

지리산 지역의 생물종 분포모형 구축 및 종종부도 평가

Development of Species Distribution Models and Evaluation of Species Richness in Jirisan region

권혁수* · 서창완** · 박종화***

Kwon, Hyuk Soo · Seo, Chang Wan · Park, Chong Hwa

要 旨

생물다양성에 대한 사회적 관심이 늘어남에 따라 생물다양성 평가, 보호지역 지정, 서식지 관리 및 복원 등 생물자원에 대한 공간적 평가의 필요성이 대두되고 있다. 본 연구는 이러한 야생동물의 서식지에 대한 평가를 위하여 자료의 수집 및 모형화의 기법 연구와 생물종종부도를 작성하는데 목적이 있다. 종분포모형을 위해 사용된 GAM (Generalized Additive Model)으로 기존의 중첩 분석이나 GLM (Generalized Linear Model)에 비해 환경변수와 반응 변수의 관계가 명확하고 이에 따른 해석이 용이하다. 본 연구대상지로는 국립공원, 경관생태보호구역, 수달보호구역으로 지정된 지리산, 백운산, 섬진강을 포함하고 있는 유역을 선정하였다. 대상유역의 토지피복에 따라 총화추출을 통하여 야생동물(포유류와 조류)의 출현/비출현 형태의 현장자료를 수집하였으며, 야생동물의 서식에 영향을 미치는 자연, 사회·경제적 자료를 구축하였다. 각 종에 대한 서식지이용분석과 주요서식인자를 확인한 후, 출현/비출현 모형을 통해 서식지적합성모형을 개발하고, 개별 종에 대한 서식지적합성지도 작성하였다. 서식지 적합성지도를 산술 합산하여 분류군별(포유류, 조류) 종종부도, 통합종종부도를 작성하였다. 개별 종 서식지의 주요인자는 서식지선택에 따라 다르게 나타났다. 고라니나 박새와 같은 몇몇 종들은 저지대에 분포하나, 대부분의 포유류나 조류의 잠재서식지는 국립공원 경계구역이나 중산간지역에 많이 분포하였다. 본 연구의 결과는 환경부에서 수행하는 생물다양성의 평가, 보호지역의 지정 등의 기초자료로서 활용될 수 있을 것이다.

핵심용어 : 생물종다양성, 보호지역, 일반화가법모형, 조류 종종부도, 포유류 종종부도

Abstract

Increasing concern about biodiversity has lead to a rise in demand on the spatial assessment of biological resources such as biodiversity assessment, protected area selection, habitat management and restoration in Korea. The purpose of this study is to create species richness map through data collection and modeling techniques for wildlife habitat assessment. The GAM (Generalized Additive Model) is easy to interpret and shows better relationship between environmental variables and a response variable than an existing overlap analysis and GLM (Generalized Linear Model). The study area delineated by a large watershed contains Jirisan national park, Mt. Baekun and Sumjin river with three kinds of protected areas (a national park, a landscape ecology protected area and an otter protected area). We collected the presence-absence data for wildlife (mammals and birds) using a stratified random sampling based on a land cover in the study area and implemented natural and socio-environmental data affecting wildlife habitats. After doing a habitat use analysis and specifying significant factors for each species, we built habitat suitability models using a presence-absence model and created habitat suitability maps for each species. Biodiversity maps were generated by taxa and all species using habitat suitability maps. Significant factors affecting each species habitat were different according to their habitat selection. Although some species like a water deer or a great tit were distributed at the low elevation, most potential habitats for mammals and birds were found at the edge of a national park boundary or near a forest around the medium elevation of a mountain range. This study will be used for a basis on biodiversity assessment and projected area selection carried out by Ministry of Environment.

Keywords : Biodiversity, Protected Area, GAM(Generalized Additive Model), Birds species richness, Mammals species richness

2012년 5월 23일 접수, 2012년 9월 20일 채택

* 정회원 · 국립환경과학원 자연자원연구과 전문위원(ulmus96@hotmail.com)

** 교신저자 · 정회원 · 서울대학교 환경계획연구소 연구원(dharmascw@hanmail.net)

*** 서울대학교 환경대학원 환경조경학과 교수(rsgis@snu.ac.kr)

1. 서 론

최근 생물다양성에 대한 사회적 관심과 더불어 이를 정량화하거나 객관화에 필요한 위성영상, GPS(Global Positioning System), GIS(Geographic Information Science)와 공간통계모형 등의 기술 향상으로 종분포모형(Species Distributions Models)을 이용한 연구가 발전해 왔다. 종분포모형이나 서식지분포모형은 생물다양성의 평가, 보호지역의 지정, 서식지관리 및 복원, 개체군이나 군집, 생태계의 모형화, 생태계 복원, 외래종의 위협평가, 종이나 생태계에 대한 기후변화 효과 예측 등과 같은 자연자원관리 및 보전계획 등에 다양하게 이용되고 있다. 특히 종분포모형은 보전계획에 있어서 종이나 개체군, 종종부도에 대한 지리적 분포나 개체군의 속성을 파악하여 보호가 우선되어야 할 지역을 찾거나 현재 또는 중장기적으로 위협이 될 만한 지역을 찾거나 보호지역을 설계하는데 중요한 정보를 제공한다 (Scott *et al.*, 1993; Li *et al.*, 1999; Rodrigues *et al.*, 2004, Kremen *et al.*, 2008; Thorn *et. al.*, 2009; Franklin, 2009; Newbold, 2010).

국내의 경우, 생물종 위치자료가 많지 않거나 수집이 어려워 중첩분석, 다기준 평가(Multi-criteria Evaluation)와 퍼지이론을 통합한 서식지모형, 회귀모형 등의 서식지 적합성 모형이 주로 활용되어 왔다(김원주 외, 1998; 서창완과 박종화, 2000; 최태영과 박종화, 2004; 이동근과 송원경, 2008; Rho, 2009). 서식지 적합성 모형(Habitat Suitability Models)은 야생동물학의 자원선택이론을 기반으로 종의 생존에 필요한 서식지의 적합 정도를 나타낸다. 이러한 분석은 전문가의 견해가 반영되어 범주형 변수들이 정해지기 때문에 객관적인 평가에 어려움이 있다. 또한 대부분 종의 위치자료가 대상 종의 출현자료를 위주로 수집되어 있어 있기 때문에 회귀분석을 위하여 임의 비출현자료를 생성하여 분석을 실시하기도 한다(서창완과 박종화, 2000; 이동근과 송원경, 2008; 서창완 외, 2008a). 그러나 임의 비출현 자료를 활용한 회귀분석의 모형도 비출현 자료를 임의적으로 생성하였기 때문에 정확하게 대표할 수 없다. 따라서 출현/임의비출현 모형은 출현/비출현 모형에 비하여 모형의 정확도가 낮게 나타난다(서창완 외, 2008b). 이 밖에도 생물종의 개체 수나 생물다양성지수를 종속변수로 환경변수 독립변수로 하는 선형회귀분석을 이용하기도 하였다. 이러한 모형은 개체수와 환경 변수와의 관계 규명이나 개별종에 대한 평가나 해석이 어렵다는 단점이 있다(성남시, 2004; 이슬기 외, 2010). 이에 비하여 생태지위모형(Ecological niche Models)

은 종의 위치와 주변 환경변수와의 관계를 살펴보는 모형으로 현장에서 고려되지 못했던 여러 가지 환경변수와의 관계를 추정할 수 있으며, 이를 통하여 보다 객관적 결과를 도출할 수 있어 최근 종분포 연구에 많이 활용되고 있다(Franklin, 2009; 권혁수, 2011).

객관적인 평가, 개별종에 대한 결과 해석 및 정확한 예측을 위해서는 표본수집에서부터 출현/비출현 지역의 자료를 수집하는 공간통계모형이 필요하다. 본 연구의 목적은 지리산 지역에서 포유류 및 조류의 출현/비출현 자료를 수집하여 GAM을 적용하고, 이에 따른 개별종의 서식지 모형 생성과 나아가 지리산 일대의 생물종 풍부지역 탐색이다.

2. 연구의 범위 및 방법

2.1 연구대상지

지리산지역은 백두대간의 남쪽에 위치하며, 지형적으로 고산으로 지세가 험준하고 다양한 형태로 존재하여 각 지역마다 독특한 생태계를 유지하고 있다. 사방으로 펼쳐진 계곡들은 수량이 풍부하여 계곡과 사면에 다양한 식생이 자랄 수 있는 여건을 조성하고 이는 다양한 야생동물이 서식할 수 있는 토대가 된다(국립공원관리공단, 2003).

연구대상지는 지리산 국립공원과 광양의 백운산을 포함하는 총 14개의 소유역권을 포함한다. 연구지역은 약 1,800km² 정도가 해당되며, 지리산 국립공원, 구례수달보호구역, 백운산 시도지사지정 생태경관보전지역 등 다양한 법정 보호지역이 산재해 있다(Figure 1).

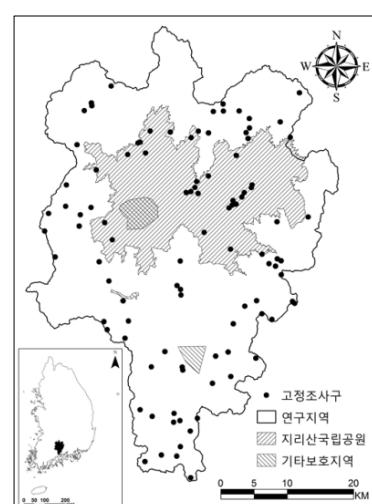


Figure 1. Location of Sampling Sites

2.2 생물종 조사방법

2.2.1 조사지역 선정

조사지역은 지리산 국립공원과 광양 백운산을 포함하는 14개 소유역을 선정하였다. 유역경계는 환경부에서 제공하는 소유역도를 사용하였다. 이 연구에서는 공간통계모형을 적용하기 위하여 조사지역 선정 시 임의 표본 추출방법(Random Sampling Method)을 사용하였다.

이를 위하여 국립지리원에서 제공하는 1:25,000 토지이용현황도를 농경지, 초지, 산림, 시가화지역, 수역의 5개의 분류군으로 나누었다. 각 분류군에 따른 면적비율을 산출하고 이에 해당하는 표본수집 개수를 할당하였다. 그러나 초지는 면적비율이 낮아 산림에 할당된 포인트 중 하나를 초지에 추가하였으며, 수계지역은 할당된 지점과 가까운 수변을 조사하였다. 산림의 경우에는 토지이용현황도의 중분류로 구분하면 서식지의 특성이 반영하기 어려우므로, 환경부의 현존식생도를 참조하여 조사지역을 할당하였다. 지리산의 능선부와 같은 아고산대 생태계들은 면적이 작지만 상대적으로 중요도가 높아 이 지역도 강제 할당을 하였다(Table 1).

현장조사 시 도로 및 임도의 영향과 조사의 접근성을 고려하여 도로에서 100~500m 사이를 조사지역으로 선정하였다(박종화 외, 1993; 임신재 외, 2007). 이렇게 할당된 조사지역 개수는 지점 간에 공간적 자기상관이 없도록 ESRI사의 ArcGIS9.0의 임의 표본방법으로 분포시켰다. 도로는 수치지형도의 소로 이상을 추출하여 사용하였으며, 산림의 내부의 경우는 도로의 접근성이 떨어지기 때문에 중요한 식생군락들을 선별하고 군락들 간에 임의표본방법을 적용하였다.

2.2.2 현장 조사 방법

근래에 들어서는 조사방법에 GPS가 이용됨에 따라 발견된 서식지의 공간적 표기가 정확해지고 자료의 축적이나 활용의 효율성이 높아지고 있다. 서식지의 조사방법은 다양하지만, 야생동물의 경우 선조사법(line transect)에 의한 서식흔적 조사방법이 많이 활용되고

Table 1. Assigning Survey Plots

토지이용	면적(km ²)	비율(%)	조사지역 할당개수
농경지	297	17	17
초지	18	1	2
수계	43	2	2
시가화지역	53	3	3
산림지역	1382	77	76
합계	1,793	100	100

있다. 그러나 선조사법은 야외조사 전문가들이 주로 서식할 것으로 추정되는 지역을 찾아가 조사를 하기 때문에 조사지역의 지점들이 전문가의 견해나 편향이 들어가 있어 공간통계적 중분포모형을 구현하는데 필요한 공간적 임의성을 충족시키기 어렵다. 그리고 전문가들이 인지하고 있는 지점을 위주로 조사하기 때문에 누락된 지역에 있어서의 발견가능성이 배제되는 단점이 있다. 또한 출현지역 정보를 수집하기 때문에 서식하지 않는 지역의 정보가 배제된다. 출현지점의 환경 특성도 중요한 서식지 정보가 되지만 비출현지점도 존재하지 않는 환경적 특성을 내재하기 때문에 모형화의 중요한 정보를 제공하게 된다.

포유류 조사는 할당한 지역을 GPS를 이용하여 찾아가 조사지점 중심에서 반경 100m 이내 지역을 전수 조사하였다. 이때 발견한 흔적이나 목견내용을 야장에 기입토록 하였다. 그리고 조사 지점으로 가는 도중에 발견된 흔적도 동시에 기입하도록 하였다. 육안에 의한 직접관찰, 배설물, 발자국, 휴식흔적 따른 조사를 실시하였다(김원주 외, 1998; 서창완과 박종화, 2000; 최태영과 박종화, 2004; 환경부, 2006; 서창완 외, 2008b).

조류 조사도 마찬가지로 할당된 조사지에서 반경 100m의 원형 병형구를 설정하고 20분 동안 관찰된 종수, 개체수를 육안과 소리 식별을 통해 조사하였다. 조류 조사도 포유류 조사와 동일하게 지도와 GPS를 가지고 지정된 지점까지 가서 조사를 수행하며, 접근이 여의치 않은 곳은 유사한 서식지 군락을 찾아 조사 하도록 하였다(환경부, 2006; 임신재 외, 2007).

2.3 환경변수 생성 및 유의성 검증

서식지 선택에 영향을 미치는 공간 변수를 찾기 위하여 국내 서식지 연구와 비교적 생육환경이 비슷한 동아시아 지역에서의 포유류나 조류의 서식지 관련논문을 찾아 서식지에 대한 변수를 도출하였다. 이 밖에 조류 및 포유류 도감이나 서식지 관련 보고서에 나오는 변수를 추가하였다.

환경변수를 구성하기 위하여 1:25,000 수치지형도에서 DEM(Digital Elevation Model)을 생성하였으며 지형에 관련한 Relief, Ridge and Valley, Curvature, Slope, Northness, Wetness 변수를 추출하였다. 또한 산림과학원에서 제공하는 임상도를 사용하여 영급, 경급, 밀도, 산림구조, 활엽수비율과 같은 공간 변수를 생성하였다. 그 밖에 국토지리정보원에서 제공하는 토지이용현황도나 수치지형도에서 거리 변수를 생성하였다(최태영과 박종화, 2004; 서창완 외, 2008a; 서창완 외, 2008b; 이동근과 송원경, 2008; 권혁수, 2011).

Table 2. Description of Habitat Variables Related to Mammals and Birds

대분류	변수명	변수 내용
지형	DEM	1/25,000 수치지형도에서 30m 수치표고모델 추출
	Relief	DEM에서 Neighborhood 5x5에서 Standard deviation
	RidgeValley	High/Low에서 유클리드 distance로 계산한 다음 low/high+low
	Curvature	DEM에서 골곡도 추출
	Slope	DEM에서 경사도 추출(degree)
	Northness	$\cos\{(\text{Aspect} \cdot \pi)/180\}$, $360^\circ=1$, $180^\circ=0$
	Wetness	$\ln\{(\text{Flow Accumulation} + 1)/(\text{Slope} + 1)\}$
식생	Solar.rad	일사량
	Kung	임상도 경급
	Yung	임상도 영급
	Mildo	임상도 밀도
	Fore.Struc	산림 구조. 경급 x 영급 x 밀도
거리	Fore.Rate	활엽수의 비율. 활엽수 100, 흔효림 50, 침엽수 및 기타 0 코딩 후 neighborhood 3x3 window mean
	Dist.Road	토지이용현황도의 도로로부터의 거리
	Dist.Resi	토지이용현황도의 시가화건조지로부터의 거리(도로 제외)
	Dist.Water	토지이용현황도의 수역으로부터의 거리
	Dist.Fore	토지이용현황도의 산림으로부터의 거리
	Dist.Rock	수치지형도상의 바위로부터의 거리
	Dist.Agro	토지이용현황도의 농경지로부터 거리

생성된 환경변수는 모델의 입력 자료로 활용하기 전에 출현/비출현 자료 간에 유의미한 차이가 있는지를 확인하기 위하여 Wilcoxon rank sum test를 사용하였다. Wilcoxon rank sum test는 두 개의 표본 집단 간의 차이가 유의성이 있는가를 살펴보는 비모수 검정 방법으로, 야생동물 자료들은 정규분포를 가정하기 어렵기 때문에 이러한 비모수 검정방법을 많이 이용한다. 본 모형에서도 환경변수들의 유의성검증을 위하여 Wilcoxon rank sum test를 실시하였다(이희연, 1989; 서창완 외, 2008a).

2.4 종분포모형

이 연구에서는 종분포모형을 수행하기 위해 GAM(Generalized Additive Model)을 사용하였다. GAM은 GLM(Generalized Linear Model)의 확장형태로 독립 변수와 종속변수사이의 비선형적인 관계를 설명하는데 GLM보다 뛰어나며, ANN(Artificial Neural Network)보다는 그 결과 해석이 용이하다는 장점이 있다(Eliith *et al.*, 2006; 서창완 외, 2008a; 서창완 외, 2008b; Franklin, 2009).

GAM은 GRASP 3.0 (Lehmann *et al.*, 2002)을 사용하였으며, stepwise selection과 AIC information criterion(Anon, 1999)을 기준으로 모형을 적용하였다. 모형정확도는 ROC(Receiver operating characteristic)의 AUC(Area Under Cover)값을 통해 측정하였다

(Thuiller, 2003). AUC를 이용한 모형의 정확도 측정은 기준값에 독립적이라는 장점을 가지고 있어 개별 모형들을 비교하는데 많이 이용되고 있다(서창완 외, 2008a).

서식지분포모형의 결과는 서식지분포확률로 나타나는데, 이 결과를 출현/비출현지역으로 예측하기 위한 기준값(threshold)이 필요하다. 일반적 방법으로는 분포확률 0.5를 기준으로 미만인 경우 비존재, 이상인 경우 존재로 재분류하거나 분포확률의 표준편차를 통해 재분류한다(서창완과 박종화, 2000; 이동근과 송원경, 2008; Rho, 2009). 그러나 출현/비출현의 표본자료의 수가 동일하지 않을 경우 이러한 재분류는 과소 및 과대평가되는 경향이 있다. 따라서 실제값과 예측된 값의 오차합이 최소가 되도록하는 기준값을 설정하여 출현/비출현의 서식지예측도를 작성하였다.

3. 결 과

3.1 모형화 종 선정

조사지역에서 총 100개의 표본 자료를 수집하였다. 포유류의 경우 9과 18종이 조사가 되었으며, 이 중 삵, 하늘다람쥐, 수달, 쇠죽제비 등 법정보호종도 발견하였다. 조류의 경우는 34과 83종이 발견되었으며 까막딱다구리, 소쩍새, 올빼미, 새흘리기와 같은 법종보호종이

Table 3. Number of Occurrences of Mammals and Birds

분류군	과명	종명	출현지점수
조류	까마귀과	어치	29
	꿩과	꿩	24
	동고비과	동고비	23
	딱다구리과	청딱다구리	23
	멧새과	노랑턱멧새	20
	박새과	곤줄박이	44
	붉은머리	붉은머리	
	오목눈이과	오목눈이	20
	비둘기과	멧비둘기	47
	오목눈이과	오목눈이	34
포유류	지빠귀과	흰배지빠귀	33
	휘바람새과	산솔새	20
	사슴과	고라니	45
		노루	18
	개과	너구리	13
	고양이과	삵	18
	다람쥐과	다람쥐	12
		청솔모	18
	두더지과	두더지	37
	족제비과	수달	5
		족제비	8
		담비	7
		오소리	8

발견되었다(Table 3).

출현자료와 비출현자료의 비율은 동일한 것이 이상적이지만, 회귀종이나 법정보호종은 특성상 출현자료

가 비출현자료에 비하여 현저히 적게 조사된다. 그러나 모형을 구현하기 위한 최소 표본 개수는 5개 이상을 유지해야 한다(Pearson *et al.*, 2007).

3.2 종과 환경변수 간의 유의성 검증

Wilcoxon rank sum test 결과를 통하여 GAM의 입력 변수를 선정하였다. 입력변수는 *p-value*가 0.2이하인 변수들을 선택하였으며 선택된 변수가 많을 경우 0.1 이하인 변수들을 사용하였다. 그러나 선택입력 변수가 적을 경우에는 *p-value*의 값이 낮은 순서로 입력하여 모형예측도가 가장 높게 나온 모형을 최적모형으로 하였다(Table 4).

3.3 모형 적합성 검증 및 종분포모형 결과

모형의 결과는 변수의 모형기여도, ROC(Receiver Operating Characteristic) 그래프, 변수의 반응곡선, 종분포확률지도 등으로 나타난다.

모형의 적합성을 검증하기 위하여 5개 그룹으로 나누어 Cross-validation ROC를 실시하였다. 이에 따른 모델 결과는 Table 5와 같다. 포유류의 경우 고라니, 노루, 담비가 모형의 적합도가 높게 나왔으며, 조류의 경우는 동고비, 진박새, 멧비둘기, 흰배지빠귀가 비교적 높은 모형적합성을 나타내었다. 선택된 모형들은 기준 값에 따라 출현/비출현의 서식지예측지도로 변환하였다(Figure 2).

Table 4. Wilcoxon Rank Sum Test for Species and Variables

	고라니	노루	멧돼지	삵	다람쥐	청솔모	두더지	멧토끼	족제비	수달	오소리	너구리	담비
DEM	0.00	0.00	0.00	0.34	0.18	0.16	0.02	0.49	0.05	0.30	0.41	0.33	0.00
Relief	0.00	0.00	0.00	0.39	0.78	0.09	0.00	0.47	0.66	0.48	0.16	0.27	0.20
RidgeValley	0.07	0.76	0.88	0.36	0.97	0.57	0.56	0.85	0.41	0.50	0.19	0.45	0.61
Curvature	0.07	0.96	0.42	0.18	0.28	0.78	0.63	0.99	0.81	0.90	0.02	0.35	1.00
Slope	0.03	0.03	0.03	0.31	0.18	0.34	0.01	0.87	0.86	0.21	0.06	0.18	0.57
Northness	0.82	0.72	0.23	0.40	0.14	0.04	0.66	0.66	0.06	0.23	0.98	0.25	1.00
Wetness	0.02	0.01	0.02	0.84	0.56	0.61	0.18	0.74	0.78	0.29	0.80	0.99	0.44
Solar.rad	0.57	0.53	0.29	0.12	0.01	0.26	0.49	0.21	0.38	0.47	0.55	0.54	0.42
Kung	0.00	0.01	0.08	0.34	0.37	0.08	0.04	0.17	0.50	0.85	0.12	0.00	0.03
Mildo	0.11	0.10	0.17	0.46	0.29	0.05	0.08	0.23	0.20	1.00	0.81	0.00	0.67
Yung	0.00	0.00	0.07	0.27	0.26	0.07	0.04	0.22	0.39	0.83	0.17	0.00	0.04
Fore.Struc	0.00	0.01	0.09	0.24	0.27	0.10	0.07	0.31	0.79	0.71	0.05	0.00	0.02
Hardw.Rate	0.01	0.10	0.02	0.60	0.18	0.38	0.01	0.38	0.15	0.63	0.16	0.00	0.09
Dist.Road	0.43	0.01	0.01	0.55	0.33	0.19	0.20	0.49	0.22	0.52	0.49	0.55	0.43
Dist.Resi	0.00	0.01	0.01	0.98	0.28	0.11	0.10	0.55	0.38	0.67	0.28	0.22	0.04
Dist.Water	0.02	0.03	0.00	0.93	0.29	0.24	0.21	0.12	0.47	0.35	0.36	0.06	0.06
Dist.Fore	0.11	0.01	0.01	0.82	0.16	0.04	0.05	0.28	1.00	0.37	0.09	0.00	0.12
Dist.Rock	0.02	0.30	0.26	0.22	0.45	0.27	0.03	1.00	0.87	0.86	0.56	0.92	0.55
Dist.Agro	0.00	0.01	0.01	0.55	0.49	0.25	0.02	0.32	0.47	0.80	0.41	0.04	0.02

Table 5. Model goodness-of-fit test and threshold

종명	선택변수	cvROC	기준값	종명	선택변수	cvROC	기준값
고라니	Dist.Resi, RidgeValley, DEM	0.87	0.54	어치	DistFore, DEM, Kung, DistWater	0.74	0.45
노루	Kung, Wetness, Slope, Relief, DEM	0.85	0.46	꿩	Curvature, Slope, DistRock, HardwRate, Yung,	0.71	0.30
멧돼지	Dist.Road, Slope, Relief, DEM	0.69	0.49	동고비	DistRock, DEM, DistWater, ForeStru, Curvature	0.80	0.27
삵	RidgeValley, DistAgri, Relief, Yung	0.65	0.26	쇠딱다구리	DistFore	0.54	0.31
다람쥐	Solarrad, HardwRate, DistFore	0.71	0.14	청딱다구리	DistFore, DistResi, DistAgri, Curvature, DEM, DistRock, DistWater, Yung,	0.65	0.31
청솔모	DistFore, DistResi, Northness, DEM	0.70	0.26	노랑턱멧새	DistFore, Distwater, RidVal	0.69	0.19
두더지	HardwRate, Slope	0.66	0.40	곤줄박이	DEM	0.66	0.46
멧토끼	DistFore, HardwRate, Solarrad, Northness, Slope, DEM	0.67	0.22	진박새	DEM, Relief, Slope, Kung	0.78	0.37
족제비	HardwRate, Northness	0.73	0.20	붉은머리오목눈이	Kung, DistFore, DistRoad, Solarrad, Slope	0.72	0.23
수달	Werness, DistWater, DistWater, Northness	0.68	0.04	멧비둘기	DEM, DistResi, HardwRate, DistWater	0.78	0.56
오소리	Slope, Cuvature	0.70	0.15	오목눈이	Relief, Northness	0.61	0.34
너구리	HardwRate, Yung	0.73	0.11	흰배지빠귀	Relief, HardwRate, DistFore	0.79	0.34
담비	DistWater, DEM	0.83	0.09	산솔새	Slope	0.68	0.28

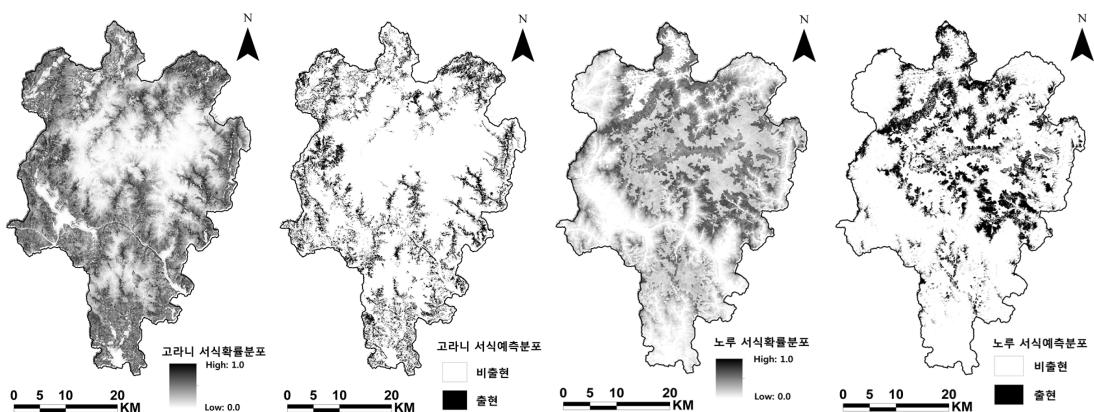


Figure 2. Maps Displaying Probability and Prediction from Models(Left; Waterdeer ,Right; Roe Deer)

포유류 및 조류의 종종부도는 개별종의 분포예측모형의 합산을 통하여 도출되었다(Figure 3). 개별종에 대한 분포예측모형은 출현/비출현의 형태로 나타나 있기 때문에 합산을 통하여 해당 공간에서 서식하는 종의 수를 추정할 수 있다. 결과를 살펴보면 다른 지역에 비하여 법정보호지역의 종의 서식이 많은 것으로 나타났

다. 그러나 보호지역의 가장자리에 종종부도가 높게 나타나 내부종보다는 가장자리종의 종 수가 높게 나타남을 확인할 수 있었다. 또한 보호지역 외부에 있어서도 패치형태가 큰 지역에서의 종종부도가 높게 나타남을 이울러 확인하였다.

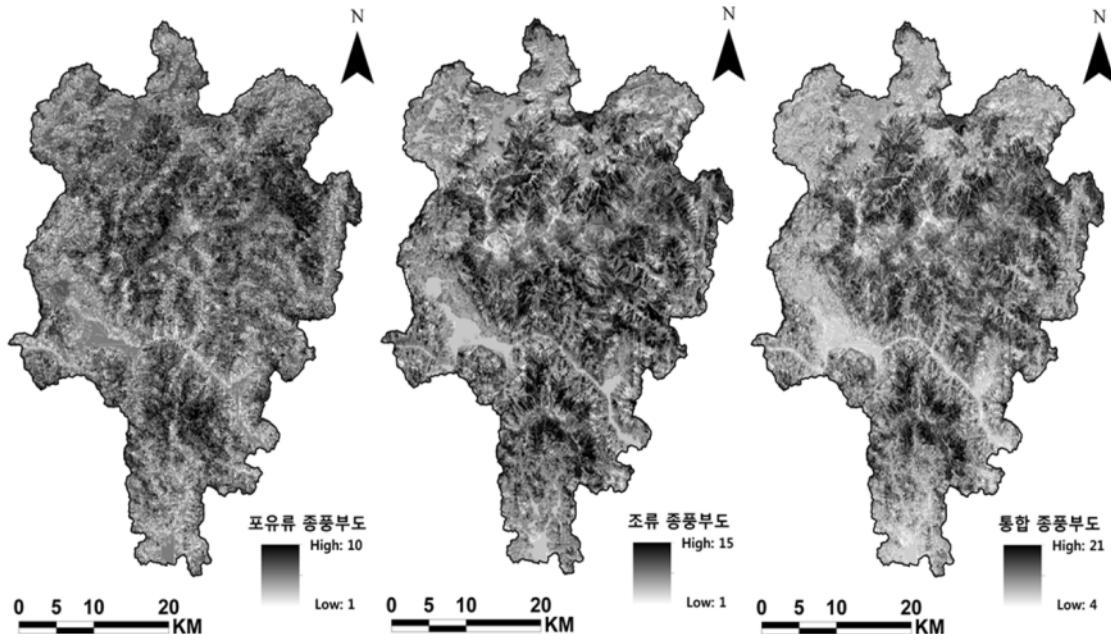


Figure 3. Mammals Richness map(Left), Birds Richness Map(Middle), Integrated Richness Map(Left)

4. 결 론

기존의 서식지 모형은 중첩분석이나 다기준 평가와 퍼지이론을 사용한 서식지모형 등과 같은 전문가 주관적 분석 방법들이 많았으나 이러한 분석은 전문가의 견해가 많이 반영되어 객관적인 평가에 어려움이 있으며, 로지스틱 회귀분석과 같은 선형모델의 사용으로 비선형적 분석이나 범주형자료의 처리의 한계로 최근에서는 단점을 극복하기 위한 생태계 지위모형인 GAM (Generalized Additive Model)을 이용하여 생물종다양성평가에 적용하였다.

본 연구는 기존의 서식지모형의 단점을 극복하고자 출현/비출현 형태로 자료를 수집하였다. 이는 전국자연환경조사나 기존 현장조사 방식에서는 출현자료만을 수집하기 때문에 자료의 정보량에서 차이가 나며, 이를 통하여 모형의 정확도를 높이거나 다양한 형태의 모형 구축이 가능하다는 장점이 있었다.

종종부도의 적용과 희귀종에 대한 모형의 부정확성이 연구의 한계로 지적될 수 있다. 종종부도는 종의 가치를 떠나 단순한 종 수의 합산을 사용했기 때문에 다양한 가치를 살펴보는 생물다양성 평가에 직접적 적용이 어렵다. 추후 연구에서는 종의 산술적 합산과 함께 종의 희귀정도 및 연결성 등을 적용하여 생물다양성 평가 연구에 활용해야 할 것이다. 또한 희귀종의 경우 출

현자료가 부족하기 때문에 정확한 서식지 모형을 구축하기 어렵다. 이러한 자료의 특성을 반영한 다른 모형 방법을 강구해야 할 것이다.

본 연구의 결과는 환경부에서 수행하는 생물다양성의 평가, 보호지역의 지정 등에 자료로서의 가치가 있다. 특히 환경부의 전국자연환경조사는 전국단위로 생물상 조사로서 다양한 종의 위치자료를 수집한다. 이러한 자료는 종분포연구를 통하여 전국의 생물종종부도 및 생물다양성 객관적 평가를 하는데 활용될 수 있다. 이 밖에도 서식지관리 및 복원, 개체군이나 군집, 생태계의 모형화, 생태계 복원, 외래종의 위험평가, 종이나 생태계에 대한 기후변화 효과 예측 등과 같은 자연자원관리 및 보전계획 등에 다양하게 활용될 수 있어 이에 대한 종합적인 연구가 장기적으로 수행되어야 할 것이다.

감사의 글

연구는 환경부 “차세대 핵심환경기술개발사업”으로 지원받은 과제임

참고문헌

1. 국립공원관리공단, 2003, 지리산국립공원 자연자원조사, 국립공원관리공단.
2. 권혁수, 2011, 보호지역계획을 위한 생물다양성 통합평

- 가모형; 지리산과 덕유산, 가야산 권역을 대상으로, 박사학위논문, 서울대학교.
3. 김원주, 박종화, 김원명, 1998, 멧돼지 서식지 적합성 분석 모형개발: 점봉산, 설악산 지역을 대상으로, 한국GIS학회지, 제6권, 2호, pp. 247-256.
 4. 박종화, 명수정, 박영임, 1993, GIS 및 원격탐사기법을 이용한 북한산국립공원 주변부의 추이대 탐지, 한국GIS학회, 제3권, 2호, pp. 91-102.
 5. 서창완, 박유리, 최윤수, 2008a, 위치자료의 종류에 따른 생물종 분포모형 비교 연구, 제16권, 4호, pp. 59-64.
 6. 서창완, 최태영, 최윤수, 김동영, 2008b, 설악산 산양을 대상으로한 야생동물 서식지 적합성 모형에 관한 연구. 한국환경복원녹화기술학회지, 제11권, 3호, pp. 28-38.
 7. 서창완, 박종화, 2000, GIS와 로지스틱 회귀분석을 이용한 멧돼지 서식지 모형 개발. 한국GIS학회지, 제8권, 1호, pp. 85-99.
 8. 성남시, 2004, 비오톱 등급평가 및 도시생태현황도 GIS 구축, 성남시
 9. 이동근, 송원경, 2008, 삶의 서식지 적합성 평가를 위한 분석단위 설정 및 보전지역 선정-총청도 지역을 중심으로-, 한국조경학회지, 제36권, 5호, pp. 64-72.
 10. 이슬기, 정성관, 박경훈, 김경태, 이우성, 2010, GIS를 이용한 산림성 조류의 서식지 예측 모형 및 지도구축. 한국지리정보학회, 제13권, 1호, pp. 62-73.
 11. 이희연, 1989, 지리통계학, 서울: 법문사
 12. 임신재, 이우신, 박성진, 이은재, 아주영, 김민진, 강정훈, 2007, 임도와 산림지역의 조류군집 특성비교, 한국조류학회, 제14권, 1호, pp. 1-8.
 13. 최태영과 박종화, 2004, 설악산 국립공원 내 산양 (*Nemorhaedus Caudatus Raddeanus*)의 잠재 서식지 적합성 모형: 다기준 평가기법(MOE)과 퍼지집합(Fuzzy Set)의 도입을 통하여, 한국조경학회지, 제32권, 6호, pp. 23-35.
 14. 환경부, 2006, 제3차 전국자연환경조사 지침, 환경부.
 15. Anon, 1999, S-PLUS 2000 Guide to Statistics, Vol. 1, MathSoft, Seattle, WA.
 16. Elith, J., C. H. Graham, R. P. Anderson *et al.*, 2006, Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data, Ecography, Vol. 29, No. 2, pp. 129-151.
 17. Franklin, J., 2009, Mapping Species Distributions; Spatial Inference and Prediction, Cambridge, Cambridge University Press.
 18. Kremen, C., A. Cameron, A. Moilanen *et al.* 2008, Aligning conservation priorities across taxa in Madagascar with high-resolution planning tools. Science, 320, pp. 222-226.
 19. Lehmann, A., J. M. Overton, and J. R. Leathwick, 2002, GRASP: Generalized Regression Analysis and Spatial Prediction. Ecological Modelling, Vol. 15. pp. 189-207.
 20. Li, W. J., Z. J. Wang, Z. J. Ma and H. X. Tang, 1999. Designing the core zone in a biosphere reserve based on suitable habitats: Yancheng Biosphere Reserve and the red crowned crane(*Grus japonensis*), Biological Conservation, Vol. 90. pp. 167-173.
 21. Newbold T., 2010, The value of species distribution models as a tool for conservation and ecology in Egypt and Britain., PhD. thesis, University of Nottingham
 22. Pearson R. G., C. J. Raxworthy *et al.*, 2007, Predicting species distributions from small numbers of occurrence records: a test case using cryptic geckos in Madagascar, Journal of Biogeography, Vol. 34, pp. 102-117.
 23. Rho, P., 2009, Use of GIS to Develop a Multivariate Habitat Model for the Leopard Cat (*Prionailurus bengalensis*) in Mountainous Region of Korea, Journal of Ecology and field biology, Vol. 32, pp. 229-236.
 24. Rodrigues, A. S. L., S. J. Andelman, M. I. Bakarr *et al.*, 2004, Effectiveness of the global protected area network in representing species diversity. Nature, Vol. 428, pp. 640-643.
 25. Scott, J. M., F. Davis, B. Csuti *et al.*, 1993, Gap analysis: a geographical approach to protection of biological diversity, Wildlife Monographs, Vol. 123, pp. 1-41.
 26. Thorn, J. S., V. Nijman, D. Smith and K. A. I. Nekaris, 2009, Ecological niche modelling as a technique for assessing threats and setting conservation priorities for Asian slow lorises (Primates: *Nycticebus*). Diversity and Distributions, Vol. 15. pp. 289-298.
 27. Thuiller, W., 2003, BIOMOD: optimizing predictions of species distributions and projecting potential future shifts under global change, Global Change Biology, Vol. 9, pp. 1353-1362.