

작물모형의 생물계절 및 잠재수량 예측력 개선 방법 탐색: 1. 유전 모수 정보 향상으로 콩의 개화시기 및 잠재수량 예측력 향상이 가능한가?

정유란^{1*} · 신평² · 서명철²

¹APEC 기후센터, 응용사업부, 응용사업팀,

²농촌진흥청 국립식량과학원, 작물재배생리과 기후변화대응연구실

(2017년 6월 12일 접수; 2017년 9월 11일 수정; 2017년 9월 17일 수락)

Exploring Ways to Improve the Predictability of Flowering Time and Potential Yield of Soybean in the Crop Model Simulation

Uran Chung^{1*}, Pyeong Shin² and Myung-Chul Seo²

¹Climate Application Department, Climate Application Team, APEC Climate Center, Busan

²Climate Change Assessment Research Lab., National Institute of Crop Science, RDA, Jeonju

(Received June 12, 2017; Revised September 11, 2017; Accepted September 17, 2017)

ABSTRACT

There are two references of genetic information in Korean soybean cultivar. This study suggested that the new seven genetic information to supplement the uncertainty on prediction of potential yield of two references in soybean, and assessed the availability of two references and seven genetic information for future research. We carried out evaluate the prediction on flowering time and potential yield of the two references of genetic parameters and the new seven genetic parameters (New1~New7); the new seven genetic parameters were calibrated in Jinju, Suwon, Chuncheon during 2003-2006. As a result, in the individual and regional combination genetic parameters, the statistical indicators of the genetic parameters of the each site or the genetic parameters of the participating stations showed improved results, but did not significant. In Daegu, Miryang, and Jeonju, the predictability on flowering time of genetic parameters of New7 was not improved than that of two references. However, the genetic parameters of New7 showed improvement of predictability on potential yield. No predictability on flowering time of genetic parameters of two references as having the coefficient of determination (R^2) on flowering time respectively, at 0.00 and 0.01, but the predictability of genetic parameter of New7 was improved as R^2 on flowering time of New7 was 0.31 in Miryang. On the other hand, R^2 on potential yield of genetic parameters of two references were respectively 0.66 and 0.41, but no predictability on potential yield of genetic parameter of New7 as R^2 of New7 showed 0.00 in Jeonju. However, it is expected that the regional combination genetic parameters with the good evaluation can be utilized to predict the flowering timing and potential yields of other regions. Although it is necessary to analyze further whether or not the input data is uncertain.

Key words: soybean, genetic characteristics, crop model, uncertainty, climate change



* Corresponding Author : Uran Chung
(uchung@apcc21.org)

I. 서 언

인위적으로 다른 기온 환경, 즉 온도 구배 환경을 만든 온실이나 인공 환경실(chamber)에서 작물의 생육반응을 살펴보는 연구는 오래 전부터 진행되어 왔다. FACE(Free-Air CO₂ Enrichment) experiment program은 자연 환경조건에서 인위적인 온실가스(예, 이산화탄소) 농도 변화를 통해 작물의 생육반응 연구를 진행해온 대표적인 사례이다. 우리나라에서도 미래 기후변화에서 작물의 생육반응에 대한 불확실성 염려가 증가되고 있는 가운데, IT 기술과 예전 연구보다 향상된 인공 환경실에서 훨씬 상세하게 미래 기후조건을 만들어 미래 기후변화 조건에서 작물의 생육반응을 바로 탐색하고자 하는 연구가 진행 중이다(<https://www.gov.kr/portal/ntnadmNews/1090455>; <http://www.rwn.co.kr/news/articleView.html?idxno=40329>) 라는 소식은 매우 고무적이다.

기후모형에서 예측된 기후정보로부터 작물의 생육반응을 탐색하기 위해서는 작물모형이 필요하다. 70년대부터 작물모형에 대한 기초연구는 활발히 이루어졌으며, 해외에서는 많은 실용적인 모형들이 개발되어 왔다. 그러나 우리나라에서는 외국으로부터 도입된 모형을 우리나라 작물 재배 조건에 맞추기 급급하였으며 문제 해결에 적용되는 응용연구 등에 성과가 있을 뿐이다(Kim *et al.*, 2004). 벼 작물에 대한 작물모형 기초 및 응용 연구는 발작물에 대한 작물모형 기초연구보다 많이 진행되어왔다(Cho *et al.*, 1999; Kim *et al.*, 2002; Lee *et al.*, 2012; Hong *et al.*, 2012; Lee *et al.*, 2015a; Lee *et al.*, 2015b). 특히 Lee *et al.* (2012)은 Oryza2000를 남한 벼 품종에 맞게 개선함으로써 벼 수량 예측성을 크게 향상시켜 수확시기 이전에 그 해 전국에 대한 벼의 생산량을 예측할 수 있게 되었다. 이와 같이 벼 생육모형 시뮬레이션으로부터 신뢰성 있는 정보를 예측할 수 있도록 국내 품종의 유전적 정보 혹은 관측 생물계절(예, 관측 개화시기, 혹은 관측 성숙기 정보 등) 및 관측 재배 정보들이 비교적 충분하다.

최근 미래 물 부족에 대비하여 발작물의 토양수분 스트레스 연구라든가 미래 기후조건과 같은 기온 및 온도 구배를 가진 인공 환경실에서의 발작물 생육반응 연구, 혹은 발작물의 생육모형을 통해 미래 기후변화 시나리오에 대한 생산성 평가 등에 대한 연구가 진행 중이다(농촌진흥청, 2014; <https://www.gov.kr/portal/ntnadmNews/1090455>; <http://www.rwn.co.kr/news/articleView.html?idxno=40329>).

그러나 발작물 특히, 콩이나 옥수수과 같은 작물의 생육모형 구동에 필요한 토양 정보뿐만 아니라 품종별 유전 정보 혹은 이러한 유전 정보를 도출하는 데 필요한 관측 수량부터 재배 및 생물계절 정보에 이르기까지 작물모형 연구를 위한 국내 데이터베이스를 구축하기에는 여전히 관련 연구가 부족하다.

토양 및 유전 정보에서부터 기후 자료에 이르기까지 입력 정보에 대한 불확실성을 완벽하게 해소할 수 없다. 그럼에도 불구하고, 발작물의 작물모형 기초 연구의 한걸음 도약하고, 언급된 염려들(예, 오차, 불확실성)에 대해 본 연구에서 단계적으로 해결할 수 있는 방법들에 대해 논의해 보고자 한다. 단계적으로 해소 혹은 분석된 자료들의 불확실 정도에 대한 정보가 있다면 미래 기후변화 시나리오 전망에 따른 작물의 생산성 예측에 대한 불확실 정도도 단계적으로 분석될 수 있을 것으로 기대한다. 그래서 본 연구에서는 이미 연구된 유전 정보에 대한 불확실 정도를 알고 다음 후속 연구에 활용 가능성을 알아보기 위해 기존 유전 정보를 바탕으로 잠재수량 및 생물계절(예, 개화시기)의 예측을 향상시킬 수 있는 방법들에 대해 모색해 보고자 수행됐다.

II. 재료 및 방법

2.1. 작물모형: CROPGRO-Soybean

본 연구에서는 Kim *et al.* (2012)와 Chung *et al.*, (2016)이 사용한 DSSAT (Decision Support System for Agrotechnology Transfer) package 4.6 version에 포함된 콩 생육모형인 CROPGRO- Soybean을 사용했다.

2.2. 연구지역 및 관측기후 정보

지역 적응 및 작황시험장에도 기상 관측소를 운영하고 있지만, 본 연구에서는 후속 연구로 전지구 기후모형의 미래 기후변화 시나리오 전망에 따른 작물의 잠재 수량의 변화 및 불확실성 정도를 탐색하고 있기 때문에, 기상청의 표준기상관측소(Automated Surface Observing System, ASOS)의 기상자료를 작물모형에 입력하여 작물의 생육반응을 탐색한 후, 표준기상관측소의 상세화된 미래 기후변화 시나리오 전망자료로부터 작물의 미래 생산량의 변화를 탐색하기 위해 기상청의 표준기상관측소의 자료를 활용한 것이다. 6지점

(대구, 진주, 밀양, 전주, 수원, 춘천)에 대하여 2003년부터 2013년까지의 관측 기후자료를 기상청 표준기상 관측소로부터 수집하였다(Fig. 1).

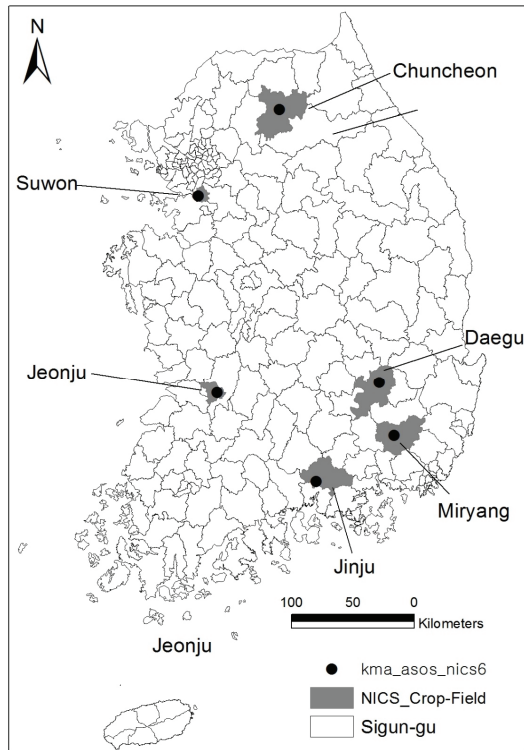


Fig. 1. A map shows that crop fields where phenology and harvest information of Taegwang were collected and weather stations of KMA (Korean Meteorological Administration).

2.3. 토양 정보

토양자료의 경우, 본 연구에서는 국립농업과학원의 정밀 토양도에서 해당 기상관측소가 위치한 지점들에 포함된 토양의 토성별(soil texture) 세부적인 물리 및 화학적 속성 정보를 바탕으로 추출할 수 있는 모든 토양 정보들을 추출하였다(<http://soil.rda.go.kr>).

2.4. 유전 모수

DSSAT 4.6 package에는 국제적으로 알려진 작물들의 품종들에 대해서는 유전 모수가 이미 내장되어 있지만, 국내에서 육성되어 널리 재배되는 작물의 품종들에 대해서는 정보가 거의 없으므로 사용자가 자체적으로 유전 모수를 추정해야 한다.

한국의 국립식량과학원에서는 전국에 걸쳐 지역 적응 및 작황 시험장을 운영하고 있고 매년 작황조사 시험보고서를 발표하고 있다. 전주(익산), 대구와 밀양에는 한국의 남부 지역에 위치한 대표 지역적응 및 작황시험장이 있다. 또한 한국 콩 품종 중에서 태광콩은 한국의 남부 지역에서 재배되는 주요 보급 품종 중에 하나이다. Kim *et al.* (2004)은 경기 북부의 연천과 수원, 진주의 지역 적응 및 작황시험자료를 바탕으로 태광콩의 유전 모수를 도출한 바 있다(data not show). 또한 국립식량과학원(NICS)도 태광콩의 유전 모수를 추정한 바 있다(Chung *et al.*, 2016).

2.4.1. 개별 유전 모수

CROPGROW-Soybean의 유전 모수는 대략 18개이며 (Table 1), 유전 모수 추정 과정은 두 개의 단계로 설명될 수 있다. 먼저 생물계절과 관련된 Phenology 부분을 추정하여 CSDL, PPSEN, EM-FL, FL-SH, FL-SD, SD-PM, FL-LF, LFMAX 을 결정한 다음, 생장과 수량구성요소 관련 정보를 담고 있는 Grain filling 부분 (SLVAR, SIZLF, XFRT, WTPSD, SFDUR, SDPDV, PODUR 등)을 조정해서 추정된다.

진주, 수원, 춘천에서 2003년부터 2006년까지 4년 동안 수집된 태광콩의 매년 재배 정보(예, 파종시기, 시비시기와 시비량)와 생물계절 정보(예, 개화시기, 수확시기) 및 관측 수량 자료를 토대로 유전 모수를 각 지점별로 추정했으며 본 연구에서 New1(진주), New2(수원), New3(춘천)라고 명명했다. 유전 모수 도출에는 DSSAT 4.6 package의 내장 프로그램인 GenCalc에서 약 500회 이상 반복 구동해서 각 지점별 유전 모수를 도출했다.

2.4.2. 지역 조합 유전 모수

진주와 춘천, 수원과 춘천, 수원과 진주와 같이 2지점씩 조합한 경우와 춘천, 수원과 진주 3지점을 모두 조합하여 유전 모수를 다시 추정했다. 진주와 춘천 조합을 New4, 진주와 수원 조합을 New5, 수원과 춘천 조합을 New6, 3지점의 조합을 New7이라고 명명했다. 개별 유전 모수 추정 방법과 동일하게 GenCalc에서 약 500회 이상 반복하여 4종류의 유전 모수를 도출했다.

2.5. 분석 및 검증

춘천, 수원, 진주에서 도출된 태광콩의 유전 모수

Table 1. The list of genetic parameters used in the CROPGRO-Soybean

Parameters	Definition
CSDL	Critical Short Day Length below which reproductive development progresses with no daylength effect (for shortday plants) (hour)
PPSEN	Slope of the relative response of development to photoperiod with time (positive for shortday plants) (1/hour)
EM-FL	Time between plant emergence and flower appearance (R1) (photothermal days)
FL-SH	Time between first flower and first pod (R3) (photothermal days)
FL-SD	Time between first flower and first seed (R5) (photothermal days)
SD-PM	Time between first seed (R5) and physiological maturity (R7) (photothermal days)
FL-LF	Time between first flower (R1) and end of leaf expansion (photothermal days)
LFMAX	Maximum leaf photosynthesis rate at 30 C, 350 ppm CO ₂ , and high light (mg CO ₂ /m ² -s)
SLAVR	Specific leaf area of cultivar under standard growth conditions (cm ² /g)
SIZLF	Maximum size of full leaf (three leaflets) (cm ²)
XFRT	Maximum fraction of daily growth that is partitioned to seed + shell
WTSPD	Maximum weight per seed (g)
SFDUR	Seed filling duration for pod cohort at standard growth conditions (photothermal days)
SDPDV	Average seed per pod under standard growing conditions (#/pod)
PODUR	Time required for cultivar to reach final pod load under optimal conditions (photothermal days)
THRSH	Threshing percentage. The maximum ratio of (seed/(seed+shell)) at maturity. Causes seeds to stop growing as their dry weight increases until shells are filled in a cohort.
SDPRO	Fraction protein in seeds (g(protein)/g(seed))
SDLIP	Fraction oil in seeds (g(oil)/g(seed))

Table 2. The list of nine genetic parameters used in the study. The two references, Taegwang of genetic parameters of NICS (2010) and Kim *et al.* (2004). The new seven genetic parameters were newly calibrated in Jinju, Suwon, and Chuncheon for 2003-2006

Name of combination according to estimation method of genetic information	Genetic parameters														
	CSDL	PPSEN	EM-FL	FL-SH	FL-SD	SD-PM	FL-LF	LFMAX	SLAVR	SIZLF	XFRT	WTPSD	SFDUR	SDPDV	PODUR
NICS (2010)	12.70	0.32	18.71	4.92	9.52	35.84	9.56	1.03	350	300	1	0.19	10.10	1.35	29.28
Kim <i>et al.</i> (2004)	12.68	0.30	19.80	8.00	15.50	36.50	18.00	1.03	318	180	1	0.25	12.10	1.28	10.00
New1	12.86	0.21	27.45	6.00	14.03	33.22	18.00	1.03	310	152	1	0.18	17.20	1.95	10.00
New2	12.58	0.36	14.28	6.00	17.42	25.23	18.00	1.20	302	139	1	0.16	25.12	2.04	10.00
New3	11.94	0.19	24.68	6.00	15.35	31.98	18.00	1.01	400	187	1	0.19	23.71	2.23	10.00
New4	13.04	0.37	22.50	6.00	19.66	28.87	18.00	1.00	394	140	1	0.16	21.75	1.88	10.00
New5	13.08	0.37	21.87	6.00	17.32	30.53	18.00	1.01	398	140	1	0.19	20.51	1.86	10.00
New6	11.88	0.24	17.61	6.00	18.89	23.67	18.00	1.02	327	147	1	0.19	18.53	2.11	10.00
New7	13.00	0.33	22.11	6.00	12.58	34.38	18.00	1.02	384	217	1	0.16	17.05	1.78	10.00

종류 7개를 추정에 참여하지 않은 기간(2007년부터 2013년까지)의 자료로 검증했다. 두 번째는, 2003년부터 2013년까지 유전 모수 추정에 참여하지 않은 지점들(대구, 밀양, 전주)에 대해 이 7개 종류의 잠재수량 및 개화시기에 대한 예측력을 테스트했다. 또한 2003-2013년 동안 NICS (2010)과 Kim *et al.* (2004)의 유전 모수에서 추정된 잠재수량 및 개화시기와 비교하였다. 비교 분석을 위해 사용된 통계적 평가 지표들로는 평균제곱근오차(RMSE), 결정계수(R^2) 및 기울기(Slope) 등이다. 또한 관측 값과 CROPGRO-Soybean에서 계산된 값간의 상대적 변화(Relative change)를 계산하였다.

III. 결과 및 고찰

3.1. 유전 모수

CROPGROW-Soybean의 유전 모수는 대략 18개이며 (Table 1), Table 2는 NICS (2010)와 Kim *et al.* (2004)의 태광콩 유전 모수 정보와 2003년에서 2006년 동안 진주, 수원, 춘천에서 추정된 유전 모수 7개 정보이다. 절대적인 값의 차이가 당연히 존재하겠지만, 특이한 사항들이 존재했다. FL-SH, FL-SD, FL-LF와 PDUR 모수 정보는 광주기(photothermal days)와 관련 깊은 정보인데, NICS (2010)의 FL-SH, FL-SD, FL-LF와 PDUR이 Kim *et al.* (2004)와 New1에서 New7의 FL-SH, FL-LF와 PDUR과 큰 차이로 달랐다.

3.2. 개화시기 예측력

Table 3은 NICS (2010)과 Kim *et al.* (2004)의 유전 모수와 진주, 수원, 춘천에서 추정된 유전 모수를 이용하여 2007년에서 2013년까지 이 3지점에서 개화시기를 예측한 결과이다. 각 지점별 개별 유전 모수, 즉 New2, New6과 New7에 의해 예측된 표준제곱근오차(RMSE), 기울기(Slope), 결정계수(R^2), 그리고 상대적 변화(Relative change) 등 통계적 지표들이 각 지점들에서 가장 좋은 결과들을 보여야 하는데, RMSE를 제외하고 개별 유전 모수에 의한 결과들이 더 좋은 경우가 발생했다. 즉, New2의 예측 개화시기의 RMSE는 수원에서 1.87일(day)로 진주의 1.94일과 춘천의 4.09일보다 낮았는데, 당연한 결과로서 New2는 수원 정보만으로 만들어진 유전 모수이기 때문이다. 그런데, New2의 예측 개화시기의 Slope와 R^2 가 꼭 수원에서

만 좋은 결과를 보이지 않았다. 다시 말해서, 개별 유전 모수는 그 지점의 정보만으로 만들어졌기 때문에 그 지점에서의 예측 평가 지표들이 다른 지역보다 좋아야 하는데, 그렇지 않은 결과도 보였다. 불확실한 입력 자료에 의한 것이라고 추정되지만 정확한 결론을 위해서는 더 조사가 필요할 것으로 판단된다.

지역 조합 유전 모수의 경우, 모수 추정에 참여한 지점의 조합 유전 모수에서 평가 지표들이 비교적 좋은 결과를 보여 주었지만 뚜렷하지 않았다. 그러나, New7에 의해 예측된 개화시기 RMSE가 춘천(4.95일)을 제외하고 진주와 수원에서는 2.26일이었으며, Slope와 R^2 에서도 전반적으로 가장 좋은 결과를 나타냈다(Table 3). New7에서 춘천의 예측 개화시기의 RMSE가 낮았던 이유는 콩의 개화시기의 경우 일장에 민감한데, New7의 유전 모수가 3지점의 모든 정보를 조합하여 만들어졌지만 가장 위도가 높은 지역인 춘천의 개화 반응을 잘 반영하지 못해서 춘천의 개화시기 예측력이 진주나 수원에 비해 낮아진 것으로 추정된다.

Table 4는 New1에서 New7의 유전 모수 추정에 참여하지 않은 지점들(대구, 밀양, 전주)에 대해 2003년부터 2013년까지의 개화시기 예측 평가 지표이다. 특이 사항은, 밀양의 개화시기 예측 평가 지표가 대구나 수원과 비교했을 때 나쁘지 않았는데, NICS (2010)나 Kim *et al.*, (2004)의 유전 모수와 New1에서 New7의 유전 모수 추정에 진주 정보가 포함되어 있고, 진주가 밀양에서 가까운 지점이기 때문에 위치(공간)적으로 가까운 진주와 밀양의 비슷한 일장이 반영된 것으로 판단된다. 어떤 유전 모수의 개화시기 예측력이 관측 개화시기를 잘 재현하는지 비교적 쉽게 인지하기 위해, 6지점에서 관측 개화시기로부터 NICS (2010), Kim *et al.* (2004)과 New1에서 New7의 유전 모수에 의해 예측된 개화시기의 상대적 변화를 계산하였다. NICS (2010)와 Kim *et al.* (2004), 그리고 New1에서 New7의 유전 모수에 의해 예측된 개화시기의 상대적 변화는 전반적으로 -2.29~+4.52% 내외에서 변하는 것으로 나타났는데, 기존 유전 모수나 제시된 새 유전 모수의 개화시기 예측은 관측 개화시기를 잘 표현할 수 있는 것으로 사료된다. 또한 개화시기 예측의 불확실성에 대한 추가적인 정보를 위해 관측 개화시기를 X축에 놓고 예측 개화시기를 Y축으로 하는 산포도에 1:1 라인을 추가했다(Fig. 2). 대구와 진주, 전주의 예측 개화시기들은 대부분 1:1 라인보다 위에 분포하고

Table 3. The comparison of statistical indicators for evaluating flowering time prediction of new genetic parameters of New1 to New7 in Jinju, Suwon, and Chuncheon during 2007-2013; the period not covered for calibration period in the sites. In addition, the statistical indicators calculated for validation of flowering time of the references of genetic parameters of NICS (2010) and Kim *et al.* (2004) were compared

Statistical index	Site	Name of combination according to estimation method of genetic information								
		NICS (2010)	Kim <i>et al.</i> (2004)	New 1	New 2	New 3	New 4	New 5	New 6	New 7
RMSE (day)	Jinju	3.14	3.21	2.92	1.94	7.65	4.15	2.50	4.47	2.24
	Suwon	3.94	3.96	3.08	1.87	3.94	3.39	1.87	2.55	2.29
	Chuncheon	2.04	2.70	6.18	4.09	3.35	3.71	4.09	3.50	4.95
Slope	Jinju	0.13	0.18	0.22	0.25	0.22	0.22	0.18	0.32	0.32
	Suwon	0.23	0.32	0.32	0.23	0.16	0.32	0.25	0.32	0.32
	Chuncheon	0.47	0.42	0.42	0.34	0.38	0.31	0.34	0.30	0.42
R ²	Jinju	0.33	0.33	0.50	0.79	0.50	0.50	0.33	0.87	0.87
	Suwon	0.26	0.39	0.39	0.26	0.11	0.39	0.37	0.39	0.39
	Chuncheon	0.57	0.45	0.36	0.41	0.36	0.42	0.41	0.31	0.45
Relative change (%)	Jinju	-0.48/+1.47	-0.48/+1.55	-/+2.02	-0.95/+0.73	-/+4.44	-/+2.50	-/+1.74	-/+2.85	-/+1.39
	Suwon	-2.29/-	-1.93/-	-2.09/-	-1.80/+0.49	-0.72/+1.11	-0.72/+0.86	-1.69/+0.74	-1.20/+1.23	-1.93/-
	Chuncheon	-1.07/+0.33	-1.55/+0.24	-1.71/-	-1.19/+0.68	-0.47/+1.38	-0.47/+1.54	-1.19/+0.68	-0.71/+1.27	-1.34/+0.24

Table 4. The comparison of statistical indicators for evaluating flowering time prediction of new genetic parameters of New1 to New7 in Daegu, Miryang, and Jeonju during 2003-2013; the sites not included for calibration of the new seven genetic parameters. In addition, the statistical indicators calculated for validation of flowering time of the references of genetic parameters of NICS (2010) and Kim *et al.* (2004) were compared

Statistical index	Site	Name of combination according to estimation method of genetic information								
		NICS (2010)	Kim <i>et al.</i> (2004)	New 1	New 2	New 3	New 4	New 5	New 6	New 7
RMSE (day)	Daegu	4.15	4.09	5.15	3.49	9.72	6.76	5.07	6.77	4.20
	Miryang	1.91	1.91	1.58	2.92	5.63	2.58	1.63	2.58	1.91
	Jeonju	3.84	3.84	4.96	3.12	9.61	6.56	4.74	6.56	3.89
Slope	Daegu	0.22	0.28	0.24	0.22	0.24	0.20	0.27	0.27	0.27
	Miryang	0.46	0.46	0.56	0.34	0.44	0.46	0.46	0.46	0.46
	Jeonju	-0.21	-0.21	-0.21	-0.21	-0.21	-0.15	-0.15	-0.15	-0.15
R ²	Daegu	0.49	0.58	0.44	0.49	0.44	0.46	0.60	0.55	0.55
	Miryang	0.88	0.88	0.80	0.85	0.73	0.88	0.88	0.88	0.88
	Jeonju	0.29	0.29	0.17	0.29	0.17	0.17	0.17	0.17	0.17
Relative change (%)	Daegu	-1.40/+1.79	-0.93/+1.79	-0.47/+1.79	-1.17/+1.31	-/+4.52	-/+2.97	-0.47/+2.10	-/+3.02	-0.93/+1.85
	Miryang	-1.09/+0.16	-1.09/+0.16	-0.70/+0.72	-1.22/-	-/+2.55	-0.46/+1.25	-0.93/+0.48	-0.46/+1.25	-1.09/+0.16
	Jeonju	-/+1.46	-/+1.46	-/+2.09	-0.48/+1.56	-/+4.51	-/+2.98	-/+2.02	-/+2.98	-/+1.53

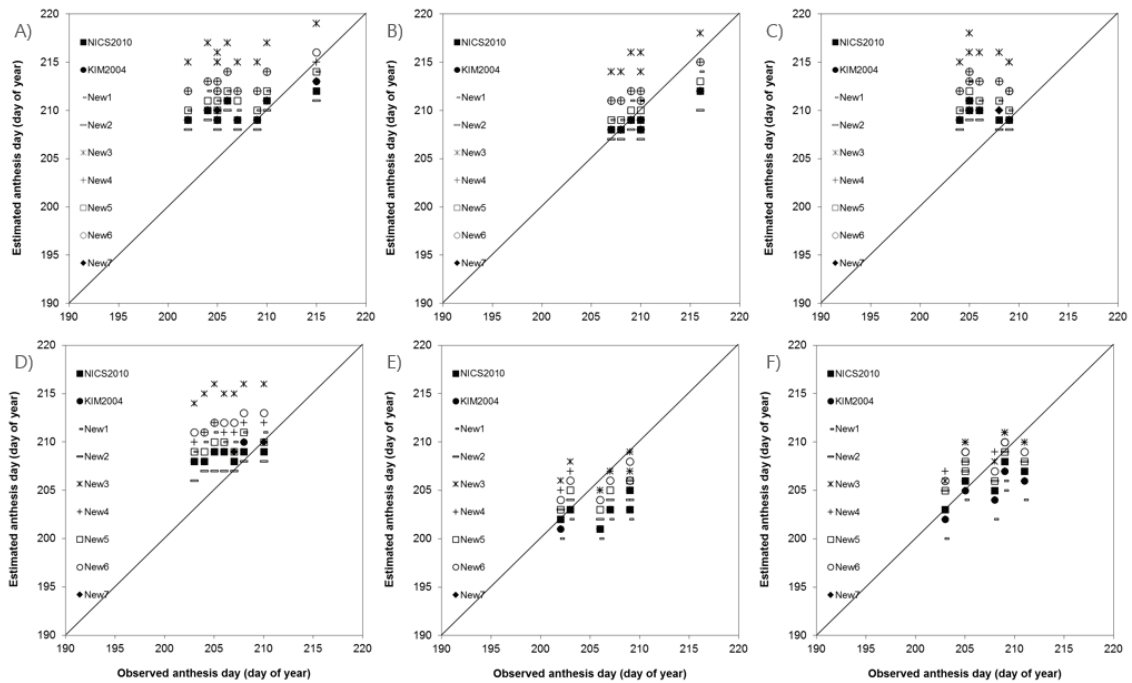


Fig. 2. The comparison of the observed flowering time and the predicted flowering time of Taegwang; the estimated flowering time of Taegwang were calculated during 2003-2013 in Daegu(A), Miryang(B), Jeonju(C), and during 2003-2013 and in Jinju(D), Suwon(E), and Chuncheon(F). The predicted flowering times were calculated from the two references of genetic parameters of NICS (2010) and Kim *et al.* (2004), and New1,2,3,4,5,6, and New7. The genetic parameters of New1 to New7 were newly calibrated in Jinju, Suwon, and Chuncheon for 2003-2006.

있어 관측 개화시기보다 늦다(과대 추정)는 의미인데, 대구와 진주, 전주의 상대적 변화도 모두 양의 값으로 계산된 것과 같은 맥락이라고 볼 수 있다. 다시 말해서, 상대적인 변화가 양의 값인 지역에서는 예측 개화시기가 관측 개화시기보다 늦을 수 있다는 것이다. 밀양과 수원, 춘천의 상대적 변화는 1% 내외로 나타났으며 밀양과 수원, 춘천의 예측 개화시기는 1:1라인에서 크게 벗어나지 않는 것으로도 나타났다.

3.3. 잠재수량 예측력

2007년부터 2013년 동안 진주, 수원, 춘천의 개별 유전 모수에 대한 검증의 경우, 3.2에서 언급한 것과 다르게 즉, 지점의 개별 유전 모수에 의해 추정된 잠재수량의 평가 지표들이 그 지점에서는 좋은 결과를 보여줘야 하는데, 진주에서만 진주의 개별 유전 모수(New1)에 의해 예측된 잠재수량의 RMSE가 좋았고, 수원과 춘천에서 이들의 개별 유전 모수(New2와 New3)에 의해 추정된 잠재수량의 RMSE는 좋지 않았다(Table 5). 지역 조합 유전 모수의 경우, 3.2와 같이

모수 추정에 참여한 지점의 조합 유전 모수에서 예측 잠재수량의 평가 지표들이 비교적 좋은 결과를 보여주었지만 뚜렷하게 나타나지는 않았다. New7의 예측 잠재수량의 평가가 수원에서 R²이 0.07인 것을 제외하고 전반적으로 나쁘지 않았는데, 수원에서 예측력이 낮게 평가된 것이 관측 자료의 문제인지는 정확하게 판단하기 어렵다.

2003년부터 2013년까지 모수 추정에 참여하지 않은 지점들에 대한 검증에서, 3.2와 같이 공간적으로 가까운 지역의 개별 유전 모수에서 추정된 잠재수량의 평가 지표들이 비교적 좋았다(Table 6). 즉, New1에 의해 추정된 밀양과 전주의 예측 잠재수량의 RMSE(650.63, 357.01)가 New2(753.27, 646.94)와 New3(1305.81, 1230.62)의 예측 잠재수량의 RMSE보다 좋았다. 대구의 경우, New1의 예측 잠재수량의 RMSE(513.71)가 나쁘지 않았지만 New2의 예측 잠재수량의 RMSE (355.86)가 더 좋은 것으로 나타났다. 지역 조합 유전 모수에서, 밀양과 전주의 예측 잠재수량의 RMSE의 경우, 공간적으로 가까운 진주 지역 조

Table 5. The comparison of statistical indicators for evaluating potential yield prediction of new genetic parameters of New1 to New7 in Jinju, Suwon, and Chuncheon during 2007-2013; the period not covered for calibration period in the sites. In addition, the statistical indicators calculated for validation of potential yield of the references of genetic parameters of NICS (2010) and Kim *et al.* (2004) were compared

Statistical index	Site	Name of combination according to estimation method of genetic information								
		NICS (2010)	Kim <i>et al.</i> (2004)	New 1	New 2	New 3	New 4	New 5	New 6	New 7
RMSE (kg/ha)	Jinju	1256.64	291.10	360.29	645.57	1204.60	725.22	787.74	563.57	346.19
	Suwon	1169.54	383.64	641.31	823.34	1247.93	856.57	968.92	503.97	664.74
	Chuncheon	1265.40	653.60	916.45	818.39	1157.34	918.58	1072.49	540.13	791.04
Slope	Jinju	0.48	0.60	0.43	0.15	0.17	0.25	0.30	0.11	0.45
	Suwon	0.52	0.48	0.36	0.39	0.41	0.40	0.41	0.36	0.25
	Chuncheon	-0.44	-0.69	-0.72	-0.54	-0.49	-0.58	-0.74	-0.44	-0.57
R ²	Jinju	0.85	0.86	0.71	0.08	0.12	0.23	0.38	0.06	0.82
	Suwon	0.39	0.38	0.16	0.28	0.24	0.26	0.26	0.26	0.07
	Chuncheon	0.32	0.37	0.18	0.28	0.24	0.30	0.36	0.28	0.15
Relative change (%)	Jinju	-4.33/-	-8.61/+10.92	-10.12/+15.21	-14.04/+28.12	-/+44.36	-4.44/+34.58	-0.85/+32.34	-10.86/+32.85	-10.76/+12.26
	Suwon	-4.33/-	-7.99/+14.95	-/+20.57	-/+31.78	-/+50.12	-/+32.98	-/+38.06	-11.00/+19.77	-3.21/+29.59
	Chuncheon	-4.33/-	-7.52/+44.10	-8.61/+33.87	-1.68/+27.00	-/+38.53	-/+27.40	-/+33.08	-10.43/+22.33	-19.17/+22.10

Table 6. The comparison of statistical indicators for evaluating potential yield prediction of new genetic parameters of New1 to New7 in Daegu, Miryang, and Jeonju during 2003-2013; the sites not included for calibration of the new seven genetic parameters. In addition, the statistical indicators calculated for validation of potential yield of the references of genetic parameters of NICS (2010) and Kim *et al.* (2004) were compared

Statistical index	Site	Name of combination according to estimation method of genetic information								
		NICS (2010)	Kim <i>et al.</i> (2004)	New 1	New 2	New 3	New 4	New 5	New 6	New 7
RMSE (kg/ha)	Jinju	1256.64	291.10	360.29	645.57	1204.60	725.22	787.74	563.57	346.19
	Suwon	1169.54	383.64	641.31	823.34	1247.93	856.57	968.92	503.97	664.74
	Chuncheon	1265.40	653.60	916.45	818.39	1157.34	918.58	1072.49	540.13	791.04
Slope	Jinju	0.48	0.60	0.43	0.15	0.17	0.25	0.30	0.11	0.45
	Suwon	0.52	0.48	0.36	0.39	0.41	0.40	0.41	0.36	0.25
	Chuncheon	-0.44	-0.69	-0.72	-0.54	-0.49	-0.58	-0.74	-0.44	-0.57
R ²	Jinju	0.85	0.86	0.71	0.08	0.12	0.23	0.38	0.06	0.82
	Suwon	0.39	0.38	0.16	0.28	0.24	0.26	0.26	0.26	0.07
	Chuncheon	0.32	0.37	0.18	0.28	0.24	0.30	0.36	0.28	0.15
Relative change (%)	Jinju	-4.33/-	-8.61/+10.92	-10.12/+15.21	-14.04/+28.12	-/+44.36	-4.44/+34.58	-0.85/+32.34	-10.86/+32.85	-10.76/+12.26
	Suwon	-4.33/-	-7.99/+14.95	-/+20.57	-/+31.78	-/+50.12	-/+32.98	-/+38.06	-11.00/+19.77	-3.21/+29.59
	Chuncheon	-4.33/-	-7.52/+44.10	-8.61/+33.87	-1.68/+27.00	-/+38.53	-/+27.40	-/+33.08	-10.43/+22.33	-19.17/+22.10

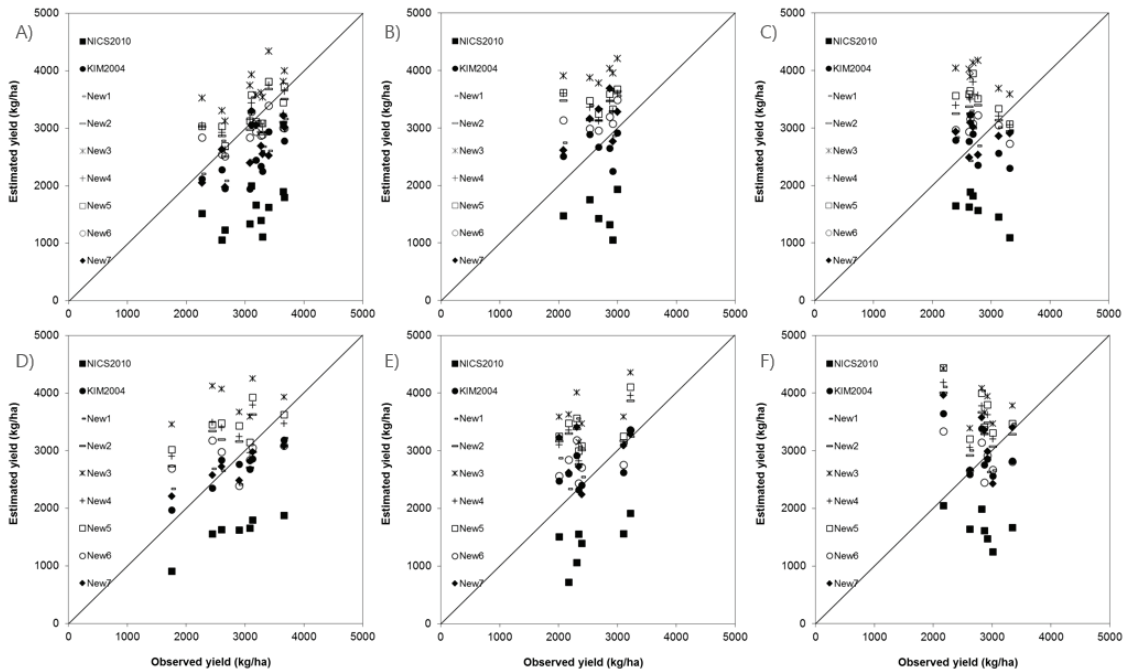


Fig. 3. The comparison of the observed yield and the potential yield of Taegwang; the potential yield of Taegwang were predicted during 2003-2013 in Daegu(A), Miryang(B), Jeonju(C), and during 2003-2013 and in Jinju(D), Suwon(E), and Chuncheon(F). The potential yields were calculated from the two references of genetic parameters of NICS (2010) and Kim *et al.* (2004), and New1,2,3,4,5,6, and New7. The genetic parameters of New1 to New7 were newly calibrated in Jinju, Suwon, and Chuncheon for 2003-2006.

합 유전 모수인 New4와 New5에서 높지 않았고 New6에서 높았던 것을 제외하고, 공간적으로 가까운 지역 조합 유전 모수에서 평가된 지표들이 좋았지만 그 경향이 뚜렷하지 않았다. 전반적으로는 지역 조합 유전 모수의 경우 모수 추정에 참여한 지점의 유전 모수의 예측 잠재수량의 평가 지표들이 비교적 좋아졌지만 뚜렷하게 나타나지 않았다. 그런데, 밀양에서 3.2에서 언급된 것과 같이 개화시기 예측 평가가 대체로 좋았던 반면, NICS (2010)과 Kim *et al.* (2004)의 유전 모수에 의한 예측 잠재수량의 평가는 좋지 않았다. 또한 밀양의 예측 잠재수량의 RMSE가 369.28로 비교적 작은 값이었지만 Slope와 R²가 0.07과 0.01로 매우 낮게 나타났다. 그러나 New1과 New7 유전 모수에 의한 잠재수량 예측력은 나쁘지 않았다(Table 6). 반면 전주에서 New7 유전 모수의 예측 잠재수량의 RMSE가 362.46로 작은 값으로 개선되는 듯 보였지만 Slope와 R²가 0.02와 0.00으로 매우 낮아졌는데 (Table 6), 전주에서 New7 유전 모수가 예측 잠재수량에 대한 추정오차는 줄었지만 경년 변동을 재현하지 못하고 있는 것으로

판단된다. 역시 어떤 유전 모수의 잠재수량 예측력이 관측 수량을 잘 재현하는지 비교적 쉽게 인지하기 위해, 6지점에서 관측 수량으로부터 NICS (2010), Kim *et al.* (2004)과 New1에서 New7의 유전 모수에 의해 예측된 잠재수량의 상대적 변화를 계산하였다. NICS (2010)와 Kim *et al.* (2004), 그리고 New1에서 New7의 유전 모수에 의해 예측된 잠재수량의 상대적 변화는 전반적으로 -51.05 ~ +50.12% 내에서 변하는 것으로 나타나서, 기존 유전 모수나 제시된 새 유전 모수의 잠재수량 예측 능력은 절반에 그치는 것으로 판단된다. 잠재수량의 예측 불확실성에 대한 추가적인 정보를 위해 예측 잠재수량을 Y축에, 관측 수량을 X축에 놓고 산포도로 나타내고 역시 1:1 라인을 추가했다 (Fig. 3). NICS (2010) 유전 모수의 예측 잠재수량은 6지점에서 과소 추정하는 것으로 나타났고, Kim *et al.* (2004)와 New1에서 New7 유전 모수에 의해 예측된 잠재수량은 과소 추정하는 경우도 있었지만 대부분 과대 추정하는 것으로 나타났다.

IV. 결 론

한 지점에서 임의 기간 동안 추정된 유전 모수는 그 지점의 다른 기간에 대한 개화시기 혹은 잠재수량의 예측력이 다른 지역에서 도출된 유전 모수에 의해 계산된 개화시기 혹은 잠재수량의 예측력보다 높아야 한다. 본 연구에서 개별 및 지역 조합 유전 모수에서 모수 추정 지점 혹은 참여한 지점의 유전 모수의 예측 개화시기와 예측 잠재수량에 대한 평가 지표들 (예, RMSE 혹은 R^2 , Relative change)의 결과는 나쁘지 않았는데, 특히 예측 개화시기에 대한 상대적 변화는 최대 5% 내외로 기존 유전 모수뿐만 아니라 제안된 조합 유전 모수를 적용하여 여러 지점의 개화시기를 예측하는 데에는 큰 무리가 없을 것으로 판단된다. 그러나 관측 수량과 비교했을 때 예측 잠재수량의 상대적 변화가 여전히 50% 이상 발생할 수 있기 때문에, 여러 지점의 예측 잠재수량을 해석할 때 이러한 정보를 고려해서 해석해야 할 것으로 판단된다. 이와 같이 잠재수량의 예측력이 개선되지 않는 이유는 입력자료의 불확실성이라고 단정하기 어렵지만 현실을 반영해 볼 때, 보다 정확한 입력자료 생산에 관심을 기울일 필요가 있다. 작물모형 기초 및 응용 연구를 하기 위해 입력자료에 대한 불확실성을 해소하기 위한 현실적인 방법을 탐색하는 것은 관련 분야에 종사하는 연구자들에게 어려운 일이다. 예를 들면, 본 연구의 목적에서도 언급했듯이 기상청 표준기상관측소의 기후 정보를 이용한 것은 지역 적응 및 작황시험장의 기상관측소 보유에 대한 정보 수집뿐만 아니라 시험장의 기후 정보 수집이 어렵기 때문에 대구 표준 기상관측소와 대구 지역 적응 및 작황시험장의 위치적 거리가 비교적 멀다는 것을 인지했음에도 모형 적용을 수행하게 된 것이다. 이와 같이 가장 기본이 되는 기후 정보의 경로, 수집 및 접근, 공유 등이 상당히 제한적이다. 또한 식물생리학적 분야 혹은 작물 육종분야 혹은 빅데이터를 활용하고 정량화된 관계식이 필요한 모델링 분야에서 서로의 분야에 대한 실용적인 입출력 관계를 이해하고 찾아내어 공유하는 것이 여전히 어렵기 때문이다. 예를 들면, 작물모형 분야에서 개화시기 혹은 수량구성 요소에 대한 토양수분 상태 및 작물 생육에 영향을 줄 수 있는 관수 및 시비 정보가 필요한데, 이러한 정보들이 직접 설계한 포장 실험을 제외하고는 수집하기 어려운 경우가 많기 때문이다. 그러나 관련 기관들 간의 원활한 소통과 정보 및 결과의 공개와 공유를 통해

서, 입력자료에 대한 불확실 정도를 줄일 수 있는 실용적인 방법을 모색한다면 현재 주어진 입력자료의 불확실 정도를 파악하고 결과에 대한 신뢰 정도를 결정할 수 있는 방법도 찾을 수 있을 것으로 기대한다. 본 연구와 후속 연구가 이에 대한 좋은 사례가 되기를 기대한다.

적 요

본 연구에서는 진주, 수원, 춘천의 정보로만 추정한 유전 모수(New1~New3)와 지역 조합으로 추정한 유전 모수(New4~New7), NICS (2010)와 Kim *et al.* (2004)의 유전 모수의 개화시기 및 잠재수량의 예측력을 평가하여 기존의 유전 정보와 새로운 유전 정보에 대한 불확실 정도를 알고 다음 후속 연구에 활용 가능성을 알아보고자 수행했다. 결과적으로, 개별 및 지역 조합 유전 모수에서 모수 추정 지점 혹은 참여한 지점의 유전 모수의 평가 지표들은 비교적 좋은 결과를 보여 주었지만 뚜렷하게 나타나지 않았다. 대구, 밀양, 전주에서 New7 유전 모수의 개화시기의 예측력은 NICS (2010)나 Kim *et al.* (2004)의 유전 모수의 개화시기 예측력보다 개선되지 않았다. 그러나 New7 유전 모수의 잠재수량의 예측력은 큰 차이는 아니지만 NICS (2010)나 Kim *et al.* (2004)의 유전 모수의 잠재수량 예측력보다 개선되는 현상을 보였다. 예를 들면, 밀양에서 NICS (2010)와 Kim *et al.* (2004)의 유전 모수의 잠재수량 결정계수가 0.00과 0.01로 전혀 예측력이 없는 것으로 평가하였지만 New7 유전 모수의 잠재수량 결정계수는 0.31로 나타났다. 반면, 전주에서 NICS (2010)과 Kim *et al.* (2004)의 유전 모수의 잠재수량 결정계수는 0.66과 0.41로 평가되었는데, New7 유전 모수의 잠재수량 결정계수는 0.00으로 예측력이 없는 것으로 평가되었다. 새로운 유전 모수의 예측력(New1~New7)이 기존의 유전 모수(NICS (2010)과 Kim *et al.* (2004))의 예측력보다 크게 개선되지는 않았지만, 평가 결과가 좋은 지역 조합 유전 모수를 지역별 개화시기 및 잠재수량을 예측하는 데에는 활용할 수 있을 것으로 판단된다.

감사의 글

이 논문은 농촌진흥청 국립식량과학원의 아젠다 사업(PJ011425032016)의 지원으로 APEC 기후센터에

서 수행되었습니다. 이 논문의 질적 향상을 위해 심사 해주신 세분의 심사자들께 감사의 말씀을 전합니다.

REFERENCES

- Cho, K. S., and Jin. I. Yun, 1999: Regional crop evaluation and yield forecast of paddy rice based on daily weather observation. *Korean Journal of Agricultural and Forest Meteorology* **1**, 12-19.
- Chung, U., H.S. Cho, J. H. Kim, W. G. Sang, P. Shin, M. C. Seo, and W. S. Jung, 2016: Responses of soybean yield to high temperature stress during growing season: A case study of the Korean soybean. *Korean Journal of Agricultural and Forest Meteorology* **18**, 188~198.
- Hong, S. Y., J. N. Hur, J. B. Ahn, J. M. Lee, B. K. Min, C. K. Lee, Y. H. Kim, K. D. Lee, S. H. Kim, G. Y. Kim, and K. M. Shim, 2012: Estimating rice yield using MODIS NDVI and meteorological data in Korea. *Korean Journal of Remote Sensing* **28**, 509~520. doi: 10.7780/kjrs.2012.28.5.4
- Kim, Y. H., H. D. Kim, S. W. Han, J. Y. Choi, J. M. Joo, U. Chung, J. Y. Kim, and J. I. Yun, 2002: Using spatial data and crop growth modeling to predict performance of South Korea Rice varieties grown in western coastal plains in North Korea. *Korean Journal of Agricultural and Forest Meteorology* **4**, 224-236.
- Kim, S. K., J. S. Park, Y. S. Lee, H. C. Seo, K. S., Kim, and J. I. Yun, 2004: Development and use of digital climate models in Northern Gyeonggi Province - II. Site-specific performance evaluation of soybean cultivars by DCM-based growth simulation. *Korean Journal of Agricultural and Forest Meteorology* **6**, 61-69.
- Kim, D. J., S. O. Kim, K. H. Moon, and J. I. Yun, 2012: An outlook on cereal grains production in South Korea based on crop growth simulation under the RCP8.5 climate condition. *Korean Journal of Agricultural and Forest Meteorology* **14**, 132-141.
- Lee, C. K., J. C. Shin, K. S. Kwak, and J. I. Lee, 2005: Growth simulation of rice under Korean environments using ORYZA 2000. *Korean Society of Agricultural and Forest Meteorology Proceeding*, September, 2005, 80-83.
- Lee, C. K., K. S. Kwak, J. H. Kim, J. Y. Son, and W. H. Yang, 2011: Impacts of climate change and follow-up cropping season shift on growing period and temperature in different rice maturity Types. *Korean Journal of Crop Science* **56**, 233-243.
- Lee, C. K., J. H. Kim, J. Y. Shon, W. H. Yang, Y. H. Yoon, K. J. Choi, and K. S. Kim, 2012: Impacts of climate change on rice production and Adaptation method in Korea as evaluated by simulation study. *Korean Journal of Agricultural and Forest Meteorology* **14**, 207~221. doi:10.5532/KJAFM.2012.14.4.207
- Lee, K. J., D. Nguyen, D. H. Choi, H. Y. ban, and B. W. Lee, 2015a: Effects of elevated air temperature on yield and yield components of rice. *Korean Journal of Agricultural and Forest Meteorology* **17**, 156-164. doi: 10.5532/KJAFM.2015.17.2.156
- Lee, K. J., D. J. Kim, H. Y. Ban, and B. W. Lee, 2015b: Genotypic differences in yield and yield-related elements of rice under elevated air temperature conditions. *Korean Journal of Agricultural and Forest Meteorology* **17**, 306~316. doi: 10.5532/KJAFM.2015.17.4.306
- 농촌진흥청, 2014: 기후변화대응 농업기술개발 2단계 (2014~2023) 중장기 계획