

MaxEnt를 활용한 개미바구미(*Cylas formicarius*)의 잠재 분포와 기후변화 영향 모의

홍진술¹, 홍희원², 피수민², 이수현², 신재하², 김용은¹, 조기종^{1,2,*}

¹고려대학교 오정리질리언스연구원, ²고려대학교 환경생태공학과

Estimation of potential distribution of sweet potato weevil (*Cylas formicarius*) and climate change impact using MaxEnt

Jinsol Hong¹, Heewon Hong², Sumin Pi², Soohyun Lee², Jae Ha Shin², Yongeun Kim¹ and Kijong Cho^{1,2,*}

¹Ojeong Resilience Institute, Korea University, Seoul 02841, Republic of Korea

²Division of Environmental Science and Ecological Engineering, Korea University, Seoul 02841, Republic of Korea

Contribution to Environmental Biology

- This study utilizes the MaxEnt model for identifying the potential distribution of *Cylas formicarius*, and discusses the associated risks.
- *C. formicarius* potentially distributes Jeju Island and Jeollanam-do, and expands along most inland coastal areas as climate change progresses.

*Corresponding author

Kijong Cho

Tel. 02-3290-3064

E-mail. kjcho@korea.ac.kr

Received: 1 December 2023

Revised: 21 December 2023

Revision accepted: 22 December 2023

Abstract: The key to invasive pest management lies in preemptive action. However, most current research using species distribution models is conducted after an invasion has occurred. This study modeled the potential distribution of the globally notorious sweet potato pest, the sweet potato weevil (*Cylas formicarius*), that has not yet invaded Korea using MaxEnt. Using global occurrence data, bioclimatic variables, and topsoil characteristics, MaxEnt showed high explanatory power as both the training and test areas under the curve exceeded 0.9. Among the environmental variables used in this study, minimum temperature in the coldest month (BIO06), precipitation in the driest month (BIO14), mean diurnal range (BIO02), and bulk density (BDOD) were identified as key variables. The predicted global distribution showed high values in most countries where the species is currently present, with a significant potential invasion risk in most South American countries where *C. formicarius* is not yet present. In Korea, Jeju Island and the southwestern coasts of Jeollanam-do showed very high probabilities. The impact of climate change under shared socioeconomic pathway (SSP) scenarios indicated an expansion along coasts as climate change progresses. By applying the 10th percentile minimum training presence rule, the potential area of occurrence was estimated at 1,439 km² under current climate conditions and could expand up to 9,485 km² under the SSP585 scenario. However, the model predicted that an inland invasion would not be serious. The results of this study suggest a need to focus on the risk of invasion in islands and coastal areas.

Keywords: invasive species, species distribution model, sweet potato weevil, invasion risk

1. 서 론

침입생물은 자연생태계와 농업, 산림, 보건 등 다양한 부문에서 문제를 일으키고 있다(IPBES 2023). 특히, 침입곤충으로 인한 상품 및 서비스의 경제적 피해는 연간 700억 달러를 웃도는 것으로 추정된다(Bradshaw *et al.* 2016). 불행히도, 기후변화와 국제 무역의 증가로 인해 침입생물로 인한 피해 규모는 매년 증가하고 있는 실정이다(Hong *et al.* 2012; IPBES 2023). 대한민국의 경우, 농산품의 수입 의존도가 높아 침입생물의 유입에 대한 위험이 크다. 따라서 침입생물로 인한 피해를 방지하기 위해서는 국내로 유입 가능성이 높은 해충들에 대한 침입 위험과 침입 시 분포 가능한 국내 잠재 분포를 선제적으로 파악하는 것이 중요하다. 국내에 침입하지 않은 해충들에 대한 관심은 상대적으로 부족한 실정이다.

개미바구미(*Cylas formicarius*)는 전 세계적으로 악명 높은 침입해충 중 하나로, 고구마(*Ipomoea batatas*)를 가해하는 해충이다(CABI 2023). 개미바구미의 성충은 기주의 줄기와 잎자루의 표면을 갉아먹고, 덩이뿌리에 천공을 내어 상품가치를 훼손한다(CABI 2023). 특히 피해를 입은 덩이뿌리는 개미바구미의 침투 경로를 따라 배설물과 부스러기로 채워지고, 테르펜류의 화합물이 축적되어 식재료로 활용이 불가해 상품성에 큰 피해를 끼친다(Sato *et al.* 1982). 개미바구미는 성충이 되기까지 기주 내에서 서식하며, 우화 이후 분산하며 피해를 확산한다. 성충은 기주의 줄기 혹은 근괴에 깊이 1.4 mm, 지름 0.4 mm가량의 산란처를 만들어 개별적으로 산란하고, 분변으로 입구를 밀봉한다(Jayaramaiah 1975). 이후, 4일에서 7.7일가량 지나 부화하여 유충 기간 동안 줄기와 근괴 내부를 가해하여 수확량을 최대 80% 수준까지 감소시킨다(Sutherland 1986). 종령 유충은 기주 내에 용실을 형성해 5~10일 간의 용 기간을 거쳐 우화 후 6~9일이 경과한 뒤 활동을 시작한다(Sutherland 1986). 총 발육 기간은 상대습도 60% 조건에서 난부터 다음 난까지 20°C에서 약 84.5일, 30°C에서 약 33.3일이 소요되는 것으로 조사된 바 있다(Sutherland 1986).

Wolfe (1991)의 연구에 따르면 *Cylas*속의 공통조상은 중생대 시절 곤드와나(Gondwana) 대륙의 현재 아프리카-인도에 해당하는 지역에 분포하였고, 개미바구미는 대륙이 동 과정에서 남아시아 지역으로 갈라져 나온 구세계(Old

World) 종으로 추정했다. 고구마는 남아메리카 원산의 신세계(New World) 작물이므로, 고구마와 개미바구미의 관계는 종 분화 이후 무역에 의해 조우하며 형성된 2차적인 관계로 추정된다(Wolfe 1991). 개미바구미는 1500년대 인도에 고구마가 보급된 이후 무역을 통해 전 세계로 확산된 것으로 추정되며, 현재 원산지인 남아시아를 포함한 남아메리카, 북아메리카, 동남아시아, 동아시아, 아프리카, 오세아니아 등 전 세계적으로 문제를 일으키고 있다(Austin 1988; Wolfe 1991). 특히, 개미바구미는 대한민국과 인접한 중국과 일본에서도 큰 피해를 주고 있다(Yamaguchi *et al.* 2000; Hue and Low 2015).

대한민국의 경우, 『식물방역법』에 따라 개미바구미와 고구마바구미(*Euscepes postfasciatus*)의 침입을 막기 위해 고구마를 비롯한 나팔꽃속(*Ipomoea*), 메꽃속(*Calystegia*), 마속(*Dioscorea*), 새삼속(*Cuscuta*) 식물의 생경엽과 생식물의 지하부, 카사바(*Manihot esculenta*) 생식물의 지하부 반입을 금지하고 있다. 그러나, 개미바구미는 1989년 일본인 관광객이 반입한 고구마를 폐기하는 과정에서 검출된 바 있고(Shin *et al.* 1989), 지난 2021년 태국산 레몬그라스에서도 발견되어 폐기한 전례가 있다(APQA 2021). 또한, 최근 대한민국보다 높은 위도에 위치한 중국 텐진 지역(<https://www.inaturalist.org/observations/177109694>)과 네덜란드(<https://waarneming.nl/observation/187093779>)의 유입 사례들이 보고되고 있다. 따라서, 증가하고 있는 열대 및 아열대 지방 해충들의 국내 유입 사례들을 고려했을 때(Lee and Wilson 2010; Jo 2014; Lee *et al.* 2017; Kim *et al.* 2023), 개미바구미의 국내 잠재 분포를 선제적으로 파악하여 관리 방안을 마련하는 것이 중요할 것으로 생각된다.

침입생물의 잠재적 분포를 모의하기 위한 도구로 종 분포 모형(Species Distribution Model, SDM)들이 활발히 사용되고 있다(Elith and Leathwick 2009). SDMs는 생물의 잠재적 출현 확률을 관측된 출현 정보와 환경요인 간의 상관성을 토대로 예측하는 모형군이다(Elith and Leathwick 2009). 침입생물의 경우, 기존 출현 지역들의 자료들에 기반해 모형을 구축하고, 현재 침입하지 않은 지역에 투사(projection)하는 방식을 통해 잠재 분포를 모의한다. 이 과정에서, 높은 분포 확률을 갖는 격자들은 대상 종의 개체군이 물리적으로 도달 가능한 경우 서식할 가능성이 높은 잠재적 침입 지역으로 판단할 수 있다. 본 연구에

서는 침입해충 연구에서 가장 활발하게 사용되고 있는 종 분포 모형인 MaxEnt를 활용해 개미바구미의 잠재 분포를 모의하고자 한다(Philips *et al.* 2006). 따라서 본 연구는 1) 종 분포 모형인 MaxEnt 모형을 활용한 *C. formicarius*의 잠재 분포 모형 구축, 2) 구축한 MaxEnt 모형을 활용한 *C. formicarius*의 전 지구 및 국내 잠재 분포모의, 3) 기후변화 시나리오에 기반한 국내 미래 분포 변화 모의와 침입 위험 논의를 목표로 하여, 현재 국내 미발생 침입해충인 개미바구미의 분포 가능성을 모의하고, 국내 침입에 대비하기 위한 방안을 논의하고자 한다.

2. 재료 및 방법

2.1. 출현자료

MaxEnt를 학습하기 위한 개미바구미의 출현자료는 GBIF (Global Biodiversity Information Facility, GBIF 2023)와 문헌자료들을 검토해 수집하였으며, 주소지 확인이 가능하거나 지도화된 자료의 경우 Google maps를 활용해 지오코딩하였다(Fig. 1). 수집된 출현자료 중, 중국 텐진 지역과 네덜란드에서 발견된 출현자료는 출처를 검토해 보았을 때, 정작 여부를 단정지을 수 없어 모형 학습에 활용하지 않았다(Fig. 1의 X). 수집된 출현자료의 자기상관성 문제와 지오코딩 과정의 오차가 있을 것으로 생각되는

지리적 거리를 고려해 0.1 decimal degree (약 11 km 수준)의 범위에 1개의 출현 자료가 남도록 희소화(rarefaction)를 수행하였다. 이 거리는 기존 분산 능력 실험들에서 수백 m 이상 분산한 경우가 없는 것을 고려할 경우 충분한 거리로 생각된다(Miyatake *et al.* 1997, 2000). 최종적으로 330개의 출현자료가 모형 학습에 활용되었다.

2.2. 환경변수

개미바구미의 생태와 관련한 문헌을 검토한 결과, 개미바구미의 출현을 결정하는 주요 요인들은 겨울철 생존과 표토의 수분함량으로 판단되었다(Sutherland 1986; Kandori *et al.* 2006; Hue and Low 2015; Kyereko *et al.* 2019). 따라서, 생물기후변수(bioclimatic variables, BIO 01~BIO19)와 표토(0~15 cm)의 토성을 환경변수로 활용했다.

생물기후변수는 월 최고, 최저 기온과 강수량을 기반으로 조합된 19개 변수이며, 연, 월, 계절 단위 변수들과 온도 및 강수의 계절적 특성으로 구성된다(Karger *et al.* 2021). 본 연구는 CHELSA v2.1 (<https://chelsa-climate.org/>, Karger *et al.* 2021) 데이터셋에 포함된 생물기후변수를 활용했다. CHELSA에서 제공하는 현재 기후에 대한 생물기후변수는 1980년부터 2010년 까지의 관측자료들을 토대로 한 약 1 km 해상도의 격자형 자료다. 미래 자료의 경우, CHELSA에서 배포하는 CMIP6 (Coupled

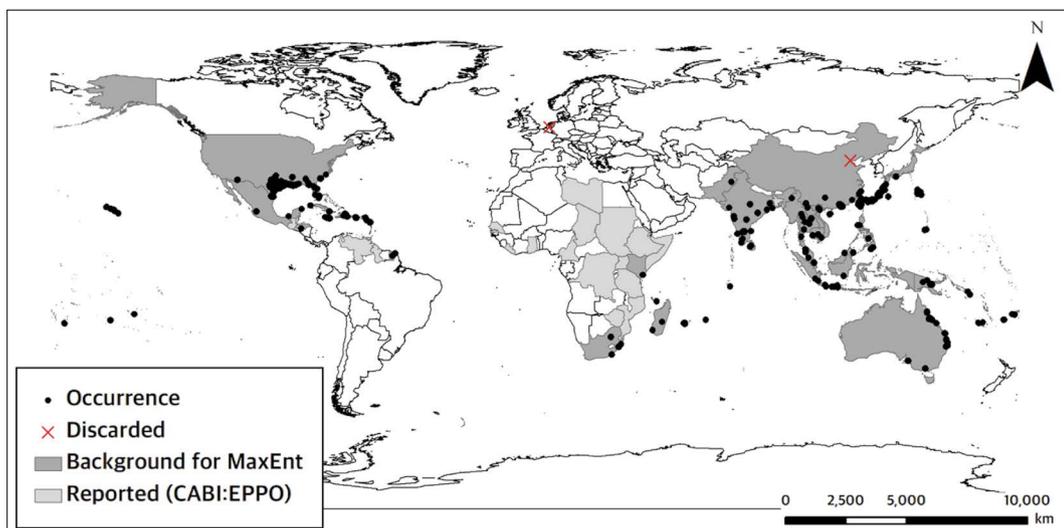


Fig. 1. Collected global occurrence records (black dot) for *Cylas formicarius* and reported countries (gray area). The red crosses are occurrence records discarded in the modeling step. Countries with occurrence records are colored in thicker gray and used as the background in the MaxEnt model.

Table 1. The environmental variables used in this study

| Abbreviation | Description | Unit |
|--------------|---------------------------------------------------------------------|------------------------------------------|
| BIO02 | Mean diurnal air temperature range | °C |
| BIO05 | Mean daily maximum air temperature of the warmest month | °C |
| BIO06 | Mean daily minimum air temperature of the coldest month | °C |
| BIO14 | Precipitation of the driest month | mm |
| BIO15 | Precipitation seasonality (Coefficient of Variation) | - |
| BIO18 | Mean monthly precipitation amount of the warmest quarter | mm |
| BDOD | Bulk density of the fine earth fraction | cg dm ⁻³ |
| CFVO | Volumetric fraction of coarse fragments (> 2 mm) | cm ³ dm ⁻³ (vol %) |
| CLAY | Proportion of clay particles (<0.002 mm) in the fine earth fraction | g kg ⁻¹ |

Model Intercomparison Project 6) 자료를 활용했다. 총 5개의 GCM (General Circulation Model: GFDL-ESM4, IPSL-CM6A-LR, MPI-ESM1-2-HR, UKESM1-0-LL, MRI-ESM2-0)이 산출한 3개의 공통사회경제경로(Shared Socioeconomic Pathway, SSP)의 대표 시나리오가 활용되었다: SSP126, SSP370, SSP585. 각 시나리오의 첫 숫자는 미래 사회·경제 상황을 기후변화 저감과 완화의 성공 여부를 토대로 부여한 번호이며, 뒤의 두 숫자는 기존의 대표농도경로(Representative Concentration Pathway, RCP)의 단위 면적당 복사강제력(radiative forcing) 수준을 의미한다(O'Neill *et al.* 2016). 먼저, SSP126은 기후변화 저감 및 완화가 원활히 수행된 '녹색' 미래를 가정한 시나리오로써, 세 시나리오 중 가장 긍정적인 미래를 예상하는 시나리오다. SSP370은 기후변화 적응과 완화 모두 실패하고, 지역간의 갈등이 심화되는 시나리오다. SSP585는 기후변화 완화에는 실패하나, 화석연료 중심의 성장을 이루어내어 기후변화가 가속화되는 시나리오다. 미래 시점은 2055년대(2041년~2070년)와 2085년대(2071년~2100년)의 평년 값이 활용되었다. 따라서, GCM-시점별 예측 이후 GCM별 결과를 평균하여 각 시점별 자료를 산출했다.

표토의 토성 자료는 SoilGrid250m v2.0 데이터셋을 활용했다. SoilGrid250m는 전 세계 240,000여 개 지점들의 측정자료를 기반으로 구축한 기계학습모형을 활용한 250 m 해상도의 격자형 자료다(Poggio *et al.* 2021). 해당 데이터셋은 식생, 지형, 기후, 지질학 및 수문학과 관련된 400개 이상의 공변량들을 활용하여 현재 6개 층(0~5 cm, 5~15 cm, 15~30 cm, 30~60 cm, 60~100 cm, 100~200 cm)에 대해 다양한 토성 자료를 제공하고 있다. 본 연구에서는 토

양 수분과 밀접한 연관성이 있는 Bulk density (BDOD), Coarse fragments (CFVO), Clay content (CLAY), Soil organic carbon (SOC)을 활용했다. 개미바구미의 주 활동 영역은 표토이므로, 각 변수별로 0~5 cm, 5~15 cm 깊이에 해당하는 파일을 모두 받아 깊이에 따라 가중평균하여 0~15 cm를 대표할 수 있는 단일 자료로 통합했다. 이후, CHELSA의 생물기후자료의 해상도에 맞추어 조정했다.

수집한 환경변수들 23종 (BIO01~BIO19, BDOD, CFVO, CLAY, SOC) 간에는 다중공선성(multicollinearity) 문제가 있을 수 있으므로, 변수 선발을 수행했다. 우선, 본 연구에서 구체적인 출현 지점을 확보할 수 있었던 국가들의 경계를 기준하여 수집한 환경변수들을 마스크(masking) 했다. 이후, Pearson 계수의 절대값이 0.7 이상인 짝이 없을 때까지 선발했다. Pearson 계수에 기반해 선발한 이후, 변수들의 VIF (Variance Inflation Factor)를 산출하여 VIF가 10 이상(공선성 문제가 있는 변수)인 변수를 제거했다(Chatterjee and Hadi 2006; Naimi *et al.* 2014). 최종적으로 BIO02, BIO05, BIO06, BIO14, BIO15, BIO18, BDOD, CFVO, CLAY가 선발되었다(Table 1).

2.3. MaxEnt 모형

본 연구에서는 MaxEnt (v3.4.4, java standalone version)를 활용하여 개미바구미의 분포를 예측했다(Phillips *et al.* 2006). MaxEnt 모형은 기계학습(machine learning) 알고리즘인 최대엔트로피(maximum entropy)에 기반하여 생물의 출현과 환경변수 간의 상관관계로 대상 생물의 잠재 분포 확률을 모의하는 회귀적 종 분포 모형이다.

MaxEnt는 지점 x 의 분포 확률을 대상지(background)

전체에 대한 합이 1인 확률분포 $\pi(x)$ 로 표현한다. 이때, 지점 x 의 분포 확률 $q_\lambda(x)$ 은 환경변수 (environmental variables), 특징 벡터 (features, f), 그리고 가중치 벡터 (λ)로 설명할 수 있는 Gibbs 분포를 갖는다 (Phillips and Dudík 2008) (Eq. 1).

$$q_\lambda(x) = \frac{\exp(\sum_{j=1}^n \lambda_j f_j(x))}{Z_\lambda} \quad (\text{Eq. 1})$$

Z_λ 는 $\sum q_\lambda(x)$ 가 1이 되도록 조정하는 정규화 상수이며, 가중치 벡터는 학습을 통해 m 개의 관측된 출현지점에서 로그우도 (log-likelihood)가 최대가 되는 값으로 최적화된다 (Eq. 2).

$$\frac{1}{m} \sum_{i=1}^m \ln(q_\lambda(x_i)) - \sum_{j=1}^n \beta_j |\lambda_j| \quad (\text{Eq. 2})$$

β 는 규제 매개변수 (regularization parameter)로, 각 특징에 대한 오차 범위 (width of the error bound)를 의미한다. 현재 배포 중인 MaxEnt는 1의 기본값을 갖는 Regularization multiplier (RM)를 조정해 규제 정도를 조절할 수 있다 (Phillips and Dudík 2008). 또한, 특징의 경우 Linear (L), Quadratic (Q), Threshold (T), Hinge (H), Product (P), Categorical (C)들을 제공하며, 사용자가 원하는 조합을 선택할 수 있다. 다만, T가 제외될 경우 일반적으로 모형의 직관성과 성능이 나쁜 것으로 알려져 있어 현 버전의 MaxEnt의 기본 설정에서는 제외되어 있다 (Phillips *et al.* 2017). 따라서 RM과 f 조합을 다음과 같이 설정하여 최적화를 수행하였다: RM은 0.1, 0.5, 1, 5, 10; f 는 L, H, LQ, LQH, LQPH. 대상지 지점 (background points)은 준비된 환경변수에서 무작위로 10,000개의 격자를 추출했다. 또한, 알고리즘이 최적화할 수 있는 시간을 충분히 제공하기 위해 반복 (iteration)은 최대 5,000회까지 수행할 수 있도록 조정하였다. 모형의 예측 결과는 cloglog (complementary log-log) 변환을 통하여 0에서 1의 값으로 표출되며, 0일 경우 미출현, 1일 경우 출현을 의미한다.

최적 모형의 선별은 Receiver Operating Characteristics (ROC)의 Area Under the Curve (AUC)를 기반으로 수행했다. AUC는 0에서 1의 범위를 가지는 지표이며, 0.5의 경우 무작위 추출과 동일한 수준, 0.7 이상일 경우 ' 좋음', 0.8 이상인 경우 '매우 좋음', 0.9 이상인 경우 '훌륭함'을 의미한다 (Swets 1988). 모형의 검증은 교차검증을 10회 (10-fold cross validation) 수행하여 Test/Test AUC를 기반으

로 평가했다. 이를 토대로 가장 Test AUC가 높은 RM & 특징 조합을 최종 모형으로 선정했다. 모형의 예측은 선정된 최종 모형을 활용해 수행하였으며, 각각의 변수의 중요성은 Jackknife test, 기여도 (contribution), 순열 중요도 (permutation importance)를 통해 분석하였다. Jackknife test는 각각의 변수가 단독으로 사용된 경우와 제외된 경우의 정보량 변화를 분석하는 검정 기법이다. 기여도는 모형의 구축 과정에서 변수들의 기여도를 퍼센트 척도로 평가하며, 순열 중요도는 각각의 변수 값을 임의로 치환했을 경우 변하는 모형의 Training AUC 변화량을 퍼센트 척도로 평가한다.

추가적으로, 학습에 활용된 출현지점들의 예측 값을 토대로 5, 10, 30 퍼센타일 (percentile)을 임계치로 산출, 잠재 분포 지도의 등급화와 발생 면적 계산에 활용했다: 5MTP (Minimum Training Presence), 10MTP, 30MTP. 이는 MaxEnt 모형에서 제공하는 임계치 중 하나인 10MTP를 기준으로 설정된 값이다.

상기 서술한 자료들의 처리는 다음 R 패키지들을 활용하여 수행되었다: raster, rgdal, usdm (Naimi *et al.* 2014; Bivand *et al.* 2023; Hijmans 2023; R Core Team 2023).

3. 결 과

3.1. MaxEnt 모형 구축 결과

최종적으로 RM 0.5, 특징 LQPH의 조합을 사용한 모형이 선별되었다. 모형 검증 결과, Training AUC, Test AUC는 각각 0.95, 0.94로, 모형의 예측력이 매우 훌륭한 수준임을 의미한다 (Fig. 2).

Jackknife test 결과, BIO02 (평균일교차)가 단독으로 활용되었을 때 가장 높은 정보량을 가지는 것으로 분석되었다 (Fig. 3). BIO02의 Response curve는 낮을수록 높은 경향을 보여 일교차가 낮은 지역에서 높은 출현 확률을 보일 것으로 분석되었다 (Fig. 4). 이는 수집된 출현지료들이 대부분 해안지역과 도서지방에 다수 분포된 영향으로 해석된다 (Fig. 1). 제외되었을 때 가장 정보량의 손실이 큰, 고유 (unique)한 변수는 BIO06 (가장 추운 달의 최저기온)으로 분석되었다 (Fig. 3). BIO06의 Response curve를 확인했을 때, 영하로 전환되는 영역부터 급격히 분포 확률이 감소하는 것을 확인할 수 있었다 (Fig. 4). 이는 개미바구미의

분포 예측에 겨울철 생존이 중요한 요인임을 논했던 기존 연구들의 결과에 동의하는 결과이다. 토양과 관련한 요인들은 Jackknife test에서 상대적으로 적은 영향력을 확인할 수 있었다.

변수들의 기여도 분석 결과, BIO06, BIO14, BIO02, BDOD 네 변수의 기여도 합이 90%를 초과하는 것으로 확인되었다(Table 2). 그중 BIO06이 모형 구축에 가장 크게 기여했는데(36.9%), Jackknife test에서도 확인하였듯 겨울철 생존 가능성이 개미바구미의 분포에 큰 영향력이 있음을 의미한다(Table 2). BIO06은 순열 중요도 평가에서

도 가장 높은 중요도(55.2%)를 보였다(Table 2). BIO14(가장 건조한 달의 강수량)는 BIO06 다음으로 높은 기여도(24.5%)를 보였으며, 강수량 관련 변수 중 가장 높은 기여도를 보였다(Table 2). BIO14는 학습된 범위 중 상대적으로 낮은 영역에서 높은 분포 확률을 보였다(Fig. 4). 이는 개미바구미의 확산 시 직접 토양을 파고 들어가는 능력이 부족하여 표토에 금이 갈 정도로 건조해 기주 접근성이 용이한 토양을 요하는 생활사를 고려할 경우 중요한 변수로 사료된다(Kyereko *et al.* 2019). BIO02는 Jackknife test에서 단독으로 사용될 경우 가장 중요한 변수였지만, 기여도는 3순위(18.5%), 순열 중요도는 2순위(24.3%) 분석되었다(Table 2). 토성 관련 변수들은 상대적으로 낮은 기여도를 보였다. 이는 학습에 활용된 자료의 해상도가 약 11

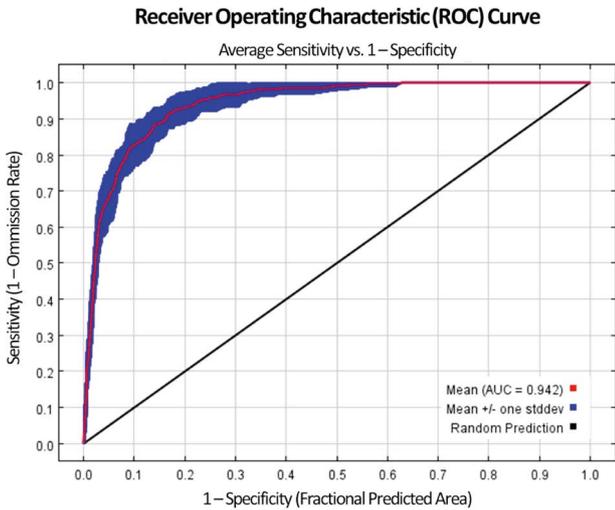


Fig. 2. Receiver Operating Characteristics (ROC) curve for MaxEnt model. The red line indicates the mean of 10 replicates, and the blue area indicates ± 1 standard deviation.

Table 2. Percent contribution and permutation importance of the variables

| Variable | Percent contribution | Permutation importance |
|----------|----------------------|------------------------|
| BIO06 | 36.9 | 55.2 |
| BIO14 | 24.5 | 3.9 |
| BIO02 | 18.5 | 24.3 |
| BDOD | 12.2 | 5.2 |
| BIO18 | 3.6 | 1.7 |
| CFVO | 1.7 | 1.1 |
| BIO15 | 1 | 72 |
| BIO05 | 1 | 0.9 |
| CLAY | 0.6 | 0.5 |

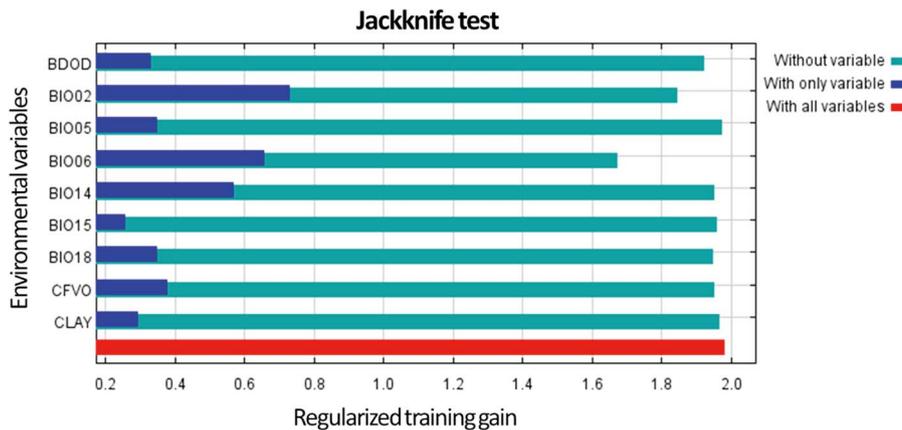


Fig. 3. Jackknife test result. The x-axis is regularized training gain. The deep blue bars are “with only” test results for each variable, and turquoise is “without” test results.

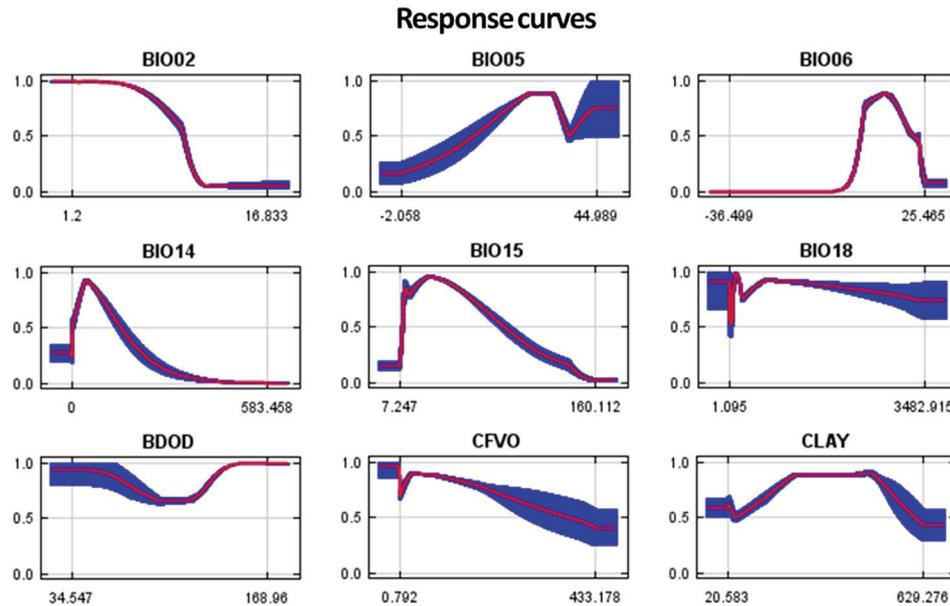


Fig. 4. Response curves for each variable. The red line indicates the mean of 10 replicates, and the blue area indicates ± 1 standard deviation.

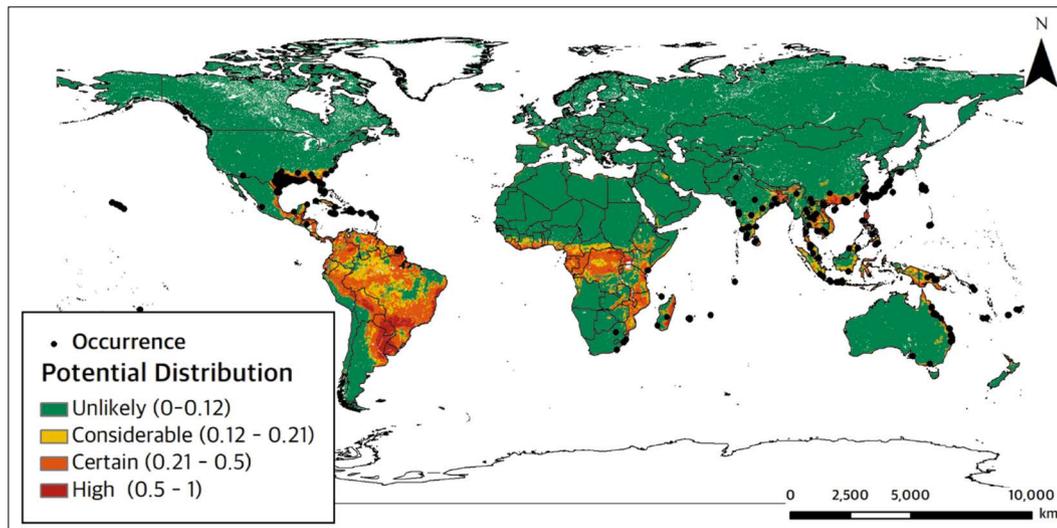


Fig. 5. Potential distribution of *Cylas formicarius* under the current climate (1980–2010). Green, yellow, orange, and red colors indicate the 5th, 10th, 30th, and 100th percentiles of training presence, respectively.

km 수준이어서 토양의 물리적 조성과 실제 출현 지점 간의 공간적인 해상도의 정합성이 떨어졌거나, 다른 변수들 로도 충분히 개미바구미의 분포를 예측할 수 있어 상대적으로 기여가 떨어진 것으로 생각된다. 토성 변수 중에서는 BDOD가 가장 높은 기여도(12.2%)를 가졌으며, 모든 범 위에서 분포 확률이 높지만 상대적으로 높은 값에서 반복 간에 적은 편차를 보였다(Fig. 4).

3.2. 전 지구 수준의 분포 예측 결과

구축된 MaxEnt 모형은 개미바구미 출현지점 인근 지역 대부분에서 높은 분포 확률을 예측했으며, 열대 및 아열대 지역에서 높은 분포 확률을 보였다(Fig. 5). 특히 해안 도서 지역에서 높은 분포 확률이 예측되었으며, 대부분의 남아 시아, 동남아시아, 오세아니아 국가들에서 서식 가능한 것

으로 예측되어 현재 광범위한 지역에 침입한 개미바구미의 위험성을 잘 설명하고 있다.

북미는 개미바구미 피해가 심각했던 고온 다습한 동남부 지역의 분포 확률이 매우 높았다. 특히 텍사스에서 사우스캐롤라이나 주까지 이어지는 지역 대부분에서 높은 분포 확률이 예측되었다. 또한 카리브해에 속한 도서지역들에서도 높은 분포 확률이 예측되었으며, 중미 동부 해안을 낀 국가들 또한 높은 분포 확률이 예측되었다.

남미의 경우 CABI (2023)에 보고되지 않은 지역이 대부분이나, 서부 고산지를 제외한 전 대륙에 걸쳐 잠재적 분포 확률이 높은 것으로 예측되었다(Fig. 5). 이는 개미바구미가 물리적으로 도달할 수 있을 경우 잠재적으로 피해가 큰 가능성을 가지고 있음을 의미한다. 흥미롭게도, 본 연구에서 예측한 개미바구미의 남미 지역 잠재 분포는 Khoury et al. (2015)의 연구에서 제시된 고구마의 야생 근연종들의 잠재 분포와 유사했다.

아프리카는 다양한 국가에서 침입이 보고되어 있으나 (CABI 2023), 구체적인 출현지점을 확인할 수 없어 본 연구에서는 케냐와 남아프리카 공화국, 마다가스카르 지역만을 모형 학습에 활용했다. 구축된 모형을 활용해 아프리카 전역에 대해 예측한 결과, 사하라 이남 국가들 중 적도와 가까운 국가들(남위 5도와 북위 10도 사이)과 동남부의 국가들(케냐, 탄자니아, 모잠비크, 남아프리카 공화국 등)에서 높은 분포 확률을 보였으며, 북아프리카 지역의 경우 지중해를 따라 해안지역에서 얇은 띠와 같이 분포 가능한 지역이 예측되었다(Fig. 5).

유럽의 경우 지중해에 맞닿아 있는 지역들과 프랑스 서부 해안 일부와 같은 온난한 지역에서 유의미한 수준의 분포 확률을 보였으나 타 대륙과 같은 대규모 잠재 분포 지역은 예측되지 않았다(Fig. 5). 이는 유럽 본토에서 아직 대발생이 보고되지 않았다는 점에 동의하는 결과이며, 낮은 겨울철 기온의 영향으로 보인다.

3.3. 국내 분포 예측 결과

현재 기후하에서 개미바구미의 잠재 분포는 제주와 전남 도서지역에서 높은 분포 확률이 예측되었으며, 대부분의 내륙 지방은 분포 확률이 매우 낮은 것으로 예측되었다(Fig. 6A).

개미바구미의 잠재 분포는 기후변화가 진행됨에 따라 고위도 지방으로 확대되었다(Fig. 6B~G). 미래 잠재 분포

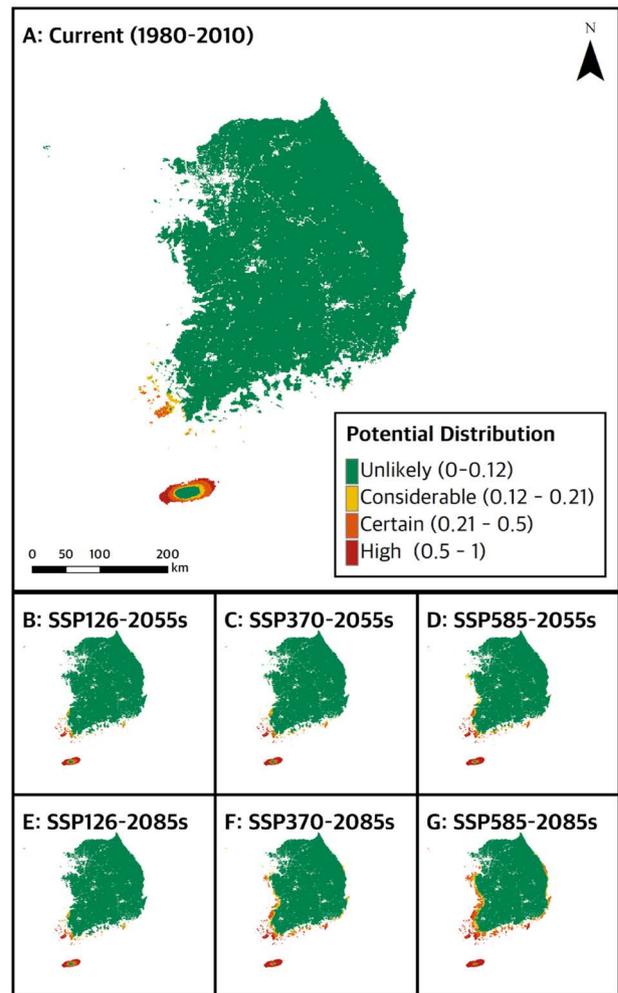


Fig. 6. Potential distribution of *Cylas formicarius* in Korea under the current (1980-2010) climate (A), 2055s (2041-2070, B-D), and 2085s (2071-2100, E-G). Green, yellow, orange, and red colors indicate the 5th, 10th, 30th, and 100th percentiles of training presence, respectively.

의 확산 양상은 기후변화 정도에 따라 그 범위가 변했다. SSP126하에서는 2055년대와 2085년대 모두 전남지역 해안과 남해안 일부 도서지역으로 소폭 확대될 것으로 예측되었다(Fig. 6B, E). SSP370하에서는 2055년대의 예측 결과는 SSP126과 유사했으나 국지적으로 소폭 높은 확률을 보였고, 2085년대에 남해안 전역, 충남 해안지역, 경기 해안지역 일부, 동해안의 포항, 울진, 삼척 해안까지 잠재 분포가 확대되었다(Fig. 6C, F). SSP585하에서는 2055년대에 충남 태안 지역에서의 출현이 가능할 것으로 예측되었으며, 2085년대에는 경기 안산, 화성, 강원 강릉까지 출현 가능한 지역이 부상할 것으로 예측되었다(Fig. 6D, G). 그

Table 3. Potential area of occurrence of *Cylas formicarius* in Korea

| Threshold | Scenario | Year | Area (km ²) |
|-------------------|----------|--------|-------------------------|
| 5MTP (= 0.12) | Current | 2010s | 2,166 |
| | SSP126 | 2055s | 3,930 |
| | | 2085s | 4,102 |
| | SSP370 | 2055s | 4,804 |
| | | 2085s | 8,540 |
| | SSP585 | 2055s | 6,420 |
| 2085s | | 12,646 | |
| 10MTP (= 0.21) | Current | 2010s | 1,439 |
| | SSP126 | 2055s | 2,906 |
| | | 2085s | 2,956 |
| | SSP370 | 2055s | 3,460 |
| | | 2085s | 6,127 |
| | SSP585 | 2055s | 4,362 |
| 2085s | | 9,485 | |
| 30MTP (= 0.5) | Current | 2010s | 485 |
| | SSP126 | 2055s | 1,483 |
| | | 2085s | 1,537 |
| | SSP370 | 2055s | 1,923 |
| | | 2085s | 3,099 |
| | SSP585 | 2055s | 2,379 |
| 2085s | | 3,626 | |

러나, 개미바구미의 잠재 분포는 도서지역 및 연안에 집중되어 침입 후 내륙으로의 자연적 확산이 어려울 것으로 예측되었다. 이는 구축된 모형이 높은 겨울철 기온과 낮은 일교차를 가지는 지역에서 높은 분포 확률을 예측하도록 학습된 것에서 기인한 것으로 사료된다.

세 가지 수준의 임계치(5MTP, 10MTP, 30MTP)에 기반해 잠재적으로 발생 가능할 면적을 산출한 결과는 Table 3에 정리했다. 임계치별 개미바구미의 잠재 발생 면적은 현재 기후하에서 각 2,166 km², 1,439 km², 485 km²로 예측되었다. 기후변화가 진행됨에 따라 발생 면적은 급격히 증가하였으며 가장 심각한 기후변화 시나리오인 SSP585 시나리오 기준 5MTP 사용 시 5.8배, 10MTP 사용 시 6.6배,

30MTP 사용 시 7.5배까지 확대될 수 있을 것으로 예상되었다.

4. 고 찰

최근 중 분포 모형을 활용한 연구들은 침입해충의 관리 전략 수립에 기여하고 있으나(Kim *et al.* 2015; Hong *et al.* 2019; Kim *et al.* 2023), 대부분의 연구 사례들은 국내 발생 이후 잠재 분포를 모의하기 위한 목적으로 수행되었다. 본 연구는 현재까지 국내 대발생은 보고된 바 없으나 검역과정에서 검출되고 있는 세계적 해충의 침입을 선제적으로 대비하는 목적을 가지고 있다는 점에서 기존 연구들과 차별성이 있다. 이러한 선제적 접근은 침입해충 위험 관리 측면에서 개미바구미의 국내 유입 시 발생 가능한 피해를 최소화하는 데 중요한 역할을 할 것으로 기대된다.

본 연구에서 개미바구미의 잠재 분포를 예측한 결과, 제주도의 발생 확률이 가장 높은 것으로 예상되었다(Fig. 6). 제주특별자치도는 관광산업의 의존도가 가장 높은 지자체로, 자국민뿐 아니라 해외 관광객의 방문 수가 많아 유입 위험 또한 높을 것으로 예상된다. 고구마는 1960년대와 1970년대에 주정 원료와 구황작물로서 각광받아 제주경제를 좌우하는 주요 작물이었으나, 현재는 그 자리를 감귤류가 차지하며 위상이 떨어져 제주특별자치도 내 재배 면적 100 ha, 생산량 2,000 kg 미만으로 감소했다(JATC 2016; Supplementary Table A1). 반면, 당근(*Daucus carota*)은 제주지역의 생산량이 전국 점유율 60% 이상을 차지하는 매우 중요한 작목이다(JATC 2016). Muruvanda *et al.* (1986)에 따르면, 개미바구미는 고구마뿐 아니라 당근에서도 생활사 전반에 걸쳐 피해를 줄 수 있다. 따라서, 개미바구미가 성공적으로 제주지역으로 침입·정착할 경우, 당근 생산의 피해를 저감하기 위한 노력이 필요할 것으로 사료된다.

개미바구미의 잠재 분포는 전남 해안지역에서도 높은 예측 값을 보였는데, 전남 지역은 개미바구미의 주 기주인 고구마의 생산성이 가장 높은 지역이다(KOSIS 2023a, Supplementary Table A1). 특히 해남군의 경우 ‘땅끝해남 웰빙고구마 산업특구’를 지정하였으며, 생산 면적은 2020년 기준 약 2,000 ha에 달하여 전국에서 가장 넓은 고구마 재배 면적을 가지고 있는 행정구역이다(KOSIS 2023b). 불행히도, 본 연구 결과에 따르면 기후변화가 진행됨에 따라

해남지역 전역은 개미바구미의 서식에 매우 적합한 지역으로 변화할 가능성이 높다(Fig. 4). 따라서, 개미바구미의 침입이 이루어질 경우 국내 기초 지자체 중 가장 큰 경제적 피해가 발생할 것으로 예상된다.

개미바구미의 침입 시 발생할 피해를 저감하기 위해서는 국내 농업 환경에 맞춘 경종적 방제기법들이 개발되어야 한다. 우선, 개미바구미의 포장 내 침입을 방지하기 위해 비닐 멀칭(mulching)을 통해 표토의 건조를 방지하는 것이 주요한 경종적 방제 기법으로 알려져 있다(CABI 2023). 일반적으로 국내 고구마 농가는 조기 출하를 위한 지중온도 확보와 토양유실 방지를 위해 비닐 멀칭을 실시한다(RDA 2018). 멀칭은 추가적인 노동력과 생산비를 요하지만 개미바구미와 같은 해충과 잡초로 인한 피해를 저감할 수 있다. 반면, 국내 고구마 농가의 작목 전환에 관한 경종적 방제 기법은 논의된 바 없다. 해외 사례를 검토할 경우, 개미바구미의 피해가 발생한 경우 5년 주기로 윤작을 하거나, 2년 연속 재배를 피하도록 제시된 바 있다(CABI 2023). 고구마는 윤작으로 인한 수량 피해는 적은 것으로 알려져 있으나(RDA 2018), 개미바구미와 같은 침입해충이 발생할 경우 타 작목으로의 전환이 필요할 것으로 생각된다. 벼(*Oryza sativa*), 병아리콩(*Cicer arietinum*), 코리안더(*Coriandrum sativum*), 호박(*Cucurbita moschata*), 무(*Raphanus sativus*), 펜넬(*Foeniculum vulgare*), 블랙그램(*Vigna mungo*), 줄콩(*Vigna unguiculata ssp. sesquipedalis*) 등의 작물들이 고구마와 번갈아 재배할 경우 개미바구미의 감염도가 유의미하게 낮아지는 것으로 알려져 있으나, 고구마의 수량 또한 감소할 우려 또한 존재한다(CABI 2023). 특히 무의 경우, 제시된 작목들 중 농작업 측면에서 상대적으로 고구마 농가들에 익숙할 것으로 예상되는 작목이나 개미바구미의 성충이 생존 가능한 것으로 알려져 있어 주의가 필요하다(Muruvanda *et al.* 1986). 따라서, 개미바구미로 인한 피해 발생 시, 각 지역의 고구마 농가들이 신속하게 다른 작물로 전환할 수 있는 작물들을 목록화하고, 해당 작물들의 주요 품종들에 대한 개미바구미의 가해 정보에 관한 기초 연구가 필요하다.

본 연구를 통해 개미바구미가 침입할 경우 발생할 수 있는 잠재적 위험에 대해 논할 수 있었지만, 본 연구의 결과는 기후변화에 따른 토성 변화를 반영하지 못한 한계가 있다. 토양의 이화학적 특성은 기후변화에 영향을 받아 장기

적으로는 기후 시나리오별 토양형성(pedogenesis) 과정에 차이가 생길 수 있다(Rounsevell *et al.* 1999). 불행하게도, 현재 기후변화 시나리오에 따른 상세한 미래 토양자료는 전무한 현황이다. 또한, 농업인의 의지로 경지를 준비·개량하는 과정에서 본 연구에서 예측에 활용한 변수들(BDOD, CLAY, CFVO) 또한 큰 영향을 받을 수 있어 각 지역의 재배관리 기법에 따른 영향 또한 무시할 수 없는 요인이다. 따라서 후속 연구에서는 기후변화에 따른 토성의 변화 경향, 고구마 및 대체 기주 작물들의 지역별 주요 토양 관리 기법 등을 추가적으로 고려할 필요가 있을 것으로 생각된다.

상기 서술한 한계점이 존재함에도, 본 연구는 개미바구미의 국내 침입 위험을 예측하는 데 중요한 정보를 제시할 수 있었다. 비록 개미바구미의 잠재 분포가 전국적인 수준의 피해를 야기하지는 못할 것으로 예상되나, 고구마 주산지인 전남지역과 대체기주인 당근의 주산지인 제주지역의 분포 가능성이 매우 높을 것으로 예측되었다. 따라서 현행 검역 기준을 유지하고, 개미바구미가 서식하는 지역의 비가공 농산물 품목들에 대한 철저한 검역이 필요할 것으로 사료된다. 또한, 기후변화에 따라 본토 해안 3면을 따라 분포 확률이 증가하는 것을 고려할 경우, 주요 국제항만들의 검역 또한 강화가 필요할 것으로 생각된다. 본 연구의 결과는 개미바구미의 침입 위험에 대비할 수 있는 기초자료로 활용될 것으로 기대된다.

5. 결 론

MaxEnt 모형을 활용해 개미바구미의 분포를 예측한 결과, 현재 기후하에서 전 지구적 수준의 출현 지역을 잘 설명했다. 또한, 잠재적으로 남미 지역의 높은 침입 위험을 예측할 수 있었다. 개미바구미의 국내 잠재 분포는 제주 및 전남지역에서 매우 높은 확률을 보였으며, 기후변화가 진행됨에 따라 서해, 동해의 해안지역을 따라 북상할 것으로 예측되었다. 잠재 분포 확률이 높은 제주와 전남지역은 각각 개미바구미의 대체기주인 당근과 주 기주인 고구마의 생산량이 많은 지역이다. 따라서 개미바구미가 대발생할 경우 심각한 경제적 피해가 발생할 것으로 우려된다. 개미바구미 피해를 대비하기 위해서는 국내 농업 환경에 맞춘 방제 기법의 개발이 필요할 것으로 생각된다. 특히, 해외에

보고된 연구 사례들을 고려했을 때, 신속한 작목 전환을 실행하기 위해 경종적 방제에 관한 기초 연구가 필요할 것으로 사료된다.

적 요

침입생물 관리의 핵심은 선제적 대응에 있으나, 현재 종 분포 모형을 활용한 연구는 대부분 침입 이후에 수행되는 실정이다. 본 연구는 아직 국내에 침입하지 못한 전 세계적으로 악명 높은 고구마 해충, 개미바구미 (*Cylas formicarius*)의 잠재 분포를 MaxEnt 모형을 활용해 모의했다. 전지구 수준의 출현 자료와 생물기후변수, 포도의 특성과 관한 변수들을 활용해 모형을 구축한 결과, Training/Test AUC 모두 0.9 이상으로 매우 설명력이 높았다. 활용한 환경변수들 중에서는 가장 추운 달의 최저온도(BIO06), 가장 건조한 달의 강수량(BIO14), 평균 일교차(BIO02), 전용적밀도(bulk density, BDOD)가 주요한 변수로 분석되었다. 전지구 분포 예측 결과, 대부분의 출현 국가들에서 높은 예측 값을 보였으며, 남미의 경우 현재 분포하지 않은 대부분의 국가에서 높은 출현확률을 보여 잠재적 침입 위험이 큰 것으로 분석되었다. 국내 잠재 분포를 예측한 결과, 제주도과 전남 남서해안지역의 잠재 분포 확률이 매우 높았다. SSP (Shared Socioeconomic Pathway) 시나리오에 대한 기후변화 영향을 분석한 결과, 잠재 분포는 전국 해안을 따라 확장되었다. 잠재적인 발생 면적의 경우 10MTP (10th percentile minimum training presence) 규칙 적용시 현재 기후하에서 1,439 km²였으며 SSP585에서 최대 9,485 km²까지 확대될 가능성이 있을 것으로 예측되었다. 그러나, 내륙지방으로의 전국적 분포는 예측되지 않아 전국 도서·해안지역의 침입 위험을 중심으로 대비해야 할 것으로 사료된다.

CRedit authorship contribution statement

J Hong: Conceptualization, Methodology, Writing - Original draft preparation. **H Hong:** Investigation, Formal analysis. **S Pi:** Investigation, Formal analysis. **S Lee:** Investigation, Data Curation. **JH Shin:** Investigation, Data Curation. **Y Kim:** Writing - Review & Editing. **K Cho:** Supervision, Project administration.

Declaration of Competing Interest

The authors declare no conflicts of interest.

ACKNOWLEDGEMENTS

This research was supported by Korea Environment Industry & Technology Institute (KEITI) through Climate Change R&D Project for New Climate Regime (2022003 570005), funded by Korea Ministry of Environment (MOE). This research was also supported by Core Research Institute Basic Science Research Program through the NRF funded by the Ministry of Education (NRF-2021 R1A6A1A10045235).

REFERENCES

- APOA. 2021. Import Quarantine Trends of Lemongrass from Thailand. Animal and Plant Quarantine Agency. Gimcheon, Korea. <https://www.qia.go.kr/downloadwebQiaCom.do?id=39694>. Accessed November 30, 2023.
- Austin DF. 1988. The taxonomy, evolution and genetic diversity of sweet potatoes and related wild species. pp. 27–60. In: Exploration, Maintenance, and Utilization of Sweet Potato Genetic Resources. International Potato Center. Lima, Peru.
- Bivand R, T Keitt and B Rowlingson. 2023. rgdal: bindings for the 'Geospatial' Data Abstraction Library. R package version 1.6-7. <https://CRAN.R-project.org/package=rgdal>. Accessed November 20, 2023.
- Bradshaw CJ, L Boris, C Bellard, D Roiz, C Albert, A Fournier, M Barbet-Massin, JM Salles, F Simard and F Courchamp. 2016. Massive yet grossly underestimated global costs of invasive insects. Nat. Commun. 7:12986. <https://doi.org/10.1038/ncomms12986>
- CABI. 2023. *Cylas formicarius*. In: CABI Compendium. Wallingford, United Kingdom: CAB International. <https://doi.org/10.1079/cabicompendium.17408>. Accessed November 1, 2023.
- Chatterjee S and AS Hadi. 2013. Regression analysis by example. Fifth Edition. John Wiley & Sons. Hoboken, New Jersey.
- Elith J and JR Leathwick. 2009. Species distribution models: ecological explanation and prediction across space and time. Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst. 40:677–697. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.110308.120159>
- GBIF. 2023. Global Biodiversity Information Facility. Occurrence Download. <https://doi.org/10.15468/dl.hm3yu3>. Accessed November 20, 2023.

- Hijmans R. 2023. raster: Geographic Data Analysis and Modeling. R package version 3.6-23. <https://CRAN.R-project.org/package=raster>. Accessed November 20, 2023.
- Hong J, GS Lee, JJ Park, HH Mo and K Cho. 2019. Risk map for the range expansion of *Thrips palmi* in Korea under climate change: Combining species distribution models with land-use change. *J. Asia-Pac. Entomol.* 22:666–674. <https://doi.org/10.1016/j.aspen.2019.04.013>
- Hong KJ, JH Lee, GS Lee and S Lee. 2012. The status quo of invasive alien insect species and plant quarantine in Korea. *J Asia-Pac. Entomol.* 15:521–532. <https://doi.org/10.1016/j.aspen.2012.06.003>
- Hue SM and MY Low. 2015. An insight into sweet potato weevils management: A review. *Psyche-J. Entomol.* 2015:849560. <https://doi.org/10.1155/2015/849560>
- IPBES. 2023. Summary for Policymakers of the Thematic Assessment Report on Invasive Alien Species and their Control of the Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services (Roy HE, A Pauchard, P Stoett, T Renard Truong, S Bacher, BS Galil, PE Hulme, T Ikeda, KV Sankaran, MA McGeoch, LA Meyerson, MA Nuñez, A Ordonez, SJ Rahlo, E Schwindt, H Seebens, AW Sheppard and V Vandvik, eds.). Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services secretariat. Bonn, Germany. <https://doi.org/10.5281/zenodo.7430692>
- JATC. 2016. 60 Years of Rural Development in Jeju. Jeju Special Self-Governing Province Agricultural Technology Center. Seogwipo, Korea.
- Jayaramaiah M. 1975. Bionomics of sweetpotato weevil, *Cylas formicarius* (Fabricius), (Coleoptera: Curculionidae). *Mysore J. Agric. Sci.* 9:99–109.
- Jo SJ. 2014. Study on the control and ecology of *Pochazia shantungensis*. *J. Tree Health* 19:35–44.
- Kandori I, T Kimura, H Tsumuki and T Sugimoto. 2006. Cold tolerance of the sweet potato weevil, *Cylas formicarius* (Fabricius) (Coleoptera: Brentidae), from the Southwestern Islands of Japan. *Appl. Entomol. Zool.* 41:217–226. <https://doi.org/10.1303/aez.2006.217>
- Karger DN, AM Wilson, C Mahony, NE Zimmermann and W Jetz. 2021. Global daily 1 km land surface precipitation based on cloud cover-informed downscaling. *Sci. Data* <https://doi.org/10.1038/s41597-021-01084-6>
- Khoury CK, B Heider, NP Castañeda-Álvarez, HA Achicanoy, CC Sosa, RE Miller, RW Scotland, JRI Wood, G Rossel, LA Eserman, RL Jarret, GC Yencho, V Bernau, H Juarez, S Sotelo, S de Haam and PC Struik. 2015. Distributions, ex situ conservation priorities, and genetic resource potential of crop wild relatives of sweetpotato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam., *I. series Batatas*]. *Front. Plant Sci.* 6:251. <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00251>
- Kim DE, H Lee, MJ Kim and DH Lee. 2015. Predicting the potential habitat, host plants, and geographical distribution of *Pochazia shantungensis* (Hemiptera: Ricaniidae) in Korea. *Korean J. Appl. Entomol.* 54:179–189. <https://doi.org/10.5656/KSAE.2015.06.0.011>
- Kim MJ, JG Lee, Y Nam and Y Park. 2023. Assessing the climatic suitability for the drywood termite, *Cryptotermes domesticus* Haviland (Blattodea: Kalotermitidae), in South Korea. *Korean J. Appl. Entomol.* 62:215–220. <https://doi.org/10.5656/KSAE.2023.08.0.026>
- KOSIS. 2023a. Crop Production Survey - Potatoes Production (Field). Korean Statistical Information Service. https://kosis.kr/statHtml/statHtml.do?orgId=101&tblId=DT_1ET0026&conn_path=I2&language=en. Accessed December 30, 2023.
- KOSIS. 2023b. Census of Agriculture, Forestry, and Fisheries - Farm Households and Harvest Area of Sweet Potato. Korean Statistical Information Service. https://kosis.kr/statHtml/statHtml.do?orgId=101&tblId=DT_1AG204026&conn_path=I2. Accessed December 30, 2023.
- Kyereko WT, Z Hongbo, H Amoanimaa-Dede, G Meiwei and A Yeboah. 2019. The major sweet potato weevils; management and control: A review. *Entomol. Ornithol. Herpetol.* 8:218. <https://doi.org/10.35248/2161-0983.8.218>
- Lee HS and SW Wilson. 2010. First report of the nearctic flatid planthopper *Metcalfa pruinosa* (Say) in the Republic of Korea (Hemiptera: Fulgoroidea). *Entomol. News* 121:506–513. <https://doi.org/10.3157/021.121.0514>
- Lee S, KJ Hong, YS Cho, YS Choi, MS Yoo and S Lee. 2017. Review of the subgenus *Aethina* Erichson s. str. (Coleoptera: Nitidulidae: Nitidulinae) in Korea, reporting recent invasion of small hive beetle, *Aethina tumida*. *J Asia-Pac. Entomol.* 20:553–558. <https://doi.org/10.1016/j.aspen.2017.03.006>
- Miyatake T, S Moriya, T Kohama and Y Shimoji. 1997. Dispersal potential of male *Cylas formicarius* (Coleoptera: Brentidae) over land and water. *Environ. Entomol.* 26:272–276. <https://doi.org/10.1093/ee/26.2.272>
- Miyatake T, T Kohama, Y Shimoji, K Kawasaki, S Moriya, M Kishita and K Yamamura. 2000. Dispersal of released male sweetpotato weevil, *Cylas formicarius* (Coleoptera: Brentidae) in different seasons. *Appl. Entomol. Zool.* 35:441–449. <https://doi.org/10.1303/aez.2000.441>
- Muruvanda DA, JW Beardsley and WC Mitchell. 1986. Additional alternate hosts of the sweetpotato weevils *Cylas formicarius elegantulus* and *Euscepes postfasciatus* (Coleoptera: Curculionidae) in Hawaii. *Proc. Hawaiian Entomol. Soc.* 26:93–96.
- Naimi B, NAS Hamm, TA Groen, AK Skidmore and AG Toxopeus. 2014. Where is positional uncertainty a problem for species distribution modelling. *Ecography* 37:191–203. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0587.2013.00205.x>
- O'Neill BC, C Tebaldi, D van Vuuren, V Eyring, P Friedlingstein, G

- Hurt, R Knutti, E Kriegler, JF Lamarque, J Lowe, GA Meehl, R Moss, K Riahi and BM Sanderson. 2016. The scenario model intercomparison project (ScenarioMIP) for CMIP6. *Geosci. Model Dev.* 9:3461–3482. <https://doi.org/10.5194/gmd-9-3461-2016>
- Phillips SJ and M Dudík. 2008. Modeling of species distributions with Maxent: new extensions and a comprehensive evaluation. *Ecography* 31:161–175. <https://doi.org/10.1111/j.0906-7590.2008.5203.x>
- Phillips SJ, RP Anderson and RE Schapire. 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecol. Model.* 190:231–259. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2005.03.026>
- Phillips SJ, RP Anderson, M Dudík, RE Schapire and ME Blair. 2017. Opening the black box: An open-source release of Maxent. *Ecography* 40:887–893. <https://doi.org/10.1111/ecog.03049>
- Poggio L, LM de Sousa, NH Batjes, G Heuvelink, B Kempen, E Ribeiro and D Rossiter. 2021. SoilGrids 2.0: producing soil information for the globe with quantified spatial uncertainty. *Soil* 7:217–240. <https://doi.org/10.5194/soil-7-217-2021>
- R Core Team. 2023. R: a language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>. Accessed November 1, 2023.
- RDA. 2018. Sweet Potato - Agricultural Technology Guide 028. Rural Development Administration. Jeonju, Korea.
- Rounsevell MDA, SP Evans and P Bullock. 1999. Climate change and agricultural soils: impacts and adaptation. *Clim. Change* 43:683–709. <https://doi.org/10.1023/A:1005597216804>
- Sato K, I Uritani and T Saito. 1982. Properties of terpene-inducing factor extracted from adults of the sweet potato weevil, *Cylas formicarius* Fabricius (Coleoptera: Brenthididae). *Appl. Entomol. Zool.* 17:368–374. <https://doi.org/10.1303/aez.17.368>
- Shin HP, CI Park and KS Jeong. 1989. Report on the first interception of *Cylas formicarius* Fabricius (Coleoptera: Curculionidae) in quarantine. *Korean J. Appl. Entomol.* 28:244.
- Sutherland JA. 1986. A review of the biology and control of the sweetpotato weevil *Cylas formicarius* (Fab). *Int. J. Pest Manage.* 32:304–315. <https://doi.org/10.1080/09670878609371084>
- Swets JA. 1988. Measuring the accuracy of diagnostic systems. *Science* 240:1285–1293. <https://doi.org/10.1126/science.3287615>
- Wolfe GW. 1991. The origin and dispersal of the pest species of *Cylas* with a key to the pest species groups of the world. pp. 13–43. In: *Sweet Potato Pest Management. A Global Perspective* (Jansson RK and KV Raman eds.). Westview Press. Boulder, Colorado.
- Yamaguchi T, O Setokuchi and K Miyaji. 2000. Development and adult survival of the sweet potato weevil, *Cylas formicarius* (Fabricius) (Coleoptera: Brentidae), during winter on Amami-Oshima Island, Japan. *Appl. Entomol. Zool.* 35:451–458.

SUPPLEMENTARY MATERIALS

Supplementary Table A1. Sweet potato production (Unit: kg).

| Year | Jeollanam-do | Jeju-do | Total |
|------|--------------|---------|---------|
| 2011 | 70,175 | 1,553 | 255,284 |
| 2012 | 82,898 | 2,076 | 342,668 |
| 2013 | 72,985 | 2,823 | 329,516 |
| 2014 | 73,745 | 1,111 | 322,071 |
| 2015 | 74,779 | 1,299 | 294,655 |
| 2016 | 83,345 | 3,065 | 341,225 |
| 2017 | 86,685 | 2,952 | 324,960 |
| 2018 | 94,862 | 1,385 | 305,304 |
| 2019 | 138,011 | 1,598 | 368,324 |
| 2020 | 97,635 | 1,054 | 329,927 |
| 2021 | 108,081 | 1,803 | 348,912 |
| 2022 | 109,065 | 1,347 | 337,153 |

Source: KOSIS 2023a