분포값과 기상 데이타 즉, 바람, 습도, 온도 등의 요소를 표현하는 GPV(Grid Point Value) 형식의 데이타이다. 특히, 기상 데이타는 3차원 공간상의 점들의 분포로서 기상청을 통해 입수되는데 구름 사진 등의 형태를 만들어낼 수 있다. 이 시스템에 의해 시뮬레이션되어 출력되는 결과는 병해충 발생 경로를 지도상에 병해충 구름의 형태로 나타내게 되는데 역시 점의 집합인 수치 데이타와

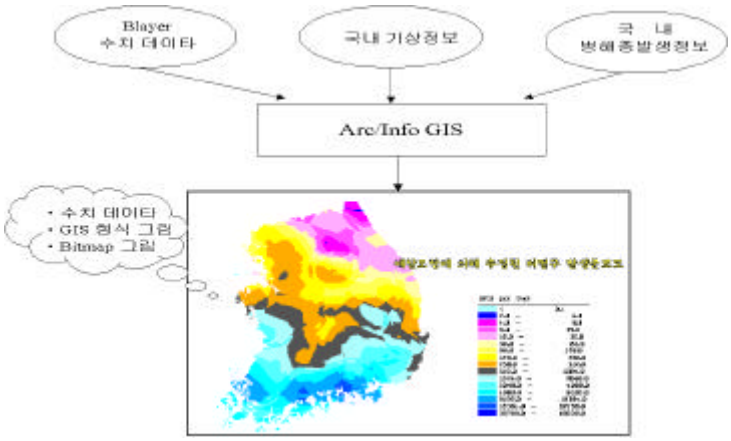
Postscript 파일 형식이고, 이것은 요구에 의해 Bitmap 파일로 변환될 수 있다([그림 6-19] 참조).



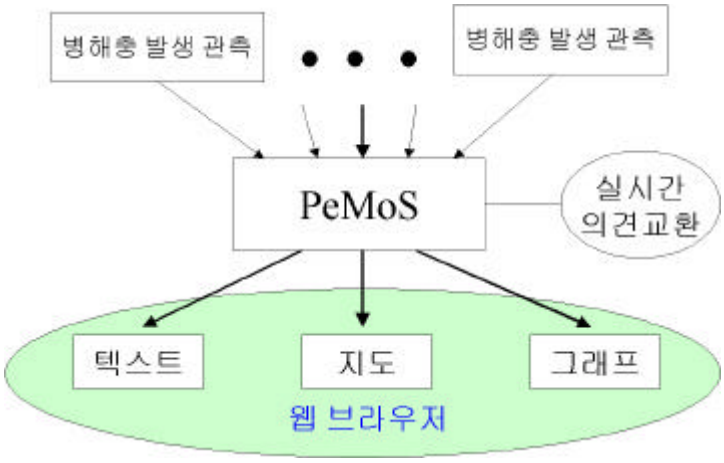
[그림 6-103] Blayer 시스템의 구조

(2) Arc/Info 시스템은 일종의 GIS 시스템으로 원하는 확산 모델에 따라 지리적 분포의 확산 유형을 예찰 시뮬레이션하는 시스템이다. 이 시스템은 Blayer 시스템의 출력 결과 중에서 병해충 발생에 대한 수치 데이타를 입력으로 받아 국내 각 지역에서 수집된 기상 정보와 결합하여 국내에서 해당 병해충의 발생 분포가 어떻게 확산되는가를 GIS 파일 형식의 그림으로 제공해주는 시스템이다([그림 6-20] 참조).

(3) PeMoS 시스템은 각 병해충 발생 조사 지점에서 관측/조사된 관련 자료를 인터넷 환경에서 실시간으로 입력받아 여러 가지 병해충 예상 통계 자료 및 현황 파악에 관한 기초 정보를 역시 인터넷 환경에서 실시간으로 제공하고, 농업 관련 자료 및 의견을 교환할 수 있도록 해주는 정보 서비스 시스템이다([그림 6-21] 참조).



[그림 6-104] Arc/Info GIS 정보 시스템



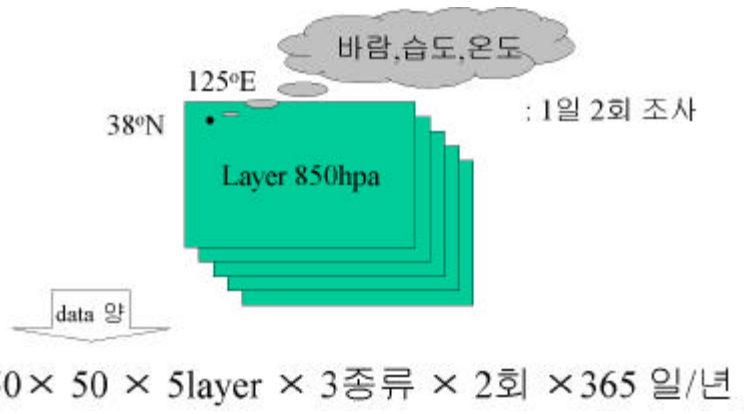
[그림 6-105] PeMoS의 구조

앞에서 살펴본 각 부시스템들은 현재 비록 그 필요에 따라 두 시스템들끼리만 비실시간으로 상호 연동되게 구축되어 있으나, 앞으로 이들 시스템들이 사용하는 각종 정보를 하나의 데이타 모델로 완전히 통합하여 실시간으로 관리하고 기존의 수 작업에 의한 정적인 정보 출력 방식에서 벗어나 웹에 기반을 둔 사용자 인터페

이스를 이용하여 동적으로 정보를 서비스할 수 있도록 하여야 한다.

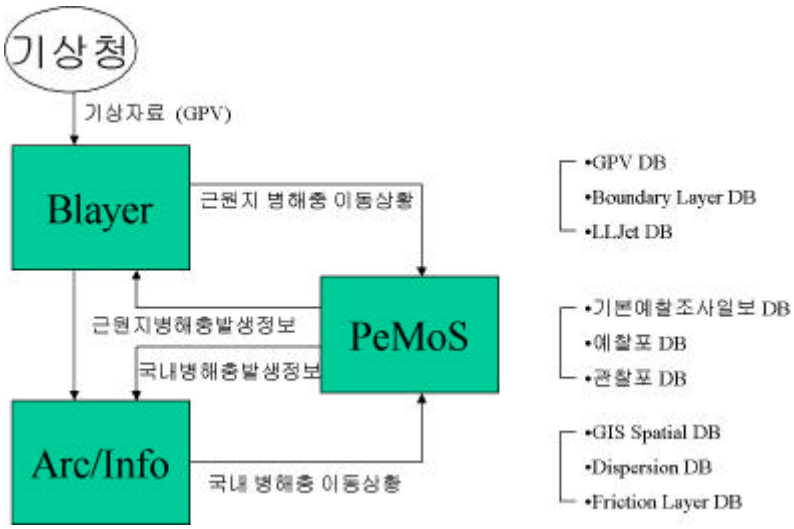
이러한 실시간 통합 정보 시스템이 개발되면 현재 독립적 또는 느슨한 통합 방식으로 사용되던 시스템들이 실시간으로 상호 효과적으로 강력하게 연동되어 입력 데이타의 정확도와 시뮬레이션 결과의 신뢰도가 향상되고 무엇보다 실시간으로 병해충 발생 정보가 예찰되어 서비스될 수 있다. 뿐만 아니라 현재의 각종 정보를 체계적으로 데이타베이스에 누적시켜 기상이나 병해충 발생의 예찰 연구에 더욱 긴밀하게 사용할 수 있고, 시일이 흐를수록 더욱 많은 데이타가 누적되므로 보다 정확한 예찰 모델을 개발할 수 있게 될 것이다.

그런데, 이렇게 앞으로 개발되어야 할 이러한 실시간 통합 정보 시스템에서 관리해야 할 데이타는 텍스트 형태의 데이타 뿐만 아니라 비정형 수치 관련 데이타, GIS 데이타, 과학 실험 모델 관련 데이타들로서 그 양이 방대하고 종류가 다양할 뿐만 아니라 매우 비정형적이다. 예를 들어, Blayer 시스템에 입력되는 기상 데이타의 경우 동남아 지역에 대한 대기의 상태 정보를 나타내어야 하기 때문에 1일 0.5M Byte 정도의 시공간 정보를 발생시키며 구성되는 데이타의 종류도 다양하다 ([그림 6-22] 참조).



[그림 6-106] Blayer 입력 자료의 예

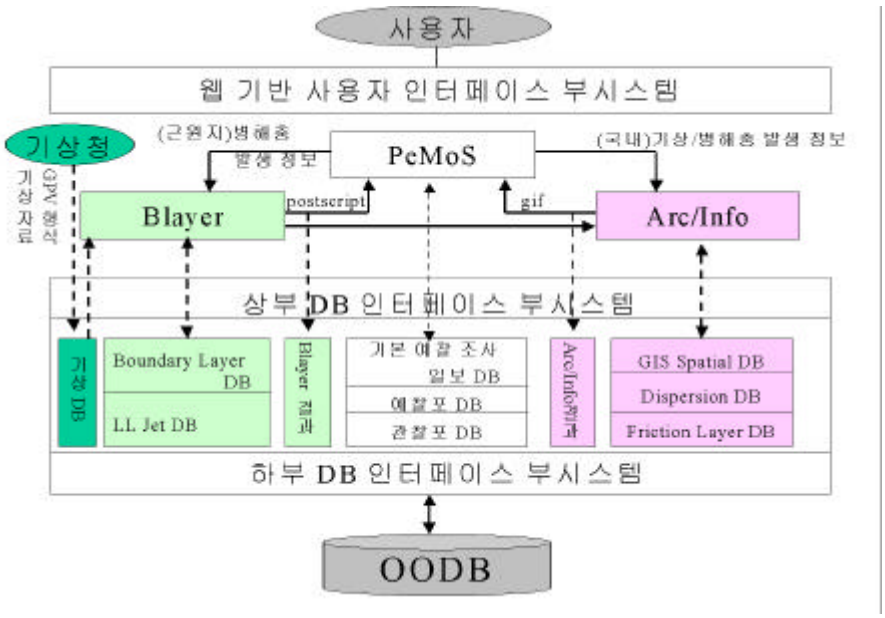
뿐만 아니라 [그림 6-23]에서 보는 것과 같이 각 부시스템들 끼리 매우 다른 형태의 데이타를 상호 연동시켜야 한다.



[그림 6- 107] 시스템간의 입력 데이터의 종류

따라서 이들을 효과적으로 관리하고 연동시키기 위해서는 객체 관계형 데이타베이스 기술을 이용하여 통합하는 것이 효과적일 것이라고 생각한다.

앞으로 개발해야 할 실시간 통합 예찰 정보 관리 시스템의 구조를 생각해 보면 다음의 [그림 6- 24]와 같다.



[그림 6- 108] 실시간 통합 예찰 정보 시스템의 구성도

[그림 6-24]에서 나타나는 실시간 통합 예찰 정보 시스템의 작동 형태는 다음과 같다. 우선 기상청에서 기상 자료를 입력하면 이 자료가 기상 DB로 구축됨과 동시에 GPV 형식의 데이타로 변환되어 Blayer 시스템으로 전송되고, PeMoS 시스템의 국제 홈페이지로부터 입력되는 병해충 발생 정도에 대한 자료 역시 Blayer 시스템으로 입력된다. 이러한 데이타를 기반으로 Boundary Layer DB와 LL Jet DB가 구축되어 필요에 따라 Blayer 시스템에서 호출하여 사용하기도 한다. 이때 출력 결과로서 나오는 병해충 이동 상황에 대한 시뮬레이션 결과는 PeMoS 시스템을 통해 인터넷상에서 텍스트 또는 그림의 형태로 서비스되며, Arc/Info 시스템의 입력 자료가 된다.

Arc/Info 시스템은 Blayer 시스템의 결과 수치와 PeMoS 시스템으로부터 국내 기상 발생 자료 또는 국내 병해충 발생 자료를 입력받아 GIS Spatial DB, Dispersion DB, 그리고 Friction Layer DB를 구축하면서 GIS 형식의 그림을 그릴 수 있는 수치 데이타를 출력하게 되고 일반 사용자에게는 PeMoS 시스템을 거쳐 인터넷으로 서비스된다.

PeMoS 시스템은 두 시스템으로부터 들어오는 자료 덕분에 각 예찰소에서 기상 자료를 입력해야 하는 부담이 줄어들게 되고 장거리 이동성 병해충에 대한 데이타를 전담하여 관리할 수 있게 된다. PeMoS 시스템은 각 예찰소로부터 인터넷을 통해 입력받은 자료를 이용하여 기본 예찰 조사 일보 DB, 예찰포 DB, 그리고 관찰포 DB를 구축하며, Blayer 시스템과 Arc/Info 시스템에서 시뮬레이션되어 나오는 결과인 병해충 이동 및 확산 상황에 대한 정보를 텍스트, 지도, 그래프 등의 다양한 형태로 사용자들에게 서비스한다.

이러한 실시간 통합 예찰 정보 시스템의 개발을 위해서는 (1) 기존에 사용중인 Blayer 시스템과 Arc/Info 시스템의 논리적 데이타 구조를 통합하고, (2) PeMoS 시스템과 연동시킬 수 있도록 통합 데이타 모델을 고안하며, (3) 이를 지원하는 데이타베이스를 설계해야 한다. 그리고 (4) 이 데이타베이스와 각 시스템들과의 결합을 위해 다양한 데이타베이스 접근 모듈들을 개발해야 한다. 이때 특히 각 시스템들이 데이타베이스의 구조에 투명하도록 개방형 미들웨어로 구성되어야 한다.

한편 개발될 실시간 통합 정보 시스템에서 관리될 데이타 중 기상 자료, 병해충 발생 자료 등을 구성하는 시공간 데이타는 점, 선, 영역 등으로 분류되어 그 크기

가 방대하고 데이타를 수집하는데 많은 비용이 소모되며, 데이타 타입이 복합 객체로 구성되어 시공간 연산 및 시공간 관계가 수치 연산이나 수치 관계보다 복잡하다. 따라서 시공간 데이타를 처리하는데는 많은 계산과 추론을 요한다.

최근 들어 인터넷은 접근하기 쉬운 사용자 인터페이스와 광범위한 접속성 때문에 지리 정보 데이타와 관련된 응용 프로그램을 접근하고 지리 정보 데이타를 효율적으로 공유하는 수단으로도 점차 각광을 받고 있다. 이때 인터넷 공간 데이타 검색 시스템은 지리 정보 데이타에 대한 접근, 전송, 분석 및 공간 데이타를 표현하는 수단이다. 인터넷을 이용함으로써 전통적인 GIS 소프트웨어가 가지는 기능은 물론 인터넷 및 그와 관련된 WWW 및 HTTP 프로토콜의 장점을 가지는 부가 기능들을 포함할 수 있게 된다. 이들 부가적인 기능은 원격 데이타 및 응용 프로그램을 교환할 수 있게 하며, 지역 컴퓨터에서 시공간 데이타 검색 프로그램 없이 GIS 분석 기능을 수행할 수 있게 한다. 뿐만 아니라, 인터넷상에서 상호 작용하는 시공간 데이타를 표현하는 기능을 효과적으로 수행할 수 있게 한다. 특히 Java를 이용하여 개발되는 동적 인터넷 데이타 검색 시스템은 GIS 분석 및 데이터 처리를 클라이언트 웹 브라우저에서 실행하므로 그래픽이나 지도 데이타를 생성하고 디스플레이하는 데 있어 좀더 유연한 장점을 가지고 있다. 또한 Java는 기계 중립적 언어로 설계되어 있어 개발자가 다양한 플랫폼을 고려하지 않아도 된다. 따라서 앞으로 이러한 기술들을 실시간 통합 예찰 정보 시스템의 개발에 적극 활용해야 할 것이다.

참고문헌

Asahina, S. & T. Tsruoka (1986) Record of the insects which visited a weather ship located at ocean weather station Tango on the Pacific. *Konchu* 36, 190-202.

Bowers, K., T. LaQuey, J. Reynolds, K. Roubicek, M. Stahl, and A. Yuan (1990) Where to Start - A Bibliography of General Internetworking Information. RFC 1175, FYI 3, CNRI, U Texas, ISI, BBN, SRI, Mitre, August 1990.

Bui V.I. (1991) The occurrence and migration of brown planthopper in Vietnam. pp. 183-204 in National Institute of Agro-Environmental Sciences (*Ed.*) *Proceedings of the International Seminar on Migration and Dispersal of Agricultural Insects*, September 1991, Tsukuba, Japan.

Campbell, D., and M. Campbell (1995) The Student Guide to Doing Research on the Internet. Addison Wesley. 349pp.

Chang, W.Z., Tabashnik, B.E., Artelt, B., Malvar, T., Ballester, V., Ferre, J. & , G.K. Roderick (1997) Mitochondrial DNA variation among geographic strains of diamondback moth (Lepidoptera : Plutellidae). *Annals of the Entomological Society of America.* 90, 290-595.

Chen, Y.-L., X.A. Chen. and Y.-X. Zhang (1994) A diagnostic study of the low-level jet during TAMEX IOP 5. *Monthly Weather Review*, 122, 2257-2284.

Cheng, C.H. (1991) Trans oceanic immigrations of brown planthopper and their influence on the population abundance in Taiwan. pp. 167-181 in National Institute of Agro-Environmental Sciences (*Ed.*) *Proceedings of the International Seminar on Migration and Dispersal of Agricultural Insects*, September 1991, Tsukuba, Japan.

Cheng, C.H. (1997) Overseas immigration and population trend of migratory insect pests of rice in Taiwan. pp. 58-93 in China National Rice Research Institute (*Ed.*) *Proceedings of China-Japan Joint Workshop on "Migration and Management of Insect Pest of Rice in Monsoon Asia"*, November 27-29, 1997, Hangzhou, P.R. China.

Comer, D. (1989) Internetworking with TCP/IP: Principles, Protocols, and Architecture. Prentice Hall, New Jersey, 1989.

Davies, N., Villablanca, F.X. & G.K. Roderick (1999) Determining the sources of individuals in recently founded populations: multilocus genotyping in non-equilibrium genetics. *Trends in Ecology and Evolution* 14, 17-2.

Demayo, C.G., Saxena, R.C. & A.A. Barrion (1990) Allozyme variation in local population of the brown planthopper *Nilaparvata lugens* (St?) in the Philippines. *Philippine Entomology* 8, 737-748.

Follett, P.A. & G.K. Roderick (1996) Genetic estimates of dispersal ability of the *Leucaena* psyllid predator *Curinus coeruleus* (Coleoptera: Coccinellidae): implications for biological control. *Bulletin of Entomological Research* 84, 355-361.

Hahn, H. & R. Stout (**이재광 역**). 1994. Internet **완벽해설서**. **이한출판사**, 812pp.

Haynes, D. L. and R. L. Tummala (1976) Development and use of predictive models in the pest management of sereal leaf beetle populations. In Modeling for Pest Management. Michigan State Univ., E. Lancing, MI.

Hoshizaki, S. (1994) Detection of isozyme polymorphism and estimation of geographic variation in the brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (Stal) (Homoptera: Delphacidae). *Bulletin of Entomological Research* 84, 502-508.

Hsu, W-R., and W-H. Sun (1994) A numerical study of a low-level jet and its accompanying secondary circulation in a Mei-Yu system. *Monthly Weather Review*, 122, 324-340.

Hudson, R.R., Boos, D.D. & N.L. Kaplan (1992) A statistical test for detecting geographic subdivision. *Molecular Biology and Evolution* 9, 138-151.

Jones, P.L., Gacesa P. & R.K. Butlin (1996) Systematics of brown planthopper and related species using nuclear and mitochondrial DNA. Pp. 133-148 in W.O.C. Symondson & J.E. Liddell (Eds.) The ecology of agricultural pests. Chapman & Hall, London.

Kalnay, E., M. Kanamitsu, R. Kistler, W. Collins, D. Deaven, L. Gandin, M. Iridell, S. Saha, G. White, J. Woollen, Y. Zhu, M. Chelliah, W. Ebisuzaki, W. Higgins, J. Janowiak, K. C. Mo, C. Ropelewski, J. Wang, A. Leetmaa, R. Reynolds, R. Jenne & D. Jospeh (1996) The NCEP/NCAR 40-year reanalysis project. *Bull. Amer. Meteor. Soc.*, 77, 437-471.

Kisimoto, R. & K. Sogawa (1995) Migration of the brown planthopper *Nilaparvata lugens* and the white-backed planthopper *Sogatella furcifera* in East Asia: the role

of weather and climate. pp. 67-91 in V.A Drake & A.G. Gatehouse (*Eds.*) *Insect Migration: Tracking resources through Space and Time.* Cambridge University Press

Kisimoto, R. (1976) Synoptic weather condition including long-distance immigration of planthopper, *Sogatella furcifera* Horvath and *Nilaparvata lugens* Stal. *Ecological Entomology* 1, 95-109.

Krol, E. (1989) The Hitchhikers Guide to the Internet. RFC 1118, University of Illinois Urbana, September 1989.

Kuo, Y.-H., and G. T.-J. Chen (1990) The Taiwan Area Mesoscale Experiment (TAMEX): An overview. *Bulletin of the American Meteorological Society*, 71, 488-503.

Manetsch, T. J. (1976) Time-varying distributed delays and their use in aggregative models of large systems. In IEEE Transaction on *Systems, Man, and Cybernetics. SMC*-6:547-553.

Manetsch, T. J. and G. L. Park (1978) Systems Analysis and Simulation with Applications to Social Systems, Part II. Dev. of Engineering Research, Michigan State University, East Lansing MI. 194pp.

McCorcle, M. D. & J. D. Fast (1989) Prediction of pest distribution in the corn belt: A meteorological analysis. Preprints American, Meteorological Societys *Ninth Conference on Biometeorology and Aerobiology*, Charleston, South Carolina, 298-301.

McCorcle, M. D. (1988) Simulation of surface moisture effects on the great plains low-level jet. *Monthly Weather Review*, 116, 1705-1720.

Mun J.H., Y.H. Song, K.L. Heng, and G.K. Roderick. (1999) Genetiv variation among Asian populations of rice planthoppers, *Nilaparvata lugens* and *Sogatella furcifera* (Hemiptera: Delphacidae): mitochondrial DNA sequences. *Bulletin of Entomological Research* 89, 245-253.

Nei, M. (1987) *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.

Neigel, J.E. & Avise, J.C. (1985) Phylogenetic relationships of mitochondrial DNA under various demographic models of speciation. In *Evolutionary Processes and Theory* (ed. S. Karlin and E. Nevo), pp. 515-534. Academic Press, New York.

Palumbi, S.R., Martin, A., Romano, S., McMillan, W.O., Stice, L. & Grabowski, G. (1991) *The Simple Fool's Guide to Polymerase Chain Reaction*, 2.0 edition. Spec.

Publ. Department of Zoology, University of Hawaii, Honolulu.

Park, J.S. (1973) Studies on the recent occurrence tendency of major insect pest on rice plant. *Env. Res. in Commemoration of Dr. Kim's 60th birthday*. pp. 91-102.

Roderick, G.K. (1996) Geographic structure of insect population: gene flow, phylogeography, and their uses. *Annual Review of Entomology* 41, 263-290.

Roff, D.A. & P. Bentzen (1989) The statistical analysis of mitochondrial DNA polymorphisms: c2 and the problem of small samples. *Molecular Biology and Evolution* 6, 539-545.

Simon, C., Prati, F., Beckenbach, A., Crespi, B., Liu, H., & P. Flook (1994) Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene severances and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Annals of the Entomological Society of America* 87, 651-701.

Sogawa, K. (1995) Windborn displacements of the rice planthoppers related to the seasonal weather patterns in the Kyushu district. *Bull. Kyushu Natl. Agric. Exp. Stn*., 28, 219-278.

Sogawa, K. (1997) Overseas immigration of rice planthoppers into Japan and associated meteorological systems. pp. 13-35 in China National Rice Research Institute (*Ed.*) *Proceedings of China-Japan Joint Workshop on "Migration and Management of Insect Pest of Rice in Monsoon Asia"*, November 27-29, 1997, Hangzhou, P.R. China.

Song, Y. H. (1992) Pest Surveillance in Korea - Organization and Function. In Reports of a Workshop on "Pest Surveillance and Forecasting Systems in Rice Pest Management Decisions", 21-23 December 1992, Muda Agricultural Development Authority Headquarters, Alor Setar, Mlaysia.

Song, Y. H. (1995) Risk Assessment for the Monsoonic Migratory Pests of Rice in Korea. Pages 101-112 in N. Hokyo and G. Norton eds., Proceedings of International Workshop on the Pest Management Strategies in Asian Monsoon Agroecosystems, November 15-18, 1995, the Kyushu National Agricultural Experiment Station, Kumamoto, Kyushu, Japan.

Song, Y. H. (1997) Inernet Pest Surveillance System. Presented at the "Review and Planning Workshop for Rice IPM Network", July 14-18, 1997, Hai-Hua Hotel Hangzhou, P.R. China

Song, Y. H. (1997) "International Pest Surveillance Using Internet". Presented at the

"International Symposium on Integrated Pest Management in Rice-Based Ecosystem", October 20-24, 1997, Guangzhou, P.R. China

Song, Y. H. (1998) The variation of mitochondrial DNA sequences among geographic populations of rice planthoppers, Nilaparvata lugens (Stal) and Sogatella furcifera Horvath (Homoptera: Delphacidae), from Asian rice area Presented at the "Rice IPM Network: Review and Planning Workshop for Themes and II, 17-20 June 1998, Long Beach Cha-Am Hotel, Petchaburi, Thailands

Song, Y. H., K. L. Heong, A. Lazaro, and K. S. Yeun (1992) Use of geographical information system in analyzing large area movement and dispersal of rice insects in South Korea. In proceedings of "International Rice Research Conference", held in 21-25 April 1992 at the International Rice Research Institute, Los Banos, Philippines.

Song, Y.H. & K.L. Heong (1993) Use of geographical information system in analyzing large area distribution and dispersal of rice insects in South Korea. *Korean J. Appl. Entomol.* 32(3): 307-316.

Song, Y.H. (1986) The factors affecting brown planthopper outbreaks in Korea. Report presented at the 2nd International Conference on Plant Protection in the Tropics. Genting Highlands Hotel, Kuala Lumpur, Malaysis, 17-20 March 1986.

Song, Y.H. (1996) Risk Assessment for the Monsoonic Migratory Pests of Rice in Korea. pp. 101-112 in N. Hokyo & G. Norton (*Eds.*) *Proceedings of International Workshop on the Pest Management Strategies in Asian Monsoon Agroecosystems*, November 15-18, 1995, Kyushu National Agricultural Experiment Station, Kumamoto, Japan.

Song, Y.H. (1998) Climate Change and Rice Arthropod Communities, Presented at "the First International Symposium on the Geoenvironmental Changes and Biodiversity in the Northeast Asia", November 16-19, 1998, Seoul Korea.

Turner, R. W. (1993) The impact of climate change on the Great Plains low-level jet. *Ph.D. dissertation*, Iowa State University, Ames, Iowa, USA.

Turner, R., Y. H. Song, K. B. Uhm (1999) Numerical model simulations of Brown planthopper *Nilaparvata lugens* and White_backed planthopper *Sogatella furcifera* migration. *Bulletin of Entomological Research* 90, 000-000 (in press).

Turner, R.W. (1997) Boundary Layer Atmospheric Model (BLAYER) for simulating the long range migration of rice planthoppers in east Asia. *The Progress Report for*

"*International Pest Surveillance using the Internet*", August 13, 1997, National Institute of Water and Atmospheric Research, New Zealand. Unpublished.

Uhm, K.B., Park, J.S., Lee, Y.I., Choi, K. M., Lee, M.H., & Lee, J.O. (1988) Relationship between some weather conditions and immigration of the brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (St?). *Korean Journal cf Applied Entomology* 27, 200-210.

Villablanca, F.X., Roderick, G.K. & S.R. Palumbi (1998) Invasion genetics of the Mediterranean fruit fly: variation in multiple nuclear introns. *Molecular Ecology* 7, 547-560.

Watanabe, T., and H. Seino, C. Kitamura, and Y. Hirai (1990) A computer program, LLJET, utilizing an 850 mb weather chart to forecast long-distance rice planthopper migration. *Bull. Kyushu Natl. Agric. Exp. Stn.*, 26, 215-222.

Weir, B.S. & C.C. Cockerham (1984) Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38, 1358-1370.

Weir, B.S. (1996) Intraspecific differentiation. In *Molecular Systematics* (ed. D.M. Hillis, C. Moritz and B.K. Mable), pp. 385-405. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.

강현석, 배종민, 장 훈, 김현주, 류은정, 정재희, 송유한 (1999) "**장거리 이동성 해충류의 인터넷 조기 경보 시스템**," **한국소프트웨어 진흥협회, 프로그램 등록증서 제** 54470 **호**, 1999. 6. 4.

강현석, 송유한 (1999)"**웹 기반의 병해충 발생 예찰 정보관리 체계와 활용**," **농업의 지식산업화를 위한 정보기술이용 심포지움**, pp. 93-113.

김현욱 (1994) Internet**을 통한 농-생물학 정보의 활용**. **한국정보기술연구회**, 29pp.

김현주, 장 훈, 허진용, 류은정, 배종민, 강현석, 송유한 (1997) "**웹 기반 병해충 예찰 정보 시스템에 관한 연구**," J. of Comp. REs. Dev. Vol. 12, pp. 105-115.

류은정, 김현주, 강현석 (1998)"**인터넷 환경에서의 벼 병해충 예찰 정보 시스템**," **한국멀티미디어학회지 제**2**권 제**1**호**, pp. 92-101.

배순도. 송유한. 박영도 (1987) **온도조건이 벼멸구의 발육 및 산란에 미치는 영향**. **한국식물보호학회지** 26(1):13-23.

송유한 (1986) **병해충 발생예찰정보 전산화를 위한 시스템 개발 연구**. 1986 **농시논문집**(산학협동편): 401-417(1986).

송유한 (1987) **병해충기본에찰 조사일보및 병해충발생보고자료의 전산입력과**

요약프로그램 개발에 관한 연구. 1987 농시논문집(산학협동편) 30: 499-507.

송유한 (1988) 주요작물의 병해충관찰포 조사자료의 전산화 관리 프로그램의 개발. 1988 농시논문집(산학협동편) 31:513-544.

송유한 (1990) 벼 예찰포 병해충 발생조사자료의 전산화 관리 프로그램 개발연구. 농시논문집(산학협동편) 33:653-661.

송유한 (1991) 전자계산기를 활용한 병해충의 발생예찰. 松庭 玄在善교수 정년퇴임 기념 "應用昆蟲學論叢" 338-370면. 서울대학교 농과대학 농생물학과 동창회.

송유한 (1992) 전산화된 모델을 활용한 병해충 방제전략. '92 慶南農振심포지엄, pp.59-84.

송유한 (1995) 지리정보처리시스템(GIS)의 농업적 이용. 농업과 정보기술 4권 2호: 57-66.

송유한 (1996) 컴퓨터의 기초이론과 실제이용. 경상대 농업전문경영자과정 교재, 150pp.

송유한 (1997) 지리정보처리체계(Geographical Information System: GIS)를 활용한 농작물 병해충 발생위험지역 예측의 자동화에 관한 연구, 학술진흥재단 '93 자유공모과제 최종보고서.

송유한, "Internet을 활용한 병해충 발생예찰," 경상대학교 개교50주년 기념 심포지움, pp. 415-445, 1998.

송유한, 김창효 (1988) 벼의 안정생산과 해충방제. `88 농진청 심포지움 5, 영남지역 미맥 생산성 향상. 농촌진흥청 영남작물시험장. pp.158-169.

송유한, 박영도 (1986) 농작물병해충발생 예찰정보 전산화관리체계. '86 농업과학 심포지움 첨단과학기술과 농업혁신. pp.163-174.

송유한, 배종민, "농업기술개발의 효율화를 위한 인터넷 이용(Internet as a Companion of Agricultural Research and Development)," 농업과 기술정보 제6권 제1호, pp. 25-42, 1997.

송유한, 엄기백, R. Turner (1997) 장거리 이동성 해충의 Internet 조기경보체계 개발 (1): 벼멸구의 지역적 변이 및 이동의 근원에 관한 유전학적 기상학적 검토. 1997년도 한국곤충학회-한국응용곤충학회 추계합동학술발표대회 (1997년 11월 1일 동국대학교) 프로그램 및 발표논문초록, p. 40.

송유한, 최승윤, 현재선, 김창효 (1983) 이화명나방 발생의 Phenological Simulation에 관한 연구. 한국식물보호학회지 21(4):200-206

장 훈, 류은정, 김현주, 배종민, 강현석, 송유한, “농작물 병해충의 예찰을 위한 통합 정보 시스템의 개발,” 한국멀티미디어학회 춘계학술발표논문집, pp. 16-21, 1998.

별책부록 목차

주 의

1. 이 보고서는 농림부에서 시행한 농림특정연구사업의 연구보고서입니다.

2. 이 보고서 내용을 발표할 때에는 반드시 농림부에서 시행한 농림특정연구사업의 연구결과임을 밝혀야 합니다.

3. 국가과학기술 기밀유지에 필요한 내용은 대외적으로 발표 또는 공개하여서는 아니됩니다.