pISSN 1229-1153 / eISSN 2465-9223 *J. Food Hyg. Saf.*
Vol. 32, No. 1, pp. 8~13 (2017)
https://doi.org/10.13103/JFHS.2017.32.1.8

Journal of Food Hygiene and Safety
Available online at http://www.foodhygiene.or.kr

재배단계 농산물의 안전성 모의실험을 위한 개체기반 프로그램 개발

한상현* · 이기훈 · 양성규[1] · 김황용[2] · 김현주 · 류재기
농촌진흥청 국립농업과학원 농산물안전성부 유해생물팀, [1]성균관대학교 물리학과, [2]농촌진흥청 기술협력국

New Tool to Simulate Microbial Contamination of on-Farm Produce: Agent-Based Modeling and Simulation

Sanghyun Han*, Ki-Hoon Lee, Seong-Gyu Yang[1], Hwang-Yong Kim[2], Hyun-Ju Kim, and Jae-Gee Ryu
Microbial Safety Team, Department of Agro-Food Safety and Crop Protection, National Institute of Agricultural Sciences (NAS), Rural Development Administration (RDA), Wanju 55365, Republic of Korea
[1]Department of Physics, Sungkyunkwan University, Suwon 16419, Republic of Korea
[2]Technology Cooperation Bureau, RDA, Jeonju 54875, Republic of Korea
(Received November 3, 2016/Revised November 25, 2016/Accepted December 14, 2016)

ABSTRACT : This study was conducted to develop an agent-based computing platform enabling simulation of on-farm produce contamination by enteric foodborne pathogens, which is herein called PPMCS (Preharvest Produce Microbial Contamination Simulator). Also, fecal contamination of preharvest produce was simulated using PPMCS. Although Agent-based Modeling and Simulation, the tool applied in this study, is rather popular in where socio-economical human behaviors or ecological fate of animals in their niche are to be predicted, the incidence of on-farm produce contamination which are thought to be sporadic has never been simulated using this tool. The agents in PPMCS including crop, animal as a source of fecal contamination, and fly as a vector spreading the fecal contamination are given their intrinsic behaviors that are set to be executed at certain probability. Once all these agents are on-set following the intrinsic behavioral rules, consequences as the sum of all the behaviors in the system can be monitored real-time. When fecal contamination of preharvest produce was simulated in PPMCS as numbers of animals, flies, and initially contaminated plants change, the number of animals intruding cropping area affected most on the number of contaminated plants at harvest. For further application, the behaviors and variables of the agents are adjustable depending on user's own scenario of interest. This feature allows PPMCS to be utilized in where different simulating conditions are tested.

Key words : on-farm produce safety, agent, modeling, simulation

농산물은 전통적으로 축산물에 비해 인체 위해 미생물에 의한 오염으로부터 안전한 식품이라고 생각되어 왔다. 그러나, 미국과 유럽에서 농산물에 오염된 식중독 세균으로 인해 대규모 식중독사고가 수 차례 일어난 바 있었고[1-6], 이후 여러 연구자들의 연구결과, 농산물 재배 환경으로 유입된 식중독 세균에 의해 농산물이 오염되어 결국 식중독 사고로 연결될 수 있다는 것이 증명되면서 농산물도 유해 미생물에 의한 오염으로부터 안전하지 않을 수 있다는 인식이 확산되고 있다[7-10]. 이에 식중독 세균 등 유해 미생물에 의한 농산물 오염을 예측하여 대응방안을 마련할 수 있도록 하는 연구가 매우 필요한 시점이다. 하지만 재배단계에서의 농산물 또는 재배환경 오염은 그 빈도가 매우 낮고 발생 패턴도 극히 불규칙하여[11-15] 오염발생 예측을 위한 계량적 요소가 많지 않기 때문에 기존의 계량적 자료를 획득하여 만들어지는 수리모형이나 확률통계모형을 기반으로 한 예측모형은 개발이 어렵다. 이와 달리 개체기반모형(Agent-Based Model, 개체기반모형 또는 행위자기반모형)은 목적지향적인 각 개체들이 내재된 특성에 따라 상황 의존적 또는 자율적 행동을 하였을 때 나타나는 결과를 바탕으로 앞으로의 변화를 예측하는 모형으로서 연구에 필요한 자료가 한정적인 경우에도 간단한 행동규칙과 몇 개의 변수를 활용하여 직관적 분석이 가능하다. 따라서 농산물 안전성에 영향을 미치는 여러 개체 (농작

*Correspondence to: Sanghyun Han, Microbial Safety Team, Department of Agro-Food Safety and Crop Protection, NAS, RDA, Wanju 55365, Republic of Korea
Tel: 82-63-238-3397, Fax: 82-63-238-3840
E-mail: sanghyun.han@korea.kr

물, 오염원, 오염매개자)가 상호작용하는 메커니즘을 모의실험하는 경우에 유용하다고 할 수 있다. 일반적인 개체기반모형은 자율적 목적지향적인 개별 개체(agent)의 행동특성과 상호작용을 기반으로 전체 시스템의 메커니즘을 분석하는 것을 주요 목적으로 하며, 개체와 환경으로 구성되어 있다. 개체와 환경의 특성은 다음과 같다. 첫째, 환경은 고정된 값이 아니라 변화하는 동적 시스템이다. 둘째, 개체는 목적을 가지고 내재된 행동규칙에 따라 목표에 도달하는 방향으로 행동한다. 셋째, 개체는 환경에 대한 가장 합리적인 선택을 하면서 행동한다. 환경이 지속적으로 변화하므로 개체는 유사한 상황일지라도 다르게 행동하여 이전과는 다른 결과가 나타날 수 있다. 개체기반모형이 기존의 다른 모형과 구별되는 특징은 연구에 필요한 계량적인 자료가 한정적이어도 간단한 행동규칙과 몇 개의 변수를 활용하여 분석이 가능하기 때문에 자료수집이 어려운 연구를 대상으로 할 수 있고, 개체와 환경의 변화를 예측할 때 미래의 특정 시점뿐만 아니라 변화하는 과정을 관찰할 수 있으며, 여러 종류의 개체가 서로 연관되어 있는 경우에도 연관성에 대한 직관적 분석이 가능한 장점이 있다.

개체기반모형은 개발환경을 지원하는 범용 또는 전용 소프트웨어나 툴킷(toolkit)를 사용하여 제작이 가능하며, Visual Basic, C++, Java 등 프로그래밍 언어를 이용해서도 개발할 수 있다. 최근 컴퓨터의 처리 용량과 속도의 비약적인 발전으로 인해 여러 개체가 상호작용하는 복잡한 메커니즘을 개체기반모형으로 구현하는 것이 용이하게 되었다. 또한 기후환경 변화에 따른 생태계 변화를 예측하거나[16-17], 사회과학에서 인간의 행위변화 예측[18]을 위해 개체기반모형이 적용된 사례가 있지만 농산물 안전성 분야에서는 현재까지 시도된 바 없다.

본 연구는 재배단계 농산물의 안전성을 모의실험하기 위한 새로운 도구로서 개체기반모형의 활용 가능성을 제안하기 위하여 '재배단계 농산물의 안전성 모의실험을 위한 개체기반 프로그램'을 개발하고자 수행되었다. 즉, 농작물과 오염원, 그리고 오염매개자가 상호작용할 수 있는 가상공간에서 야생동물이 출입할 수 있는 엽채류 재배지역을 설정하고, 야생동물이 발생시키는 분변과 이를 통한 농작물 및 재배토양의 식중독균 오염, 분변을 매개하는 위생해충, 그리고 농작물 및 재배토양 중 식중독균 생존이 구현 가능하도록 하여 각각의 개체들이 임의로 부여된 행동규칙에 따라 행동하고 상호작용하도록 사용자가 명령할 수 있는 프로그램을 개발하는데 연구목적을 두었다.

Materials and Methods

모의실험 대상 및 개체기반 프로그램 개발환경

본 연구는 재배단계 농산물의 오염이 재배환경에 존재하는 개체들에 의해 어떻게 영향을 받는지를 모의실험 하기 위한 개체기반의 프로그램을 개발하기 위해 수행하였다. 모의실험 대상은 가축 또는 야생동물이 출입할 수 있는 가상의 엽채류 재배지역으로 하였다. 재배지역을 출입하는 동물은 재배지역 내 분변을 배설할 수 있으며 이러한 분변에 있는 장관유래 식중독 세균에 의해 토양 오염 또는 농작물 오염이 발생될 수 있도록 하였다. 이 오염은 시간이 지남에 따라 점차 소멸되지만 건전한 동물이 오염된 농작물을 섭취하는 경우 식중독 세균이 다시 동물의 장내로 들어가게 되어 건전 동물이 보균 동물로 변할 수 있도록 하였고, 역시 이 보균 동물이 배설하는 분변에는 식중독 세균이 있도록 하였다. 가상의 엽채류 재배환경에 동물 분변과 함께 배출된 식중독 세균은 파리와 같은 위생해충에 의해 다른 곳의 토양이나 농작물에 옮겨질 수 있게 하였다. 작물체는 60일 동안 생장하고, 동물은 이 기

Table 1. Action and interaction rules given for each agent in the model system of Preharvest Produce Microbial Contamination Simulator (PPMCS)

Agent	Actions and interactions
Crops	· vegetative growth for 60 days · possibly damaged by animal but regrowth after damage
Herbivorous animals	· intrude into cropping area at random chance · feed on crops at preset probability to obtain energy · excrete feces at certain interval depending on energy uptake · if feed on crops contaminated with enteric foodborne pathogens, animal turns into carrier · carriers excrete feces that potentially contaminate crops or soil with enteric foodborne pathogens · carriers recover at certain probability · no change in population during 60 days
Flies	· feed on animal feces to obtain energy · if contact with feces containing enteric foodborne pathogen, fly becomes able to spread microbial contamination into surroundings · also reduce microbial contamination in crops and soil as decomposing animal feces · possibly change in population depending on energy uptake

간동안 개체군의 밀도 증감이 없으며, 파리는 시간이 지남에 따라 개체군 밀도가 변동될 수 있도록 하였다. 각각의 개체들이 가지는 고유한 행동규칙은 Table 1에 나타내었고, 이러한 행동규칙은 개체기반모형의 개발환경을 지원하는 전용 소프트웨어인 NetLogo[19]를 이용하여 각 개체별로 가상환경에서 구현이 되도록 하였다. NetLogo는 Scala와 Java 프로그래밍 언어에 기반을 두고 있으며, 여러 개체에게 동시에 실행 가능한 명령을 부여할 수 있어 개체간 상호작용이 복잡한 환경의 시계열적 변화 패턴을 분석하는데 적합하다.

개체기반 프로그램의 구동

본 연구에서 개발한 개체기반 프로그램의 구동화면은 Fig. 1과 같으며, 모형명칭은 Preharvest Produce Microbial Contamination Simulator (PPMCS)로 하였다. PPMCS를 구동하기 위해서는 우선 NetLogo 소프트웨어를 https://ccl.northwestern.edu/netlogo/에서 다운로드 받아 개인용 컴퓨터에 설치한 다음, PPMCS 인터페이스와 스크립트를 열면 되며, PPMCS 인터페이스와 스크립트는 http://modeling-commons.org/browse/one_model/4810에서 다운로드 받을 수 있다. PPMCS 초기화면에서 'setup-clear' 단추를 클릭한 후, 'Start' 단추를 클릭하면 모형이 구동되도록 설정하였다. NetLogo 설치 없이 온라인상에서 직접 PPMCS를 구동할 수 있는 방법도 있는데 http://modelingcommons.org/browse/one_model/4810에서 'Run in NetLogo Web' 탭을 클릭하면 Fig. 1에서 보이는 것과 같이 작물이 재배되는 환경에 엽채류 작물 및 초식성 동물, 그리고 동물 배설물을 먹이로 하는 위생해충이 개체로서 같은 공간에 있게 재현되도록 하였다.

PPMCS 초기화면의 왼쪽에는 각 개체의 행동규칙을 조절할 수 있는 단추를 두었다. 예를 들어, 작물에 대해서는 재배면적, 초기 작물체수, 생장속도를 조절할 수 있게 하였다. 각 개체별로 조절할 수 있는 행동규칙의 변수는 Table 2에 설명하였다.

개발된 개체기반 프로그램을 이용한 모의실험

재배단계 농산물의 미생물적 오염 발생을 모의로 실험하기 위해 작물 재배지역에 출입하는 초식동물의 수, 오염을 매개하는 위생해충의 수, 그리고 초기 오염 작물체의 수를 달리하면서 농산물 오염을 모니터링 하였다. 시뮬레이션을 위해 초식동물은 50%의 확률로 작물을 섭취하도록 하였고, 총 활동 시간의 5% 동안 토양이든 작물

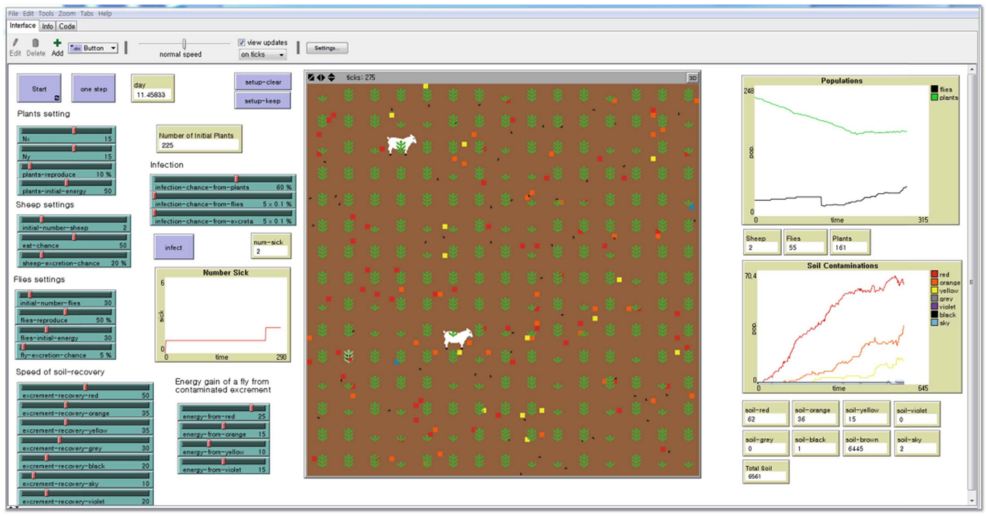

Fig. 1. Screen of PPMCS while simulating microbial contamination.

Table 2. User adjustable variables

Setting	Variable
Plant (crop)	size of area, number of crops, growth rate
Animal	initial number of animals, feeding rate, excreting rate
Vector (fly)	initial number of flies, population growth rate, energy uptake rate, decomposing rate, contamination transmitting rate
Soil recovery	recovery rate from contamination
Contamination	initial number of contaminated crops, probability of crop contamination upon receiving microbial inocula, probability of contamination through vector transmission, probability of contamination through fecal contact

체든 상관없이 임의의 장소에서 분변을 배설하도록 하였다. 동물이 재배지역내 식중독균에 오염된 농작물을 섭취하게 되면 50%의 확률로 체내 식중독균을 보균하도록 하였다. 동물 분변 오염은 위생해충에 의해 10%의 확률로 다른 곳의 토양이나 작물에 옮겨질 수 있게 하였다. 동물은 작물 생육기간인 60일 동안 수적 증가나 감소 없이 초기 설정 밀도가 계속 유지되도록 하였으나 위생해충은 동물 분변 섭취량에 비례해서 밀도 변동이 가능하도록 설정하였다. 작물체는 가로 15 개체, 세로 15 개체로 하여 총 225개의 개체가 가상공간에서 재배되도록 설정하였다. 시뮬레이션은 각 조건마다 10회 실시하였다.

Results

작물 재배지역 출입 초식동물 개체수 영향 모의실험 결과

225 개체의 작물이 재배되고 있는 가상의 재배지역에 출입하는 초식동물의 개체수를 한 마리부터 열 마리까지 증가시키면서 60일 이후 최종적으로 오염된 작물 개체수를 시뮬레이션을 통해 조사한 결과, 동물의 개체수가 증가할수록 오염되는 작물의 개체수도 증가하는 것으로 나타났다(Fig. 2). 다만 오염되는 작물 개체수의 증가 양상은 7 마리까지 매우 완만하다가 8~9 마리가 재배지역에 출입하는 경우에는 오염되는 작물 개체수가 급격하게 늘어나는 것을 관찰할 수 있었다. 그러나 동물이 10 마리인 경우에는 다시 오염된 작물 개체수가 줄어들었는데 이는 동물 개체수가 많아지면서 동물이 섭취하여 없어지는 작물 개체수가 늘어나기 때문이었다. 본 시뮬레이션 결과값은 표준편차가 큰데 이는 작물체의 식중독균 오염이 매우 불규칙하고 산발적으로 발생하는 사건임을 감안하면 현실을 적절히 재현하고 있는 것으로 판단된다.

작물 재배지역 서식 위생해충 개체수 영향 모의실험 결과

작물 재배지역에 출입하는 동물의 개체수는 2 마리로 고정을 하고 오염을 매개할 수 있는 파리의 개체수를 100 마리까지 증가시키면서 작물체의 미생물 오염을 시뮬레이션 한 결과, 파리 개체수의 영향은 그리 크지 않은 것으로 나타났다(Fig. 3). 이는 파리가 미생물 오염을 다른 작물체로 전파시킬 수 있는 확률이 매우 낮을 뿐만 아니라 오염원이 되는 동물의 분변은 증가하지 않았기 때문인 것으로 판단된다. 또한 파리는 분해자의 역할을 하도록 설정되어 있기 때문에 파리 개체수가 70 마리 이상으로 늘어날수록 동물의 분변이 빠르게 분해되어 결과적으로 오염된 작물 개체수도 줄어드는 양상으로 나타난 것으로 보인다.

초기 오염 작물 개체수 영향 모의실험 결과

초기에 오염된 작물의 개체수도 60일간의 재배기간 후

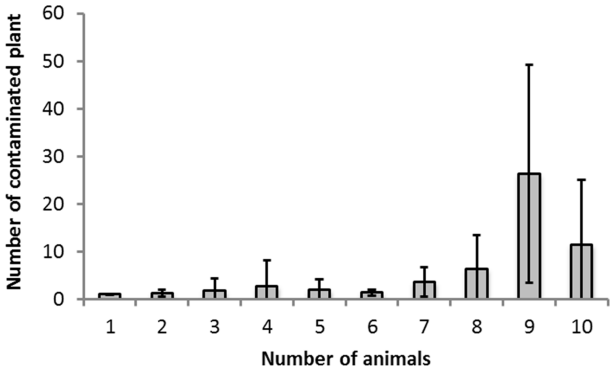

Fig. 2. Impact of animal numbers intruding cropping area on the contamination level of preharvest produce; Values are mean of simulations executed ten times; Error bar represents standard deviation.

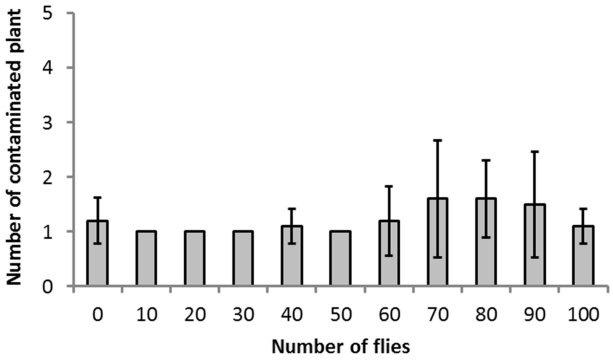

Fig. 3. Impact of fly numbers residing in cropping area on the contamination level of preharvest produce; Values are mean of simulations executed ten times; Error bar represents standard deviation.

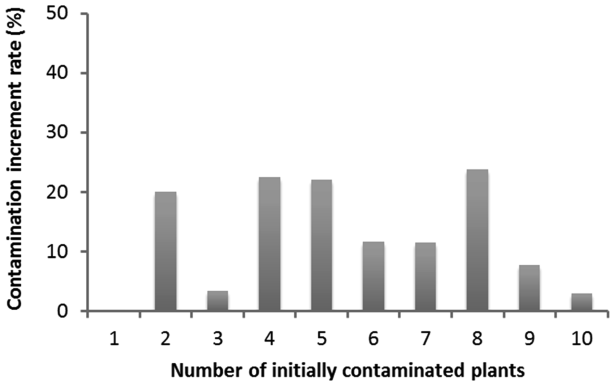

Fig. 4. Rate of contamination increment as the number of initially contaminated plants increase; Values are mean of simulations executed ten times.

최종적인 작물의 미생물 오염 개체수에 영향을 주지만 그 양상은 일정하지 않아 오염 증가율이 높을 때는 약 20% 수준인 것으로 나타났다(Fig. 4). 이는 초기에 오염된 작

물이 많더라도 동물이 오염된 작물을 섭취할 확률은 불규칙적이었다는 것을 나타내는 것으로 판단된다.

Discussion

본 연구에서 개발된 개체기반 프로그램은 농산물의 재배단계에서 농산물이 식중독세균에 의해 오염되고, 이후 오염이 확산되는 과정을 모의실험 할 수 있도록 사용자 편의의 platform을 제공하는데 의의가 있다. 기존의 질병 확산 예측에 사용되는 역학모델과 개념적으로는 유사하지만 질병확산 역학모델은 질병의 감염율 및 감염원 노출위험도와 같은 계량적 자료를 기초로 확산계수를 계산하여 질병의 확산속도를 예측하는 것인 반면[20-21], 본 연구에서 사용한 개체기반모형은 계량적 자료에 의존하지 않고 각 개체가 지닌 고유의 행동특성을 실행하였을 때 나타나는 결과를 보고 확산을 예측하는 메커니즘이다. 따라서 개체기반모형은 예측에 필요한 충분한 양의 priori data가 없는 경우에 사용될 수 있는 모형이라 할 수 있으며, 농산물 오염과 같이 오염빈도가 매우 낮고, 오염발생도 극히 불규칙하게 일어나는 사건을 예측하는데 적합하다고 할 수 있다. 현재까지 개체기반모형을 통해 재배단계 농산물의 오염을 예측하여 농산물의 안전성을 평가하고자 하는 시도는 본 연구가 최초이며, 농산물 안전성 분야가 아닌 다른 분야, 예를 들어 기후변화의 생태계에 대한 영향[17], 도시계획 평가[22], 토지이용 예측[23]에서 개체기반모형 기반의 예측모델을 개발한 사례가 있다.

본 연구의 '재배단계 농산물의 안전성 모의실험 개체기반 프로그램'은 컴퓨터 코딩 언어에 익숙하지 않은 사용자라도 쉽게 변수를 바꾸어 입력할 수 있도록 개발되었는데, 예를 들어 초기화면에서 슬라이드바 단추를 조절하면 농산물 재배포장의 면적, 농작물 개체수, 재배포장 출입 동물의 개체수, 동물 분변 발생 빈도, 식중독세균 오염 농작물 초기 개체수, 오염매개 위생해충 개체수, 위생해충 개체군 증감률, 미생물적 오염이 재배포장에서 자연적으로 정화되는 속도 등을 변경할 수 있다. 따라서 사용자가 원하는 시나리오에 따라 행동규칙 변수를 조절하여 모의실험을 함으로써 식중독세균에 의한 농산물 오염이 어떻게 발생, 확산 또는 저감될 수 있는지 실시간으로 모니터링할 수 있다. 행동규칙 변수를 바꾸어가며 다양한 시나리오를 모의실험할 수 있기 때문에 온도 상승 등 기후변화시 농산물 오염발생 예측, 야생동물이나 가축 출입 방지에 따른 농산물 오염 예방효과, 오염된 축분퇴비나 관개용수 사용 등 오염원 유입으로 인한 농산물 오염 위험평가 등 다양한 활용이 가능하다. 또한, 사용자가 원하는 시나리오를 적용하여 모형을 실행하는 것뿐만 아니라 컴퓨터 코딩언어에 대한 기초적인 이해만 있으면 Supplement에 제공된 스크립트를 변경함으로써 더욱 정교하고 현실의 상황에 맞는 개체기반모형으로의 개선이 가능하다. 다만 가장 과학적인 개체기반모형은 각 개체들의 고유 행동특성에 대한 문헌정보나 연구결과를 스크립트에 반영할 때 이루어지기 때문에 본 연구에서 개발된 개체기반모형의 개선을 위해서는 작물체, 오염원 동물, 오염매개 위생해충에 대한 각각의 행동특성 구명을 위한 연구가 선행될 필요가 있다.

Acknowledgement

본 연구는 농촌진흥청 공동연구사업(과제번호: PJ01156301)의 지원에 의해 이루어진 것임.

국문요약

본 연구는 식중독 세균 등 유해미생물에 의한 농산물 오염을 예측하여 대응방안을 마련할 수 있도록 하는데 필요한 모의실험 computing platform을 개발하고자 수행되었다. 농산물 오염은 그 빈도가 매우 낮고, 발생패턴도 극히 불규칙하여 계량적 요소가 많지 않기 때문에 기존의 광범위하게 활용되는 수리모형(Mathematical Modeling)이나 확률통계모형(Probability Statistical Modeling)을 기반으로 한 예측모형은 개발이 어렵다. 이와는 달리 개체기반모형(Agent-based Model)은 목적지향적인 각 개체들이 내재된 특성에 따라 변화하는 환경에서 상황 의존적 또는 자율적 행동을 하였을 때 나타나는 결과를 바탕으로 앞으로의 변화를 예측하는 모형으로 각 개체들에 대한 간단한 행동규칙과 몇 개의 변수를 활용하여 직관적 분석 가능하기 때문에 농산물의 안전성에 영향을 미치는 여러 개체 (농작물, 오염원, 오염매개자)가 상호작용하는 메커니즘을 모의실험하는 경우에 유용하다. 본 연구에서는 Scala와 Java 프로그래밍 언어에 기반을 둔 개체기반모형 개발환경을 지원하는 전용 소프트웨어인 NetLogo[19]를 이용하여 프로그램을 제작하였다. 개발된 모형은 가상의 엽채류 재배지역을 대상으로 가축 또는 야생동물이 출입할 수 있도록 하였고, 이들 동물이 배설하는 분변에 있는 장관유래 식중독 세균에 의해 토양 오염 또는 농작물 오염이 발생될 수 있도록 하였다. 이 오염은 시간이 지남에 따라 점차 소멸되지만 건전한 동물이 오염된 농작물을 섭취하는 경우 다시 동물의 장내로 들어가게 되어 보균 동물이 될 수 있도록 하였고, 역시 이 보균 동물이 배설하는 분변에 식중독 세균이 있도록 설정하였다. 가상 엽채류 재배환경에서 생존하는 식중독 세균은 파리와 같은 위생해충에 의해 다른 곳의 토양이나 농작물에 옮겨질 수 있게 하였다. 작물체는 60일 동안 생장하고, 동물은 개체군의 밀도 증감이 없으며, 파리는 시간이 지남에 따라 개체군 밀도가 변동될 수 있도록 하였다. 동물 개체수, 파리 개체수, 그리고

초기 오염 작물 개체수를 달리하면서 작물체의 미생물 오염을 시뮬레이션한 결과, 다른 요인들 보다는 동물 개체수가 작물체 오염에 가장 큰 영향을 주는 것으로 판단되었다.

References

1. Centers for Disease Control and Prevention.: Multistate outbreaks of Salmonella serotype Poona infections associated with eating cantaloupe from Mexico-United States and Canada, 2000-2002. *MMWR*, **51**, 1044-1047 (2002).
2. Centers for Disease Control and Prevention.: Multistate outbreaks of Salmonella infections associated with raw tomatoes eaten in restaurants-United States, 2005-2006. *MMWR*, **56**, 909-911 (2007).
3. Centers for Disease Control and Prevention.: Multistate outbreak of listeriosis associated with Jensen Farms cantaloupe--United States, August-September 2011. *MMWR*, **60**, 1357-1358 (2011).
4. Grad, Y.H., Lipsitch, M., Feldgarden, M., Arachchi, H.M., Cerqueira, G.C., FitzGerald, M., Godfrey, P., Hass, B.J., Murphy, C.I., Russ, C., Sykes, S., Walker, B.J., Wortman, J.R., Young, S., Zeng, Q., Abouelleil, A., Bochicchio, J., Chauvin, S., DeSment, T., Gujja, S., McCowan, C., Montmayeur, A., Steelman, S., Frimodt-Moller., Petersen, A.M., Struve, C., Krogfelt, K.A., Bingen, E., Weill, F.X., Lander, E.S., Nusbaum, C., Birren, B.W., Hung, D.T., Hanage, W.P.: Genomic epidemiology of the *Escherichia coli* O104: H4 outbreaks in Europe, 2011. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, **109**, 3065-3070 (2012).
5. Greene, S.K., Daly, E.R., Talbot, E.A., Demma, L.J., Holzbauer, S., Patel, N.J., Hill, T.A., Walderhaug, M.O., Hoekstra, R.M., Lynch, M.F., Painter, J.A.: Recurrent multistate outbreak of *Salmonella* Newport associated with tomatoes from contaminated fields, 2005. *Epidemiol. Infect.*, **136**, 157-165 (2008).
6. Centers for Disease Control and Prevention.: Ongoing multistate outbreak of *Escherichia coli* serotype O157: H7 infections associated with consumption of fresh spinach—United States, September 2006. *MMWR*, **55**, (2006).
7. Barak, J.D., Schroeder, B.K.: Interrelationships of food safety and plant pathology: the life cycle of human pathogens on plants. *Annu. Rev. Phytopathol.*, **50**, 241-266 (2012).
8. Berger, C.N., Sodha, S.V., Shaw, R.K., Griffin, P.M., Pink, D., Hand, P., Frankel, G.: Fresh fruit and vegetables as vehicles for the transmission of human pathogens. *Environ. Microbiol.*, **12**, 2385-2397 (2010).
9. Brandl, M.T.: Fitness of human enteric pathogens on plants and implications for food safety 1. *Annu. Rev. Phytopathol.*, **44**, 367-392 (2006).
10. Teplitski, M., Barak, J.D., Schneider, K.R.: Human enteric pathogens in produce: un-answered ecological questions with direct implications for food safety. *Curr. Opin, Biotechnol.*, **20**, 166-171 (2009).
11. Gorski, L., Parker, C.T., Liang, A., Cooley, M.B., Jay-Russell, M.T., Gordus, A.G., Atwill, E.R., Mandrell, R.E.: Prevalence, distribution, and diversity of Salmonella enterica in a major produce region of California. *Appl. Environ. Microbiol.*, **77**, 2734-2748 (2011).
12. Johnston, L.M., Jaykus, L.A., Moll, D., Martinez, M.C., Anciso, J., Mora, B., Moe, C.L.: A field study of the microbiological quality of fresh produce. *J. Food Prot.*, **68**, 1840-1847 (2005).
13. Kim, W.I., Jo, A.R., Lee, J.H., Kim, S.R., Park, K.H., Nam, K.W., Yoon, Y., Yoon, D.H., Oh, S.Y., Lee, M.H., Ryu, J.G., Kim, H.Y.: Survey of microbial contamination of tomatoes at farms in Korea. *J. Food Hyg. Saf.*, **28**, 324-329 (2013).
14. Micallef, S.A., Goldstein, R.E.R., George, A., Kleinfelter, L., Boyer, M.S., McLaughlin, C.R., Estrin, A., Ewing, L., Beaubrum, J.J.G., Hanes, D.E., Kothary, M.H., Tall, B.D., Razeq, J.H., Joseph, S.W., Sapkota, A.R.: Occurrence and antibiotic resistance of multiple Salmonella serotypes recovered from water, sediment and soil on mid-Atlantic tomato farms. *Environ. Res.*, **114**, 31-39 (2012).
15. Mukherjee, A., Speh, D., Dyck, E., Diez-Gonzalez, F.: Preharvest evaluation of coliforms, *Escherichia coli*, *Salmonella*, and *Escherichia coli* O157: H7 in organic and conventional produce grown by Minnesota farmers. *J. Food Prot.*, **67**, 894-900 (2004).
16. Bousquet, F., Le Page, C.: Multi-agent simulations and ecosystem management: a review. *Ecol. Model.*, **176**, 313-332 (2004).
17. Cho, S.J., Na, Y.G., Lee, J.Y., Joh, C.H.: Analysis of the Ecological Impact of Climate Change using ABMS: A Case Study of Polar Bears and Glacier. *J. Korean Geogr. Soc.*, **46**, 291-303 (2011).
18. Bonabeau, E.: Agent-based modeling: Methods and techniques for simulating human systems. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, **99**, 7280-7287 (2002).
19. Wilensky, U., Evanston, I.: NetLogo: Center for connected learning and computer-based modeling. Northwestern University, Evanston, IL 49-52 (1999).
20. Hwang, J., Oh, C.: A study on the spread of the foot-and-mouth disease in Korea in 2010/2011. *J. Korean Data Inf. Sci. Soc.,* **25**, 271-280 (2014).
21. Ryu, S., Choi, B.: Development of epidemic model using the stochastic method. *J. Korean Data Inf. Sci. Soc.*, **26**, 301-312 (2015).
22. Kim, D.: A study on the strength and limitation of agent based urban models. *The Korea Spatial Planning Rev.*, **75**, 69-85 (2012).
23. Park, S., An, Y.S., Shin, Y., Lee, S., Sim, W., Moon, J., Jeong, G.Y., Kim, I., Shin, H., Huh, D., Sung, J., Park, C.R.: A Multi-agent System to Assess Land-use and Cover Changes Caused by Forest Management Policy Scenarios. *J. Korean Geogr. Soc.*, **50**, 255-276 (2015).

Supplement link : http://modelingcommons.org/browse/one_model/4810#model_tabs_browse_procedures

pISSN 1229-1153 / eISSN 2465-9223 *J. Food Hyg. Saf.*
Vol. 32, No. 1, pp. S1~S7 (2017)
https://doi.org/10.13103/JFHS.2017.32.1.S1

Journal of Food Hygiene and Safety
Available online at http://www.foodhygiene.or.kr

재배단계 농산물의 안전성 모의실험을 위한 개체기반 프로그램 개발

한상현* · 이기훈 · 양성규[1] · 김황용[2] · 김현주 · 류재기
농촌진흥청 국립농업과학원 농산물안전성부 유해생물팀
[1]성균관대학교 물리학과, [2]농촌진흥청 기술협력국

New Tool to Simulate Microbial Contamination of on-Farm Produce: Agent-Based Modeling and Simulation

Sanghyun Han*, Ki-Hoon Lee, Seong-Gyu Yang[1], Hwang-Yong Kim[2], Hyun-Ju Kim, and Jae-Gee Ryu
Microbial Safety Team, Department of Agro-Food Safety and Crop Protection, National Institute of Agricultural Sciences (NAS), Rural Development Administration (RDA), Wanju 55365, Republic of Korea
[1]Department of Physics, Sungkyunkwan University, Suwon 16419, Republic of Korea
[2]Technology Cooperation Bureau, RDA, Jeonju 54875, Republic of Korea
(Received November 3, 2016/Revised November 25, 2016/Accepted December 14, 2016)

Supplement. Scripts of PPMCS developed in this study

```
globals [num-sick run-number delay con-soil]

breed [sheep a-sheep]
breed [flies fly]
breed [plants plant]
turtles-own [energy infected? recover-count]
patches-own [countdown]
sheep-own [excreta-color]
;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;setup;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;

to setup-clear
  clear-all
  set run-number 1
  setup-world
  setup-patches
  reset-ticks
end

to setup-keep
  clear-turtles
  clear-patches
  set run-number (run-number + 1)
  setup-world
  setup-patches
  reset-ticks
end
```

```
to setup-world
   set-default-shape sheep "sheep 2"
   create-sheep initial-number-sheep
   [
      set color white
      set excreta-color red
      set size 7
      setxy random-xcor random-ycor
      set infected? false
      set recover-count random 144 + 24
   ]

   set-default-shape flies "bug"
   create-flies initial-number-flies
   [
      set color black
      set size 0.5
      setxy random-xcor random-ycor
      set energy flies-initial-energy
      set infected? false
   ]

   set-default-shape plants "plant"
   create-plants Nx * Ny
   [
      set color green
      set size 3
      let i who - initial-number-sheep - initial-number-flies
      let x (i mod Nx)
      let y ((i - x) / Nx)
      setxy ((max-pxcor + 1) / (Nx)) * (x + 0.5)    ((max-pycor + 1) / (Ny)) * (y + 0.5)
      set energy plants-initial-energy
      set infected? false
      set recover-count random 24 + 168
   ]

   infect
   set con-soil count patches with [pcolor = (black + 1)]
   set num-sick 0
   set delay 0
   do-plots
end

;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;setup-functions;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;

to infect
   ask one-of plants [
      ifelse ( Not any? plants with [ infected? = false ] )[
```

```
        print "All plants are infected!!"
        stop
      ][
        ifelse(infected? = false)[
          set infected? true
          plants-get-sick
        ][ infect ]
      ]
  ]
end

to setup-patches
  ask patches[set pcolor brown]
end

;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;; go ;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;; <-- Main

to go
  if ticks >= 1440 [stop]
  if (num-sick = count turtles) [ set delay (delay + 1) ]
  if (delay > 60) [ stop ]

  ask plants [
    ifelse(energy > 0)[
      ifelse(energy < plants-initial-energy)[
        set energy (energy * (1 + plants-reproduce / 100))
      ][ set energy plants-initial-energy ]
    ]
    [
      ifelse(recover-count <= 0)[
        set energy plants-initial-energy / 5
        set recover-count random 24 + 168
      ][ set recover-count (recover-count - 1) ]
    ]
  ]

  ask sheep [
    move-sheep
    eat-plants
    if(random 100 <= sheep-excretion-chance) [ set pcolor excreta-color ]
    if(infected? = true)[set recover-count (recover-count - 1)]
  ]

  ask flies [
    move-flies
    set energy (energy - 0.25)
    eat-excrement
    reproduce-flies
  ]
```

```
    ask patches [ recovery-soil ]

    plants-infection-check
    sheep-infection-check
    flies-infection-check

    flies-death
    set num-sick count turtles with [ infected? = true ]
    do-plots
    tick
end

;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;; Functions ;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;

to move-sheep
    rt random 80
    lt random 80
    fd 30
end

to move-flies
    rt random 50
    lt random 50
    fd 5
end

to eat-plants
    let prey one-of plants in-radius 2 with [energy > 0]
    if (prey != nobody) and (random 100 <= eat-chance) [
        ask prey [
            set energy -10
            if(energy < 0) [ set shape "plant small" ]
            if(infected? = true) and (random 100 <= infection-chance-from-plants)[
                ask sheep in-radius 2[ set infected? true ]
            ]
        ]
    ]
end

to reproduce-flies
    if (random 100 <= flies-reproduce) and (energy > flies-initial-energy * 1.5) [
        set energy (energy / 2)
        hatch-flies 2 [
            rt random 360 fd 0.5
            set energy flies-initial-energy
        ]
    ]
end
```

```
to eat-excrement
   if (any? patches in-radius 2)[
      ifelse (pcolor = red) [
         set pcolor orange
         set energy (energy + energy-from-red)
      ][
         ifelse (pcolor = orange) [
            set pcolor yellow
            set energy (energy + energy-from-orange)
         ][
            ifelse(pcolor = yellow) [
               set pcolor grey
               set energy (energy + energy-from-yellow)
            ][
               if(pcolor = violet) [
                  set pcolor orange
                  set energy (energy + energy-from-violet)

               ]
            ]
         ]
      ]
      if (any? patches in-radius 2 with [pcolor = violet or pcolor = (black + 1)]) and (random
1000 <= infection-chance-from-excreta) and (infected? = false)
      [set infected? true]
   ]
end

to flies-death
   ask flies[ if(energy < 0) [ die ] ]
end

to recovery-soil
   ifelse (pcolor = red) [
      set countdown excrement-recovery-red
      ifelse (countdown <= 0) [ set pcolor orange ][ set countdown (countdown - 1) ]
   ][
      ifelse (pcolor = orange) [
         set countdown excrement-recovery-orange
         ifelse (countdown <= 0) [ set pcolor yellow][ set countdown (countdown - 3) ]
      ][
          ifelse (pcolor = yellow) [
             set countdown excrement-recovery-orange
             ifelse (countdown <= 0) [set pcolor grey ][ set countdown (countdown - 5) ]
          ][
              ifelse (pcolor = grey) [
                 ifelse (countdown <= 0) [ set pcolor brown ][ set countdown (countdown -
10) ]
              ][
```

```
                    ifelse (pcolor = (black + 1)) [
                        set countdown excrement-recovery-black
                        ifelse (countdown <= 0) [ set pcolor sky ][ set countdown (countdown -
10) ]
                    ][
                        ifelse (pcolor = sky) [
                            set countdown excrement-recovery-sky
                            ifelse (countdown <= 0) [ set pcolor brown ][ set countdown
(countdown - 10) ]
                        ][
                            if (pcolor = violet) [
                                set countdown excrement-recovery-violet
                                ifelse (countdown <= 0) [ set pcolor orange ][ set countdown
(countdown - 10) ]
                            ]
                        ]
                    ]
                ]
            ]
        ]
    ]
end

to plants-get-sick
    set pcolor (black + 1)
    set color 57
    ifelse(energy > 0)[ set shape "plant sick" ][set shape "plant small"]
end

to sheep-get-sick
    set shape "sheep 2 sick"
    set excreta-color violet
end

to flies-get-sick
    set shape "bug sick"
end

to plants-infection-check
    ask plants [
        if (any? flies in-radius 2 with [infected? = true]) and (random 1000 <= infection-chance-
from-flies)[ set infected? true ]
        ifelse (infected? = true) [ plants-get-sick ]
        [
            set color green
            ifelse(energy > 0)[ set shape "plant"][ set shape "plant small" ]
        ]
    ]
end
```

```
to sheep-infection-check
   ask sheep [
      ifelse (infected? = true) [
           sheep-get-sick
           if(recover-count <= 0)[
              set infected? false
              set excreta-color red
              set shape "sheep 2"
              set recover-count random 144 + 24
           ]
      ]
      [
         set excreta-color red
         set shape "sheep 2"
      ]
   ]
end

to flies-infection-check
   ask flies
   [
      ifelse (infected? = true) [
         flies-get-sick
         if(random 100 <= fly-excretion-chance) [ set pcolor sky ]
      ]
      [set shape "bug"]
   ]
end

to do-plots
   set-current-plot "soil contaminations"
   set-current-plot-pen "red"
   plot count patches with [pcolor = red]
   set-current-plot-pen "orange"
   plot count patches with [pcolor = orange]
   set-current-plot-pen "yellow"
   plot count patches with [pcolor = yellow]
   set-current-plot-pen "grey"
   plot count patches with [pcolor = grey]
   set-current-plot-pen "black"
   plot count patches with [pcolor = (black + 1)]
   set-current-plot-pen "sky"
   plot count patches with [pcolor = sky]
   set-current-plot-pen "violet"
   plot count patches with [pcolor = violet]
end
```