

## 감마모델을 이용한 옥수수의 화분비산 모델링

이용호\* · 권영선\* · 왕광위\* · 이수정\* · 코빌\* · 판디안\* · 홍선희\* ·  
이동진\*\* · 백형진\*\*\* · 장영석\*\*\*\* · 김 옥\*†

\*고려대학교 생명과학대학, \*\*단국대학교 식량생명공학과, \*\*\*농촌진흥청 국립농업과학원,  
\*\*\*\*농촌진흥청 국립식량과학원

## Modelling of Pollen Dispersal of Maize (*Zea mays* L.) Using Gamma Model

Yong Ho Lee\*, Youngsun Kwon\*, Hong Wei Wang\*, Sujeong Lee\*, Kabir MD Alamgir\*, Thirupathi Karuppanapandian\*,  
Sun Hee Hong\*, Dong-Jin Lee\*\*, Hyung-Jin Baek\*\*\*, Young-Seok Jang\*\*\*\*, and Wook Kim\*†

\*College of Life Sciences and Biotechnology, Korea University

\*\*Department of Crop Science and Biotechnology, Dankook University

\*\*\*National Academy of Agricultural Science, Rural Development Administration

\*\*\*\*National Institute of Crop Science, Rural Development Administration

**ABSTRACT** The pollen dispersal by wind can make an important to understanding the viability and evolution of plants in ecological and agricultural science. Modelling can be applied to evaluate concerns about the spread of engineered pollens from genetically modified (GM) crops. Here, we are using gamma model to estimate the level of dispersal distance of pollen in the cross-pollination between two different maize (*Zea mays* L.) cultivars in GMO field of Korea University during the year 2010. The result of estimation of model indicates maximum pollen dispersal distance of estimated proportion of cross-pollination of maize was reached to 0.1% in 525 meter northwest due to the wind. We identify further measurements necessary to improve the accuracy of the model predictions.

**Keywords** : brownian motion, gamma model, GMO, maize, pollen dispersal

**최근** 유전자변형 작물(Genetically modified organisms, GMOs)의 재배와 개발이 증가하고 있다. 최초로 1994년에 GM-tomato가 상용화 된 이래, 전 세계적으로 2009년 세계 콩 재배 면적의 77%인 69,200,000ha 그리고 세계 옥수수 재배 면적의 26%인 41,700,000ha에 GMO 작물이 재배되고 있고, 우리나라 또한 2009년에 수입된 식품용 옥수수 수

입량의 3분의 1 정도인 471,000톤이 GMO이며 사료용 옥수수의 경우 수입물량의 99%인 5,830,000톤이 GMO이다(한국바이오안전성정보센터, 2010). 그리고 우리나라에서는 2008년에 유전자변형생물체의 국가 간 이동 등에 관한 법률이 시행되면서 GMO의 연구와 이용에 대한 지침이 마련되었다(한국바이오안전성정보센터, 2009).

GMO 작물 중 *Bacillus thuringiensis*(Bt)를 이용하여 개발한 내충성 유전자변형 옥수수(Bt corn)로부터 발생하는 화분이 환경에 미치는 위해성 평가들(Losey *et al.*, 1999; Sears *et al.*, 2001; Gatehouse *et al.*, 2002; Wolt *et al.*, 2005) 이 보고되고, 유전자 유출의 위험성(Murray, 2003) 또한 대두되기 시작하면서 옥수수 화분 비산의 예측과 관리에 대하여 국제적으로 많은 연구들이 진행되고 있다.

모델링은 화분비산의 예측과 이해를 위한 매우 효과적인 방법이다. 우리나라에서는 이 등(2010)이 지수감소모델(Exponential decline model)을 이용하여 옥수수 화분비산으로 인한 타가수분 모델링을 수행한 바 있다. 하지만 지수감소모델은 1차원 모델로 2차원 모델에 비하여 그 결과의 적용범위가 넓지 못한 단점이 있다. 국내에서는 아직까지 화분비산에 대한 2차원 모델의 적용사례는 보고된 바 없다.

Klein *et al.*(2003) 은 화분비산 모델을 3가지로 구분하였다(1) Gaussian distribution에 기반을 둔 Gaussian plume model, (2) gradient-diffusion에 기반을 둔 Eulerian model, 그리고 (3) 화분 입자의 임의적 경로에 기반을 둔 Lagrangian random-flight model이다. 비교적 최근에 발표, 적용된 모델

†Corresponding author: (Phone) +82-2-3290-3046  
(E-mail) kwook@korea.ac.kr <Received November 11, 2010>

로는 Gaussian plume model에 Angevin *et al.* (2008) 과 Yamamura(2004), Eulerian model에 Dupont *et al.*(2006), Lagrangian random-flight model에 Arritt *et al.*(2007), Kuparinen *et al.*(2006), Jarosz *et al.*(2004) 등이 있다. 이번 실험에서 사용된 모델은 브라운 운동에 기반을 두고 있는 Yamamura(2004)의 감마모델(Gamma model) 이다. 이 모델은 화분의 장거리비산을 잘 설명할 수 있는 모델로 개발되었다.

본 연구는 고려대학교 GMO 격리포장에서 2010년에 수행된 화분 비산실험의 결과를 감마모델을 이용하여 모델링함으로써 향후 GMO 유전자 유출 관리에 대한 기초자료를 제공하기 위한 목적으로 수행되었다.

## 재료 및 방법

### 실험 포장

본 실험은 2010년에 고려대학교 부속농장 GMO 격리포장에서 이루어졌다. 고려대학교 부속농장 GMO 격리포장은 경기도 남양주시 와부읍에 위치하고 있으며 총 면적이 19,400 m<sup>2</sup>이다. 서쪽 1 km에 한강과 아파트촌이 위치하고 있으며 동쪽 1 km 지점에 운길산이 위치하고 있다.

### 포장 실험

본 실험에서는 비산을 검출하기 위한 수단으로서 Grain color maker를 이용하기 위하여 종실색이 다른 2품종을 부분과 모본으로 이용하였다. 실험에 사용된 품종은 부분으로 미흑찰(홍천찰 10호)이 그리고 모본으로 미백 2호(홍천찰 17호)를 이용하였는데, 부분의 종피색은 검정색이고 모본의 종피색은 하얀색으로 검정 종피색은 부분 우성이다. 재식밀도 60×30 cm로 부분을 10×10 m에 심고 동쪽으로 10×8 m, 서쪽으로 10×30 m에 모본을 심었다. 옥수수는 16줄에서 1 m 간격으로 한 개체씩 수확 하였다. 모본에서 수확된 각각의 이삭은 발생된 크세니아(xenia) 종실의 개수를 총 종실수로 나누어 타가수분율을 산출하였다. 각종 요인으로 인하여 피해를 입은 개체들은 주변의 개체들에서 샘플링하여 그 데이터를 이용하였다. 이삭들의 타가수분율은 부분 포장의 중심점을(0, 0)으로 1 m 간격으로 x(-서→+동), y(-남→+북)으로 각각의 좌표를 설정하였다.

### 모델링

측정된 타가수분율은 Yamamura(2004)의 2차원 모델로 분석하였다. 본 모델은 Conventional Brownian motion model로 ‘감마모델(gamma model)’ 이라 칭한다.

### 감마모델

$f(x, y)$ 를 위치(x, y)에 퇴적될 화분의 확률이라고 한다면 다음의 확률 밀도를 얻을 수 있다.

$$f(x, y) = \int_0^{\infty} \Phi(x, y, t) p(t) dt \\ = \frac{1}{\pi \Gamma(k)} \left( \frac{\lambda}{2} \right)^k \exp(\delta_x x + \delta_y y) \left( \sqrt{\frac{\delta_x + \delta_y + \lambda}{x^2 + y^2}} \right)^{1-k} \\ K_{1-k} \left( \sqrt{x^2 + y^2} \sqrt{\delta_x + \delta_y + \lambda} \right) \quad (1)$$

여기서 k는 형태모수(shape parameter),  $\lambda$  는 척도모수(scale parameter) 이다. 그리고  $\delta_x$ 와  $\delta_y$ 는 각각 x와 y 방향으로의 대류(convection)를 의미하며,  $K_{1-k}(\bullet)$ 는 1-k를 위수로 하는 제 2종의 수정 베셀 함수(modified Bessel function of the second kind of order 1-k)이다.

### 화분원의 면적의 영향

퇴적되는 화분의 밀도는 화분원 옥수수의 재배면적과 밀도에 따라서 크게 달라질 것이다.  $q(x_0, y_0)$ 를 지점( $x_0, y_0$ )에서 방출되는 화분 밀도라고 할 때, 지점(x, y)에서 퇴적되는 화분의 밀도인  $g(x, y)$ 는 다음 적분으로서 나타난다.

$$g(x, y) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} f(x-x_0, y-y_0) q(x_0, y_0) dx_0 dy_0 \quad (2)$$

화분원이 원 모양일 때의 밀도는 공식 (1)을 정적분(numerical integration)하여 얻을 수 있고, 화분원이 사각형 모양일 때는 공식 (2)를 정적분하여 얻는다.

### 추정

회귀계수들을 추정할 때 2가지의 다른 실험 상황을 고려해야 한다. 화분비산을 측정하는 방법으로는 화분 포집기(pollen sampler)를 이용한 실험과 타가수정(cross pollination)을 이용한 실험이 있을 수 있다.

먼저 화분 포집기를 이용한 실험에서 s를 포집기의 개수,  $(x_i, y_i)$ 를 i번째 포집기의 위치,  $N_i$ 를 i번째 포집기에 잡힌 화분의 개수,  $n_i$ 를 관찰된 양이라고 하자. E(), V()로 평균과 분산을 표현할 수 있다. 화분의 예측량을  $E(N_i)$ 로 표현한다면 다음과 같다.

$$E(N_i) = ag(x_i, y_i) \quad (3)$$

여기서 a는 포집기의 효율, g는 공식 (2)에 정의된 함수이

다. 포집기의 효율이 좋을 경우 포집기의 위치는 화분의 이동거리의 분포로 바로 환산 할 수 있다. 그러나 이러한 경우는 실제 화분 비산 실험에서 매우 어렵다. 실제 실험에서는 화분 포집기가 잡을 수 있는 화분의 비율은 전체 비산 양에 비하여 매우 적기 때문이다.  $b$ 를 표준화 상수(standardized constant)라 한다면,  $N_i$ 의 평균과 분산은  $abg(x_i, y_i)$ ,  $ab^2g(x_i, y_i)$ 이다. 몇몇 분산 증폭 요인(variance-amplifying factor) 분산은  $ab^2dg(x_i, y_i)$ 로 표현될 수 있다. 여기서  $d$ 는 증폭을 설명하는 상수이다.  $c = ab$ 로 정의 한다면, 반복  $w_i$ 로 잡힌 화분의 평균 개수의 평균과 분산은 다음과 같다.

$$E(N_i) = c \cdot g(x_i, y_i) \tag{4}$$

$$V(N_i) = cbd \cdot g(x_i, y_i) / w_i \tag{5}$$

그러므로 분산은 평균에 비례한다. 계수들의 예측은 로그우도(log-likelihood)처럼 작용하는 준우도(quasi-likelihood)를 이용할 수 있다.  $i$ 번째 관찰 값의 준우도는 다음과 같다.

$$Q_i = \frac{w_i}{bd} \{n_i \log[cg(x_i, y_i)] - cg(x_i, y_i) + n_i - n_i \log(n_i)\} \tag{6}$$

총 준우도는 다음과 같다.

$$Q = \sum_{i=1}^s Q_i \tag{7}$$

공식 (4)와 (5)의 계수들의 추정은 최대준우도추정법(maximum quasi-likelihood estimate)을 이용할 수 있다. 총 준우도를 최대로 하는 계수들을 찾는 방법이다.  $bd$ 를 잔여 자유도로 나누어진 Pearson  $\chi^2$ 를 계산함으로써 추정할 수 있다.

$$\hat{bd} = \frac{1}{s-q} \sum_{i=1}^s \frac{w_i [N_i - \hat{E}(N_i)]^2}{\hat{E}(N_i)} \tag{8}$$

$q$ 는 모델에서 이용된 회귀계수의 개수로 공식 (4)에서는  $q = 5$ 이다. 우리는 분산-공분산 행렬을  $\hat{bd}$ 를 총 준가능도의 Hessian matrix의 음 역행렬(negative inverse) 과 곱함으로써 얻을 수 있다. 추정된 계수들의 표준오차는 분산-공분산 행렬의 대각선원소들의 제곱근(square root of the diagonal elements of variance-covariance matrix)으로 주어진다.

모델을 본 실험인 타가수정을 이용한 실험에 적용함에 있

어 먼저 몇 가지 이상적인 상황에 대한 가정이 필요하다. 부분과 모본은 균일하게 같은 밀도로 충분히 넓은 면적에 심어져 있어야 하며 각각이 같은 양의 화분은 같은 시간 동안 생산해야 한다. 그러므로 전 포장에 걸쳐서 퇴적된 화분의 밀도는 동일하다.  $\omega$ 를 포장에 걸쳐 퇴적된 화분의 밀도라고 한다면 위치( $x_i, y_i$ )에 퇴적된 화분 중 부분 화분의 추정비율은  $g(x_i, y_i)/\omega$  이다. 그리고 위치( $x_i, y_i$ )에 결실된 종실 수를  $w_i$ 라고 한다면, 타가수분된 종실의 수는 평균  $w_i g(x_i, y_i)/\omega$ , 분산  $w_i g(x_i, y_i)[1-g(x_i, y_i)]/\omega$ 의 이항 분포를 따른다. 만약  $g(x_i, y_i)/\omega$  가 충분히 작다면 분산은  $w_i g(x_i, y_i)/\omega$  로 간단히 표현할 수 있다. 또한 실험결과로서의 타가수정 비율의 평균과 분산은 각각  $g(x_i, y_i)/\omega$  와  $g(x_i, y_i)/(w_i \omega)$  이다. 그러므로 분산은 평균에 비례한다. 하지만 실제 포장에서 유효 화분 생산량은 품종에 따라서 다를 것이다. 만약 품종간 화분 발생시기가 잘 일치하지 못한다면 부분의 유효 화분 생산은 훨씬 낮을 것이다. 결국 포장 전반에 걸쳐서 화분의 퇴적은 특히 포장 외각에 있어서 불균일하게 된다. 이러한 경우에는 부분과 모본의 화분 비산을 각각 공식 (2)를 적분함으로써 계산하여 그 상대적인 비를 계산해야 한다. 하지만 이러한 방법은 너무 많은 노동력을 요구하므로, 만약 포장이 아주 작지 않다면 예측된 타가수분율은 거의  $g(x_i, y_i)$ 에 비례할 것이다. 그러므로 표준화 상수인  $b$ 의 존재와 분산 증폭 요소인  $d$ 를 허용하면서 공식 (4), (5)를 이용할 수 있다. 그러므로 포집기를 이용한 방법과 같은 방법을 통하여 계수들을 예측할 수 있다. 상수  $c$ 의 의미는 복잡하다.

모델의 계수들은 몇 가지 컴퓨터 소프트웨어를 이용하여 추정이 가능하다. SAS의 'nlin'(SAS, 1999), Mathematica의 'NMinimize'(Wolfram, 2003), MATLAB의 'fminunc'함수(MathWorks, 2000) 등이 대표적이다. 본 실험에서는 Dr. Yamamura가 제작한 MATLAB 프로그램을 이용하였다. 프로그램은 [http://cse.niaes.affrc.go.jp/yamamura/Estimation\\_of\\_gamma\\_model\\_MCR.html](http://cse.niaes.affrc.go.jp/yamamura/Estimation_of_gamma_model_MCR.html)에서 제공받을 수 있다. 모델링에 이용된 개체는 서쪽으로 128개, 동쪽으로 464개로 총 592개이다.

**유전자유출 한계거리와 최소 동일작물 재배 한계거리**

감마모델로서 예측된 타가수분율을 근거로 GMO 격리 포장 관리를 위하여 '유전자유출 한계거리'와 '최소 동일작물 재배 한계거리'를 설정하였다(이 등, 2010). '유전자유출 한계거리'는 'GMO의 화분이 비산되어 유전자 유출이 우려되는 거리로서 바람에 의한 옥수수 화분의 이동거리를 근거로 한다. 타가수분율이 국내법상 비의도적 GMO 혼입허용치인 0.03까지 낮아지는 거리를 '최소 동일작물 재배 한계

거리' 그리고 0.001 까지 낮아지는 거리를 '유전자유출 한계거리'로 설정하였다.

**결과 및 고찰**

산출된 모델의 회귀계수, 준우도 및 피어슨 카이 제곱값은 Table 1에 제시하였다. 모델의 결정계수는 0.44로 예측치가 실측치를 잘 설명하는 것으로 나타났다. 서-동 방향의 타가수분율 평균과 모델의 비교는 Fig. 1 그리고 감마모델로 예측된 log 10 타가수분율의 등고선그래프는 Fig. 2에 표시하였다. 모델링 결과 북서쪽으로 최대 화분비산이 발생한 것으로 예측되었다.  $\delta_x$ 가 음수(-0.08),  $\delta_y$ 가 양수(0.1)인 것으로도 방향확인이 가능하다. 또한 최대 비산 방향인 북서쪽에서의 '최소 동일작물 재배 한계거리(0.03)'는 35 m로

'유전자유출 한계거리(0.001)'는 525 m로 예측되었다.

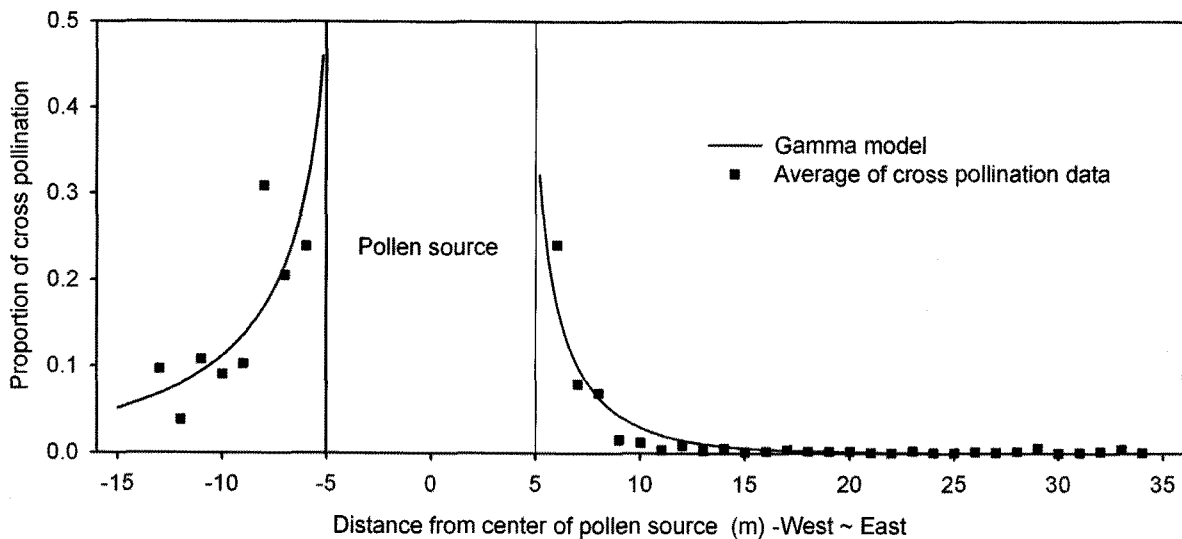
이 결과를 2008년과 2009년에 동일 포장에서 이루어진 1차원 모델인 지수감소모델을 이용한 예측과 비교해 보면 2008년에 최대 비산방향이 동쪽, '유전자유출 한계거리(0.001)'가 257 m 그리고 2009년에 최대 비산방향이 동쪽, '유전자유출 한계거리(0.001)'가 313 m 인 것(이 등, 2010)과는 다르게 2010년에는 방향이 상이하고, 비산거리도 더 멀리까지 예측된 것으로 나타났다. 2008년과 2009년의 서풍이 2010년의 남동풍으로 변한 것을 볼 때 다년간의 풍향, 모델링 데이터 축적이 격리포장 관리에 있어서 필수적인 것으로 사료된다. 또한 1차원 모델인 지수감소모델에 비하여 2차원 모델인 감마모델은 더욱 세밀하고 실제적인 결과를 도출해 낼 수 있었다.

화분 비산 모델의 이해 및 적용에는 여러 가지 고려할 점이 있다. Brookes and Barfoot(2004)은 옥수수의 화분비산으로 인한 타가수분율을 연구함에 있어서 화분비산에 영향을 주는 몇 가지의 중요한 요인을 제시하였다. 1) 옥수수의 재배시기, 2) 옥수수의 품종, 3) 완충작물(Buffer crop): GMO의 화분비산을 막기 위해서 GMO 작물 주변으로 심는 Non-GMO 작물. 4) 온도와 습도, 5) 바람의 방향과 세기, 6) 장벽(Barriers): 수풀이나 나무를 심어서 공기의 흐름을 저해하는 효과를 가지고 온다. 때때로 화분집중지대(hot spot)를 형성한다. 7) 테두리(borders)의 길이/포장의 모양, 8) 자가과종종자: 자가과종종자는 재배인가 예측 할 수 없는 개체를 생산할 수 있다. 이런 각 요소들은 모델링에 있어 아직까지 그 이해와 적용의 폭이 매우 적으나, 향후 연구를

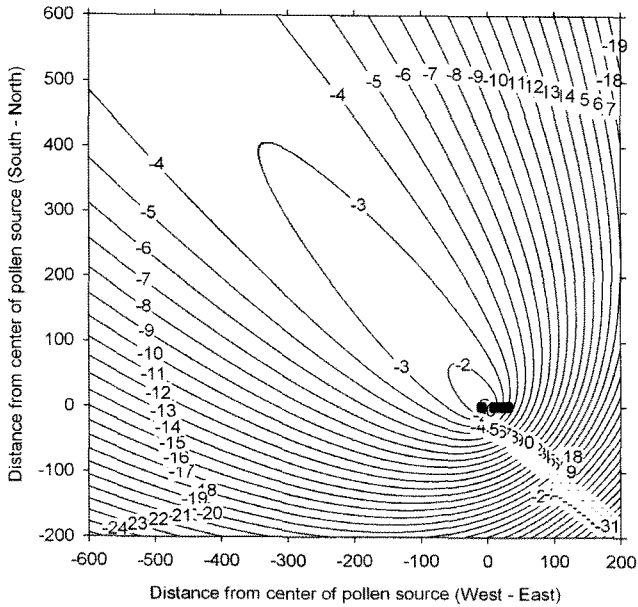
**Table 1.** Estimated parameters for the gamma model.

Parameter	Value ± SE
$\log_{10}(\hat{k})$	-1.4545 ± 0.0021
$\log_{10}(\hat{\lambda})$	-15.8802 ± 0.0001
$\hat{\delta}_x$	-0.0828 ± 0.0017
$\hat{\delta}_y$	0.0984 ± 0.0012
$\log_{10}(\hat{c})$	3.2215 ± 0.0050
Quasi-deviance	24.9925
Pearson $\chi^2$	138.539

SE, standard error.



**Fig. 1.** Comparison between observed data and estimated proportions of cross-pollination of gamma model. Black dots indicate the observed proportion of cross-pollination averaged for each of the northward distances.



**Fig. 2.** Estimated contours of logarithm with base 10 of the proportion of cross-pollination. Black dots indicate the position of samples that were used in the estimation of parameters.

통하여 극복 될 것으로 기대된다.

감마모델은 거리에 따른 타가수분율이나 화분검출을 이용하여 화분비산을 예측하는 모델로 산출된 결과를 통하여 화분비산시기의 바람의 방향과 정도를 유추할 수 있다. 하지만 포장에서의 화분비산시기의 풍속, 풍향, 강우 등의 기상 데이터가 확보된다면 모델의 해석 및 적용을 더욱 깊이 있게 만들어 줄 것이다. 또한 다년간의 모델링과 기상데이터의 축적은 미래의 화분 유효비산거리 예측에 큰 도움이 될 것으로 사료된다.

화분 비산 모델을 통해 얻어진 결과들은 ‘유전자유출 한계거리(0.001)’ 등의 유효비산거리를 산출함으로써 GMO 격리포장의 관리지표로 이용이 가능하다. 또한 비산방향을 보다 정확하게 예측하여 그 방향의 동일 작물들에 대한 확인과 관리가 수반될 수도 있을 것이다. 향후 보다 효율적이고 철저한 GMO 격리 포장의 관리를 위하여 더 많은 모델링 데이터 축적과 더불어 새로운 모델의 개발 및 다양한 모델과의 비교가 필요하다.

## 사 사

모델 예측 프로그램을 제공해주고, 많은 질문에 친절하게 답변해준 Dr. Yamamura님께 특별한 감사의 말씀을 전합니다. 본 연구는 농촌진흥청 Biogreen21(PJ007126)의 지

원으로 이루어졌습니다.

## 적 요

본 연구는 유전자 조작 옥수수의 유전자 유출을 막기 위한 관리방법 개발의 목적으로 고려대학교 GMO 격리포장에서 2010년에 수행된 화분 비산실험의 결과를 이용하여 Yamamura(2004)의 Gamma model로 모델링하였다.

1. 모델의 결정계수는 0.44로 예측치가 실측치를 잘 설명하였다.
2. 옥수수 화분의 최대 비산 방향은 북서쪽으로 나타났다.
3. 최대 비산 방향으로 타가수분율이 0.001까지 낮아지는 거리인 ‘유전자유출 한계거리(0.001)’는 525 m 그리고 국내법상 비의도적 GMO 혼입허용치인 0.03 까지 낮아지는 거리인 ‘최소 동일작물 재배 한계거리(0.03)’는 35 m로 나타났다.

## 인용문헌

- Angevin F., E. K. Klein, C. Choimet, A. Gauffreteau, C. Lavigne, A. Messen and J. M. Meynard. 2008. Modelling impacts of cropping systems and climate on maize cross-pollination in agricultural landscapes: The MAPOD model. *Eur. J. Agron.* 28: 471-484.
- Arritt R. W., C. A. Clark, A. S. Goggi, H. L. Sanchez and M. E. Westgate, J. M. Riese. 2007. Lagrangian numerical simulations of canopy air flow effects on maize pollen dispersal. *Field Crops Res.* 102: 151-162.
- Brookes G. and P. Barfoot 2004. Coexistence of GM and Non GM Crops: Case Study of Maize Grown in Spain. PG Economics Ltd., Dorchester, UK.
- Dupont S., Y. Brunet and N. Jarosz. 2006. Eulerian modelling of pollen dispersal over heterogeneous vegetation canopies. *Agric. For. Meteorol.* 141: 82-104.
- Gatehouse A. M. R., N. Ferry and R. J. M. Raemaekers. 2002. The case of the monarch butterfly: a verdict is returned. *Trend. Genet.* 18: 249-251.
- Jarosz N., B. Loubet and L. Huber. 2004. Modelling airborne concentration and deposition rate of maize pollen. *Atmosph. Environ.* 38: 5555-5566.
- Klein E. K., C. Lavigne, X. Foueillassar, P. H. Gouyon and C. Laredo. 2003. Corn Pollen Dispersal: Quasi-Mechanistic Models and Field Experiments. *Ecol. Monogr.* 73: 131-150.
- Kuparinen A., T. Markkanen, H. Riikonen and T. Vesala. 2007. Modeling air-mediated dispersal of spores, pollen

- and seeds in forested areas. *Ecol. Model.* 208: 177-188.
- Losey J. E., L. S. Rayor and M. E. Carter. 1999. Transgenic pollen harms monarch larvae. *Nature.* 399: 214.
- Murray D. R. 2003. *Seeds of concern. The genetic manipulation of plants.* CABI Publishing, New York.
- Sears M. K., R. L. Hellmich, D. E. Stanley-Horn, K. S. Oberhauser, J. M. Pleasants, H. R. Mattila, B. D. Siegfried and G. P. Dively. 2001. Impact of Bt corn pollen on monarch butterfly populations: A risk assessment. *PNAS* 98: 11937-11942.
- Wolt J. D., C. A. Conlan and K. Majima. 2005. An ecological risk assessment of Cry1F maize pollen impact to pale grass blue butterfly. *Environ. Biosafety Res.* 4: 243-251.
- Yamamura K. 2004. Dispersal distance of corn pollen under fluctuating diffusion coefficient. *Popul. Ecol.* 46: 87-101.
- 이용호, 문준철, 왕굉위, 이동진, 백형진, 장영석, 김욱. 2010. 옥수수의 화분비산으로 인한 타가수정의 지수감소모델을 이용한 모델링. *한국국제농업개발학회지.* 22(2): 170-173.
- 한국바이오안전성정보센터. 2009. 2009년 바이오안전성 백서.
- 한국바이오안전성정보센터. 2010. LMO 관련 주요 통계.