

베타다양성 개념의 적용을 통한 청계천 어류 군집 특성 분석

김동환¹ · 이완옥 · 홍양기² · 전형주 · 김경환 · 강혜진¹ · 송미영*

국립수산과학원 중앙내수면연구소, ¹국립생태원, ²국립중앙과학관

Application of Beta Diversity to Analysis the Fish Community Structure in Stream. Dong-Hwan Kim¹ (0000-0003-2339-4420), Wan-Ok Lee (0000-0001-5063-3357), Yang-Ki Hong² (0000-0003-0986-8861), Hyoung-Joo Jeon (0000-0001-7518-7554), Kyung-Hwan Kim (0000-0002-1151-6606), Hyejin Kang¹ (0000-0001-6747-5420) and Mi-Young Song* (0000-0003-4404-9941) (Inland Fisheries Research Institute, National Institute of Fisheries Science; ¹National Institute of Ecology; ²National Science Museum)

Abstract Beta diversity is an efficient means of assessing the spatial variation in community composition among sites. To present fish community variation and LCBD (Local Contribution to Beta Diversity) among sites in stream, 6 sampling sites were selected in Cheonggye stream. Fish communities, environmental and habitat variables were collected at sites from April 2014 to October 2015. We used the total variance of the fish community data table (site-by-species community table) based on different forms, presence-absence, abundance, and Hellinger transformation, to estimate and compare beta diversity and LCBD. Fish community data table transformed by Hellinger distance showed the higher values of beta diversity than presence-absence and abundance data table. A similar patterns of LCBD were observed with presence-absence and Hellinger transformed data table. Low value of beta diversity calculated by community data table with abundance was due to the non-normality of fish assemblage data. Additionally, correlation coefficients were calculated to evaluate the relationships among LCBD, community indices and physicochemical variables. LCBD showed negative correlation coefficients with Shannon diversity. Overall, application of beta diversity analysis is an efficient method of addressing spatial variation of fish communities and ecological uniqueness of the sites in stream.

Key words: fish community, beta diversity, local contribution to beta diversity, Hellinger transformation, site-by-species community table

서 론

생태학에서 공간 변이에 따른 생물 종 다양성의 변화는 오랜 기간 동안 연구되어 왔다. 공간에 따른 다양성의 유형은 일반적으로 Whittaker (1960, 1972)가 제시한 세 가지 다양성의 개념 (알파다양성 (alpha diversity, α -diversity), 베타다양성 (beta diversity, β -diversity), 감마다양성 (gamma diversity, γ -diversity))으로 나뉜다. 알파다양성은 제한적 이거나 좁은 공간의 다양성 (local diversity)을 의미하며 종 풍부도나 다양성 지수 등을 통해 간단히 표현된다. 감마다양성은 넓은 생물 공간 전체의 종 다양성을 의미하며, 알파다양성과 같은 방법으로 계산이 가능하다. 베타다양성은 동물지리구, 강유역 등과 같이 특징적으로 구분된 넓은 공간 (region of interest)에 속한 작은 지점들 간의 종 구성이나 다양성의 차이를 의미한다 (Whittaker, 1960, 1972).

Manuscript received 23 July 2019, revised 28 August 2019, revision accepted 6 September 2019

* Corresponding author: Tel: +82-31-589-5170, Fax: +82-31-589-5151, E-mail: miyosong@korea.kr

© The Korean Society of Limnology. All rights reserved.

This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0/>), which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provide the original work is properly cited.

알파다양성이나 감마다양성과 달리, 공간적 군집 변이를 의미하는 베타다양성은 측정할 범위에 대한 정량적인 수치나 기준을 제시하는데 어려움이 있다. 이는 정량적 범위의 공간을 사용하거나, 공간이 가진 특성에 따른 소단위(subunits) 개념을 제시하여 보완하였다(Whittaker *et al.*, 2001; Legendre *et al.*, 2005). 일반적인 연속적 공간에 따른 다양성 변화(turn over) 외에 불연속적인 공간에 분포하는 생물상에 대한 베타다양성 측정 문제는 불연속적 접근(non-directional approach) 분석 개념을 통해 보완하였다(Legendre *et al.*, 2005; Anderson *et al.*, 2011; Legendre and Cáceres, 2013). 불연속적 접근 개념은 공간적 분포가 명확하게 구분되는 생물상 외에, 환경변화 및 서식처 차이 등을 기준으로 구분되는 군집 정보 간의 다양성 분석을 가능하도록 하였다.

베타다양성의 연구는 2000년대 초부터 그 수가 급격히 증가하여 군집생태학 분야의 주요 주제로 대두되었다(Anderson *et al.*, 2011). 최근 베타다양성 분석은 상대 풍부도 정보를 추가하거나, 계통학적, 기능적 차이 개념을 더하여 종 구성 차이 외의 다양한 생태학적 특징을 분석하는데도 적용되었다(Izsak and Price, 2001; Legendre *et al.*, 2005; Clarke *et al.*, 2006; Graham and Fine, 2008; Swenson *et al.*, 2010; Lamy *et al.*, 2015). 이러한 군집에 대한 베타다양성 분석은 정량적이고 간단하게 계산이 가능한 베타다양성 지수의 제시가 전제된다. 연속적 공간에 분포한 군집의 베타다양성은 거리에 따른 유사성 저감(similarity decay) 그래프의 기울기를 통해 간단히 지수화가 가능하다(Nekola and White, 1999). 하지만 불연속적 공간의 군집 정보는 간단히 지수화하는 것이 어렵기 때문에 다양한 형태의 베타다양성 지수 개발 연구가 수행되었다. Whittaker (1960)가 최초로 제시한 불연속 자료의 베타다양성 지수 계산법은 감마다양성 값을 알파다양성의 평균값으로 나누는 것이었다($\beta = \gamma/a$). 이후 다양한 베타다양성 지수가 제시되었지만, 현재까지도 감마다양성 값에서 알파다양성 값을 빼거나 나누는 원리를 바탕으로 한 전통적인 계산법이 사용되고 있다(Vellend, 2001; Koleff *et al.*, 2003; Anderson *et al.*, 2011). 전통적인 방법의 베타다양성 지수 계산법은 간단하지만, 정량적인 감마다양성과 알파다양성 값을 먼저 계산해야 하는 문제가 있다. 또한 밀도나 상대 풍부도 등의 정보를 수치화하는 데 어려움이 있다(Ellison, 2010). 이런 문제를 보완하기 위해 감마다양성이나 알파다양성 값에 의존하지 않는 베타다양성 계산 방법이 제시되었다. 지점-종 군집 테이블(site-by-species community table)의 총변이 값을 계산하는 방법이 이에 해당한다(Pélissier *et al.*, 2003; Legendre *et al.*, 2005; Anderson *et al.*, 2006). 군집의

지점-종 테이블을 이용한 베타다양성 분석법은 출현-비출현(presence-absence) 정보뿐 아니라 밀도나 생체량이 기초가 되는 정보를 대상으로도 정량적인 지수의 계산이 가능하다. 또한 각 지점이 전체 베타다양성에 미치는 영향(Local Contribution to Beta Diversity, LCBD)이나 각 종이 전체 베타다양성에 미치는 영향(Species Contributions to Beta Diversity, SCBD)의 계산도 가능하다(Legendre and Cáceres, 2013). 이런 새로운 베타다양성 계산법은 연속적인 하천의 어류 군집에 적용되어 분석 방법의 적절성을 입증하였다(Legendre and Cáceres, 2013).

우리나라 하천 복원은 1995년 국내 최초로 양재천에 자연형 하천 공법을 적용하였으며, 이후 2000년 전주천 자연형 하천 복원, 2001년 안양천 살리기사업과 2005년 청계천 복원 등이 수행되었다. 위 사업들은 주로 수질오염과 직강화 등으로 훼손된 도심하천을 자연형 하천으로 복원하는 것을 목적으로 하였다. 이러한 하천복원에 따른 수질 개선 및 서식처 회복은 수생태계 내 서식하는 생물의 종 다양성 및 개체수를 증가시켰다는 것이 보고되었다(Park *et al.*, 2009). 이 중 청계천의 경우 복원된 하천의 어류 군집을 대상으로 한 조사가 수행되었다(Choi *et al.*, 2008). 두 해에 걸쳐(2005년, 2006년) 수행된 연구 결과는 하천복원공사에 의해 조성된 다양한 서식처에 의해 지속적 변동을 보이던 청계천의 어류 군집이 안정화된 것을 보여주었다.

복원 후 10년이 지난 청계천 수생태계 내 어류 군집 유형의 분석은 하천복원에 따른 어류의 서식처 적응 및 안정화를 평가하는 중요한 자료가 될 것이다. 청계천 복원을 통해 형성된 서식처가 어류 군집 전반에 미치는 영향을 알아보기 위해, 청계천 어류 군집을 대상으로 베타다양성(지점-종 테이블을 이용한 분석)을 계산하고, 각 구간의 어류 군집이 전체 다양성에 기여하는 정도를 서식처 및 환경영향과 관계하여 설명하고자 한다(Legendre and Cáceres, 2013).

재료 및 방법

1. 조사지점 및 시기

청계천은 유로길이 13.7 km, 유역면적 50.96 km²인 지방 1급 하천으로 2005년 10월 복원되었다(Seoul, 2007). 청계천 복원 공사는 2003년부터 2005년 사이 서울특별시 중구 광교에서 성동구 신답철교에 이르는 5.8 km 구간에서 이루어졌다. 복원 10년 후 청계천 수생태계 내 어류 군집을 분석하기 위하여 청계광장에서 중랑천 합류부까지 총 6개 지점(St.1: 서울특별시 종로구 서린동 청계천 모전교(청계광



Fig. 1. Map of the sampling sites. The study sites are indicated as circles with site numbers.

장), St.2: 서울특별시 종로구 장사동 청계천 관수교, St.3: 서울특별시 중구 방산동 청계천 마전교, St.4: 서울특별시 성동구 상왕십리동 청계천 황학교, St.5: 서울특별시 동대문구 용두동 청계천 고산자교, St.6: 서울특별시 성동구 용답동 청계천 중랑천 합류지)을 선정하여, 2014년부터 2015년까지 연 3회(4월, 7월, 10월)씩 총 6회 조사하였다(Fig. 1)

2. 환경 요인 측정 및 어류 채집

청계천에 위치한 6개 지점에서 서식처 및 이화학적 환경요인 측정과 어류 채집을 함께 수행하였다. 이화학적 요인으로 수온, 용존산소, 전기전도도, pH를 측정하였으며(YSI-556MPS, YSI Inc., USA), 서식처 요인으로는 하폭, 수폭, 수심, 유속, 하상 크기를 측정하였다. 하천 내 각 지점의 하폭과 수폭은 거리계를 이용해 측정하였으며, 유속의 경우는 유속계(Flowwatch, JDC)를 이용해 측정하였다. 하상의 크기는 전통적인 하상 분류법(Minshall, 1984)을 통해 6단계로 측정하였고, 단계별 비율을 바탕으로 평균 사이클을 계산하였다(Quinn and Hickey, 1990).

각 지점을 중심으로 50~100 m 거리의 수계 구간에서 어류 군집을 채집하였으며, 채집 장비로 투망(밑면 둘레 14 m, 망목내경 16 mm)과 족대(밑면 1 m, 높이 0.9 m, 망목내경 10 mm)를 이용하였다. 지점 간 채집되는 어류 군집의 정량성을 확보하기 위해 투망을 이용한 채집은 10회, 족대를 이용한 채집은 2인 30분으로 고정하였다. 채집된 어류

는 현장에서 즉시 종 수준으로 동정하여 종별 개체수를 계수하고, 생체량은 전자저울(MW-II, CAS)을 이용하여 습중량을 0.1 g 단위까지 측정된 후 방류하였다. 현장에서 정확한 동정이 어려운 일부 종의 경우는 10% 포르말린 용액에 고정하여 실험실로 운반 후 분류 및 동정을 수행하였다. 종의 동정 및 학명 사용은 Kim and Park (2002)을 참고하였으며, 분류체계는 Nelson (2006)을 따랐다.

3. 베타다양성 지수의 계산 및 통계분석

청계천의 여러 지점에서 출현한 어류 군집 전체의 베타다양성 값과 각 지점이 전체 베타다양성에 미치는 영향(LCBD)을 계산하기 위해, 지점-종 군집 테이블(site-by-species community table)의 변이 값을 이용하였다(Legendre and Cáceres, 2013). 본 분석은 행(row)을 따라 조사 지점 정보가 있고 열(column)에 종 정보가 입력된 군집 자료 매트릭스(Y)를 바탕으로 수행한다. 이때 매트릭스(Y)는 총 n 개의 행(지점 수)과 p 개의 열(출현 종 수)로 구성되어 있으며, i 는 지점에 대한 값(i 번째 지점)을 의미하고 j 는 종에 대한 값(j 번째 종)을 나타낸다. 해당 지점 i 에 출현한 j 종이 나타내는 변이 값(s_{ij})은 i 지점의 j 종의 출현 여부(y_{ij})에서 j 종의 평균 출현 정도인(\bar{y}_j)를 뺀 값의 제곱으로 나타낸다.

$$s_{ij} = (y_{ij} - \bar{y}_j)^2 \quad (1)$$

Table 1. Characteristics of environmental variables and community indices in sampling sites (average ± (standard deviation)). F values, significance (sig.) and difference among sites (superscript alphabet) were presented by ANOVA test and hoc analysis (Tukey HSD).

Sampling sites	Water temperature (°C)	DO (mg L ⁻¹)	Conductivity (µs cm ⁻¹)	pH	Stream width (m)	Water width (m)	Water depth (m)	Velocity (ms ⁻¹)	Substrate size (mm)	Diversity (H')	Dominance
F (sig.)	0.17	2.92 (*)	6.95 (***)	2.27	46.06 (***)	47.58 (***)	2.00	3.12 (*)	115.70 (***)	2.72 (*)	2.17
St.1	19.5 (±4.1)	8.5 (±1.0) ^{ab}	190.5 (±38.2) ^a	7.6 (±0.5)	21.1 (±1.9) ^a	6.5 (±0.4) ^{ab}	0.4 (±0.2)	1.0 (±0.5) ^a	293.0 (±0.0) ^a	1.58 (±0.34) ^{ab}	84.1 (±8.1)
St.2	20.1 (±4.2)	8.4 (±1.0) ^{ab}	205.0 (±29.9) ^{ab}	7.9 (±0.4)	20.7 (±3.3) ^a	4.0 (±1.4) ^a	0.9 (±0.4)	0.7 (±0.5) ^{ab}	71.9 (±10.7) ^{bc}	1.67 (±0.26) ^{ab}	80.9 (±9.3)
St.3	20.6 (±4.7)	9.2 (±1.0) ^{ab}	199.8 (±25.9) ^{ab}	8.2 (±0.4)	24.3 (±4.7) ^a	5.0 (±1.4) ^a	0.7 (±0.1)	0.4 (±0.2) ^{ab}	81.7 (±23.9) ^b	1.99 (±0.47) ^a	71.0 (±11.7)
St.4	20.7 (±4.7)	9.5 (±1.5) ^{ab}	209.8 (±26.1) ^{ab}	8.0 (±0.3)	52.2 (±10.7) ^a	10.3 (±5.2) ^{ab}	0.8 (±0.2)	0.4 (±0.4) ^{ab}	100.0 (±14.4) ^b	1.86 (±0.35) ^{ab}	77.3 (±8.2)
St.5	20.0 (±4.4)	8.3 (±1.5) ^{ab}	244.3 (±23.1) ^{bc}	7.9 (±0.3)	97.0 (±18.6) ^b	20.5 (±2.8) ^b	0.8 (±0.1)	0.2 (±0.2) ^b	73.3 (±29.3) ^{bc}	1.90 (±0.35) ^{ab}	76.4 (±6.4)
St.6	21.8 (±5.2)	7.1 (±1.1) ^b	267.8 (±20.2) ^c	7.5 (±0.7)	178.8 (±45.5) ^c	62.8 (±16.9) ^c	0.6 (±0.2)	0.5 (±0.2) ^{ab}	37.6 (±3.5) ^c	1.18 (±0.71) ^b	87.3 (±13.1)

*P<0.05, **P<0.01, ***P<0.001

그리고 n 개의 지점에서 출현한 전체 종수(p)를 대상으로 변이 값의 합(SS_{total})을 구한다.

$$SS_{Total} = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^p S_{ij} \quad (2)$$

이렇게 구해진 SS_{total} 값을 자료의 자유도 값($n-1$)으로 나눈 값을 해당 군집 매트릭스(Y)의 변이 값($Var(Y)$), 또는 조사 구역의 전체 군집이 지점 간 가지는 베타다양성 값(BD_{total})으로 정의한다(Legendre *et al.*, 2005).

$$BD_{Total} = Var(Y) = SS_{Total}/(n-1) \quad (3)$$

앞선 수식(1)~(3)에서 제시한 제곱 합(sum of square) 방법은 기본적으로 유클리디언 거리(Euclidean distance)에 의거한 비유사성(dissimilarity) 분석이기 때문에 출현-비출현 정보가 아닌 개체수나 생체량을 기초로 한 자료에는 적절하지 않다. 정규성을 보이지 않는 생체량이나 밀도 단위 군집 자료는 변환 방법을 통해 정규성을 확보한 후 위의 방법을 적용하여 베타다양성을 계산한다. Legendre와 Cáceres(2013)에 따르면, 비유사성 변수 변환 방법 16가지를 각각 방법이 가지는 특징 14개를 바탕으로 분류한 결과 헤링거 거리(Hellinger distance)와 코드 거리(Chord distance)를 이용한 변환이 기존 자료의 특징을 가장 잘 반영하는 것으로 나타났다.

각 지점의 군집이 전체 베타다양성에 미치는 영향(LCBD) 값은 군집 매트릭스(Y)에서 해당 지점 i 에서 출현한 전체 종의 변이 값의 합으로 나타내었다. LCBD 값은 전체 군집에서 해당 지점이 가지는 종 조성의 특이성(degree of uniqueness)을 보여주는 지표로 사용이 가능하다(Legendre and Cáceres, 2013).

$$SS_i = \sum_{j=1}^p S_{ij} \quad (4-a)$$

$$LCBD_i = SS_i/SS_{Total} \quad (4-b)$$

본 연구에서는 어류 군집 자료를 출현-비출현 수준, 개체 수 수준, 개체수의 헤링거 변환 값 수준에서 각각 베타다양성과 LCBD 값을 계산하였다.

측정된 환경변수와 군집지수의 지점 간 차이를 비교하기 위해 ANOVA와 Tukey's HSD test가 사용되었다. 또한 계산된 LCBD 값과 군집지수 및 환경변수와의 관계를 보기 위해 피어슨 상관분석(Pearson correlation)이 적용되었다.

결과 및 고찰

1. 조사 지점 현황

청계천의 각 지점에서 6회에 걸쳐 측정된 이화학적 환

Table 2. The list and individual number of fishes collected in each sampling site from 2014 to 2015.

Scientific name	Korean name	Sampling sites						Total		Relative abundance (%)	
		St.1	St.2	St.3	St.4	St.5	St.6	Number of individuals	Weight (g)	Number of individuals	Weight (g)
Cyprinidae	잉어과										
<i>Cyprinus carpio</i>	잉어		6	12	10	11	23	62	58159.4	0.90	40.23
<i>Carassius auratus</i>	붕어	12	2	30	31	84	108	267	31923.7	3.88	22.08
<i>Acheilognathus lanceolatus</i>	납자루	1		1				2	20.1	0.03	0.01
<i>Acheilognathus yamatsutae</i> *	줄납자루	1						1	7.0	0.01	0.00
<i>Acheilognathus rhombeus</i>	납지리	2						2	20.9	0.03	0.01
<i>Pseudorasbora parva</i>	참붕어	26	5	10	25	37	132	235	778.5	3.42	0.54
<i>Pungtungia herzi</i>	돌고기	26	273	179	176	91	1	746	4900.7	10.84	3.39
<i>Sarcocheilichthys nigripinnis morii</i> *	중고기	1						1	8.7	0.01	0.01
<i>Gnathopogon strigatus</i>	줄물개	1	4	9	12	28	12	66	190.2	0.96	0.13
<i>Squalidus japonicus coreanus</i> *	물개			3			5	8	8.1	0.12	0.01
<i>Hemibarbus labeo</i>	누치						4	4	1874.7	0.06	1.30
<i>Hemibarbus longirostris</i>	참마자	2		12	1	4		19	259.3	0.28	0.18
<i>Pseudogobio esocinus</i>	모래무지		10	24	136	32	4	206	1789.2	2.99	1.24
<i>Abbottina rivularis</i>	버들매치	3			12	2	1	18	72.7	0.26	0.05
<i>Rhynchocypris oxycephalus</i>	버들치	304	199	17	54	38	4	616	2662.9	8.95	1.84
<i>Zacco koreanus</i> *	참갈겨니	123	259	168	5	5		560	6528.8	8.14	4.52
<i>Zacco platypus</i>	피라미	904	718	616	601	505	638	3,982	30549.6	57.87	21.13
<i>Hemiculter eigenmanni</i> *	치리		1		1			2	7.7	0.03	0.01
Cobitidae	미꾸리과										
<i>Misgurnus anguillicaudatus</i>	미꾸리	2	1					3	38.9	0.04	0.03
Siluridae	메기과										
<i>Silurus asotus</i>	메기		2	1	1			4	2193.1	0.06	1.52
Adrianichthyidae	송사리과										
<i>Oryzias sinensis</i>	대륙송사리						1	1	0.4	0.01	0.00
Odontobutidae	동사리과										
<i>Odontobutis interrupta</i> *	얼룩동사리		2					2	31.9	0.03	0.02
Gobiidae	망둑어과										
<i>Rhinogobius giurinus</i>	갈문망둑			2	1			3	5.4	0.04	0.00
<i>Rhinogobius brunneus</i>	밀어	11	6	1	3	21	13	55	82.7	0.80	0.06
<i>Tridentiger brevispinis</i>	민물검정망둑	9	1			1	4	15	98.2	0.22	0.07
Channidae	가물치과										
<i>Channa argus</i>	가물치					1		1	2358.0	0.01	1.63
Number of species		16	15	15	15	14	14	26	144,570.9	100.00	100.00
Number of individuals		1,429	1,491	1,088	1,073	865	956	6,881			

*Endemic species.

경 변수 값은 전반적으로 지점 간에 큰 차이를 보이지 않았으며, ANOVA를 이용한 통계 분석 결과에 따르면 용존산소량 (DO)과 전기전도도만이 지점별로 유의한 차이를 보였다 (Table 1). 수온은 하천이 발원하는 St.1에서 평균 19.5°C로 가장 낮았으며, 중랑천과 만나는 하류부인 St.6 지점에서 평균 21.8°C로 가장 높게 나타났으나 통계적 유의성은 없었다. 용존 산소량은 St. 6에서 7.1 mg L⁻¹로 통계적으로 유의하게 낮은 값을 보였다. 통계적으로 유의한 차이를 보인 전기전도도는, St.1~4에서 200 $\mu\text{s cm}^{-1}$ 내외로 나타났고 St.5와 St.6에서 240 $\mu\text{s cm}^{-1}$

이상의 값을 보였다. pH는 지점 간 차이가 거의 없었다.

서식처 요인의 경우 수심을 제외한 모든 항목에서 통계적으로 유의한 차이를 보여주었다 (Table 1). 높은 통계적 유의성을 보인 유히와 하쪽의 경우, 상류인 St.2에서 하류인 St.6으로 이어지는 동안 점점 증가하는 경향을 보여주었다. 유히는 St.1, St.2, St.3에서 평균 5 m 내외로 좁게 나타났으나, St.4, St.5, St.6에서 각각 평균 10.3 m, 20.5 m, 62.8 m로 점점 증가하는 경향을 보여주었다. 하쪽 역시 유사한 경향을 보였는데, 상류지점 (St.1, St.2, St.3)에 비해 하류 지점인 St.5, St.6에서는 각각 약 5배, 9배 넓은 하쪽 값

을 보여주었다. 통계적으로 유의한 차이를 보인 하상 구성의 평균 크기는 St.1과 St.6에서 각각 가장 높은 값과 낮은 값을 보여주었고, 나머지 지점에서는 70~100 mm의 평균 크기를 보여주었다. 하천 제방과 바닥이 인공적으로 설치된 대형 석재들로 구성된 St.1 구간 외 지점은 상대적으로 자연적인 형태의 하상 구조를 보여주었다. 유속은 상류 St.1 지점에서 St.5까지 점점 느려지는 양상을 보이다, 최하류 중랑천 합류지점에서 0.5 ms^{-1} 로 높은 값을 보여주었다. 수심의 차이는 통계적인 유의성을 보이지는 않았다. 군집 지수는 종 다양성만 통계적으로 유의한 차이를 보였는데, St.6에서 가장 낮은 다양도와 가장 높은 우점도가 계산되었다.

전반적으로 변이가 적은 이화학적 요인에 비해 상대적으로 큰 변이를 보인 하폭, 유폭, 하상 크기, 유속 등의 서식처 요인은 자연 하천의 상-하류 변화 양상과 유사하게 나타났다. 하지만 자연 하천에 비해 하상구조 및 수변 환경의 다양성이 낮고, 인위적 교란이 심하기 때문에 출현 종 수 및 생물 다양성 값 등이 건강한 자연 하천보다는 낮게 나타났다(Choi et al., 2008).

2. 어류상

조사 기간 동안 6개 지점에서 총 6,881개체(144,570.0g)의 어류가 채집되었고, 이는 총 7과 26종으로 동정되었다(Table 2). 출현 어류의 98.8%가 잉어과(Cyprinidae)에 속하는 개체들로 청계천 어류상에서 가장 우점하였으며, 다음으로 망둥어과(Gobiidae)가 1.1%, 개체가 각 1마리씩 채집된 송사리과(Adrianichthyidae)와 가물치과(Channidae) 순으로 출현하였다. 청계천 6지점 모두에서 가장 높은 출현 개체수를 보인 종은 피라미(*Zacco platypus*)로, 총 3,982개체가 채집되어 전체 출현 개체수의 57.9%를 차지하였다. 피라미 다음으로 돌고기(*Pungtungia herzi*, 10.8%)와 버들치(*Rhynchocypris oxycephalus*, 9.0%)가 높은 개체수를 보였다. 생체량 측면에서 가장 우점한 종은 40.2%를 차지한 잉어(*Cyprinus carpio*)로 나타났고, 아우점한 종은 붕어(*Carassius auratus*) (22.1%), 피라미(21.1%) 순이었다. 상대적으로 하상의 크기가 작고 유속이 느린 중-하류 하천의 특징을 보이는 St.5, St.6에서는 붕어와 참붕어(*Pseudorasbora parva*)가 우점하였다(Table 2). 한국 고유종은 줄납자루(*Acheilognathus yamatsutae*), 중고기(*Sarcocheilichthys nigripinnis morii*), 물개(*Squalidus japonicus coreanus*), 참갈겨니(*Zacco koreanus*), 치리(*Hemiculter eigenmanni*)와 얼룩동사리(*Odontobutis interrupta*) 총 6종이 발견되었다.

조사 지점별 종수는 St.1에서 16종으로 가장 많은 종이

출현하였고, St.2, St.3, St.4는 15종, St.5와 St.6은 14종으로 큰 차이를 보이지 않았다. 모든 지점에서 피라미가 가장 우점하는 결과를 보여주었고, St.6을 제외한 지점에서는 버들치, 돌고기, 참갈겨니 등이 상대적으로 높은 우점도를 보여주었다. St.6은 참붕어와 붕어의 우점도가 높게 나타났는데, 상대적으로 중류 하천에 가까운 서식처 조건에 의한 결과로 판단된다(Table 2).

3. 어류 군집의 베타다양성 분석

청계천 지류 6지점에서 채집된 어류 군집 자료를 통해 해당 수계의 베타다양성과 각 지점이 베타다양성에 미치는 영향인 LCBD를 측정하였다. 베타다양성은 지점-종 군집 테이블(매트릭스(Y))의 형태의 자료를 통해 계산되었다(Table 3). 출현-비출현 자료(occurrence)를 통해 계산된 청계천 어류 군집의 베타다양성 값은 0.097로 나타났고, 풍부도 정보(abundance difference)와 풍부도 값을 헤링거 거리 방법을 통해 변환(Hellinger transformation)한 정보를 바탕으로 한 결과는 각각 0.012와 0.143 베타다양성 값을 보였다. 결과 값의 경향을 파악하기 위해 같은 형태로 베타다양성 분석을 시도한 다른 어류 연구(Verneaux 1973; Legendre and Cáceres, 2013)의 결과와 비교하였다. 총 453 km의 Doubs 강(Doubs river)을 따라 30개 지점을 대상으로 조사한 군집 자료(총 27종 출현)를 바탕으로 출현-비출현, 풍부도, 헤링거 변환 자료의 베타다양성 값을 측정하였는데, 각각 0.120, 0.114, 0.503으로 나타났다. 전반적으로 Doubs 강이 청계천보다 베타다양성이 높은 것으로 나타났는데, 이는 Doubs 강에 서식하는 어류 군집의 공간적 변이가 청계천보다 크다는 것을 의미한다. Doubs 강은 길이가 길고 서식처가 다양할 뿐 아니라, 여러 지점에서 보편적으로 출현한 종보다 일부 지점에만 국지적으로 출현한 종이 많았는데, 이런 특징이 청계천보다 높은 베타다양성 값이 산정되는 데 영향을 준 것으로 판단된다.

청계천의 어류 군집의 경우 조사 지점 수가 적었고 여러 지점에서 동시에 출현한 종이 많았으며(세 지점 이상에서 출현한 종의 비율이 전체의 54.8%), 한 두 지점에만 특이적으로 출현한 종의 비율이 낮아 자료별 베타다양성 값이

Table 3. Total dispersion (SS_{total}) and estimated beta diversity (BD_{total}) of fish communities in Cheonggye stream.

Matrix(Y) data form	SS _{total}	BD _{total}
Occurrence	0.483	0.097
Abundance difference	0.058	0.012
Hellinger transformation	0.715	0.143

모두 상대적으로 낮게 계산되었다. 또한 일부 종들이 모든 지점에서 유사하게 높은 우점도를 보였고, 이런 요인으로 인해 풍부도를 이용한 베타다양성의 값이 0.012로 매우 낮게 나타났다. 또한 Doubs 강 연구는 풍부도를 5단계로 카테고리화시켜 나타냈기 때문에 출현-비출현 자료와 풍부도 자료가 유사한 베타다양성 값을 보여주었다. 이는 개체수나 생체량을 이용한 군집자료의 분석이 가지는 비정규성의 영향으로 확인된다(Legendre and Cáceres, 2013). 출현-비출현 자료의 경우 Doubs 강과 청계천이 유사한 수준의 베타다양성 값을 보였지만, 헤링거 변환 후 계산한 베타다양성 값의 경우는 Doubs 강이 3배 이상 높게 나타났다. 이 역시 제곱근 기반의 Hellinger 변환 방법이 우점하는 일부 종의 영향을 모두 상쇄하기에는 부족하기 때문으로 보여진다. 이는 자료의 성질에 따라 로그 기반 변환 등 다양한 변환을 통한 접근이 필요함을 보여준다(Legendre, 2014).

각 지점의 베타다양성 기여도(LCBD) 값 역시 세 가지 자료 형태에 따라 다르게 측정되었다(Fig. 2). 출현-비출현 자료를 이용한 LCBD(occurrence) 값은 St.6에서 0.233으로 가장 높은 값을 보였고, St.1에서 0.227로 두 번째로 높은 값을 보였다. St.2, 3, 5에서는 0.15 이하의 낮은 값을 보였다(Fig. 2a). 출현-비출현 자료 분석 결과에서 LCBD(occurrence) 값이 높은 지점은 해당 지점에만 출현한 종, 또는 해당 지점에만 출현하지 않은 종의 비율이 높음을 의미한다.

개체군의 수를 기초로 한 자료에서 계산된 LCBD(abundance)는 St.2와 St.5에서 각각 0.327, 0.294로 높게 나타났다. 이와 반대로 St.3과 St.4에서는 0.01 내외의 매우 낮은 값을 보여주었다(Fig. 2b). 풍부도를 기초로 한 자료는 개체수를 바탕으로 변이 값이 계산되기 때문에, 출현 개체수가 많은 우점종의 영향이 개체수가 적은 희귀종에 비해 크게 나타난다. 따라서 풍부도를 기반으로 한 베타다양성 분석에서는 희귀종이 출현한 지점이라도 해당 종의 개체수가 낮으면 기여도(LCBD(abundance))가 낮게 나타난다. 이 역시 앞서 언급한 데이터의 비정규성에 의한 영향의 한 종류이다(Legendre, 2014). 또한 계산 과정의 특성상 채집된 종의 개체수가 군집 전체의 평균 개체수에 가까울수록 LCBD(abundance) 값이 낮게 측정되는 경향을 보였다. 이런 결과는 높은 우점도를 보이는 군집 자료를 대상으로 베타다양성 분석 시, 풍부도 자료를 기초 정보로 사용하는 것은 많은 정보가 치우치는 것을 나타낸다. 우점도가 높은 군집 자료를 대상으로 풍부도 기반 베타다양성을 분석할 때는, 정보가 치우치는 것을 최소화하기 위한 데이터 변환이나 카테고리화를 선행하여 우점도 영향을 상쇄하는 과정이 필요함을 보여준다(Legendre and Cáceres, 2013).

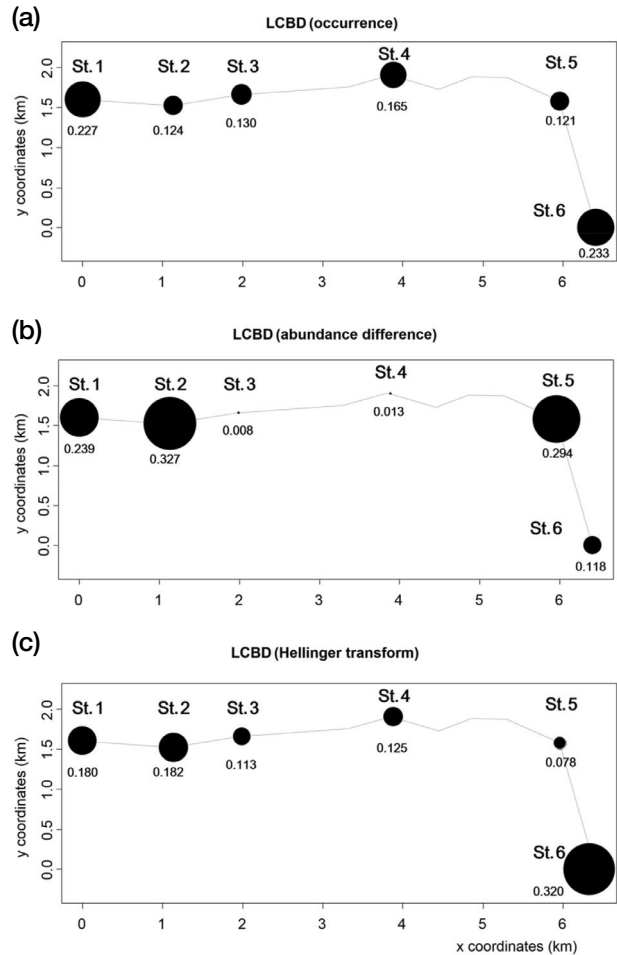


Fig. 2. LCBD values at each sampling site. LCBD values estimated using (a) occurrence, (b) abundance, (c) Hellinger transformed data by matrix (Y).

헤링거 거리 변환을 통해 계산된 LCBD(Helli.)의 값은 St.6에서 0.320으로 가장 높은 값을 보여주었다(Fig. 2c). 그리고 St.1과 St.2에서 각각 0.180, 0.182로 상대적으로 높은 값이 나타났다. 각 지점 단위에서 각 개체수의 제곱근 값을 바탕으로 상대풍부도를 구하는 헤링거 변환 결과는 풍부도 정보만 사용해 측정된 LCBD(abundance) 결과(Fig. 2b)보다 출현-비출현 정보를 이용해 계산된 LCBD(occurrence) 결과(Fig. 2a)와 조금 더 유사한 경향을 보여주었다.

전체적으로 세 가지 군집 자료 모두 St.1에서 상대적으로 높은 베타다양성 기여도(LCBD) 값이 계산되었다. 이는 St.1에서 희귀종의 출현 빈도가 높고 일반종의 출현 빈도가 낮으며, 일부 우점종의 풍부도 역시 전체 구간의 평균과 차이가 크게 남을 의미한다. 줄납자루, 납지리(*Acheilognathus rhombeus*), 중고기와 같이 St.1에서만 출현한 종의 영향과 버들치와 피라미 등 전반적으로 많이 출

현하였지만 St.1에서 특히 높은 풍부도를 보인 종의 영향이 함께 작용한 것으로 보인다. 하류부인 St.6은 헤링거 거리 변환과 출현-비출현에 의한 LCBD 값이 높게 나타났다. 이는 누치 (*Hemibarbus labeo*)나 대륙송사리 (*Oryzias sinensis*)와 같이 St.6에만 출현한 종의 영향과, 참갈겨니나 돌고기 등 흔히 발견되지만 St.6에만 출현하지 않거나 극소수 출현한 종의 영향으로 보인다.

4. 베타다양성 기여도와 군집 및 환경지수와의 관계

조사 지점에서 측정된 환경요인, 군집지수와 LCBD가 가지는 관계 분석을 위해 피어슨 상관분석(Pearson correlations)을 실시하였다(Table 4). 출현-비출현 정보를 바탕으로 한 베타다양성 기여도(LCBD (occur.))는 군집의 우점도와 높은 양의 상관성을 보였고, 다양성과는 높은 음의 상관성을 보였다. 헤링거 변환 베타다양성 기여도(LCBD (Helli.)) 역시 다양성과 높은 음의 상관성을 보였고, 통계적 유의성은 없었지만 다른 LCBD 값과는 달리 환경요인인 DO, pH, 수폭 등과 높은 상관관계를 보였다. 이는 종 다양성이나 출현 종수가 LCBD와 음의 상관관계를 보인 선행 연구와 유사한 결과를 보여주었다(Legendre and Cáceres, 2013). 각 지점의 출현-비출현 LCBD (occur.)와 헤링거 변환 LCBD (Helli.) 결과가 알파다양성을 의미하는 다양성 지수와 음의 상관관계를 나타내는 이유는, LCBD 정보와 달리 다양성 지수는 개체수 정보를 바탕으로 계산되기 때문에 판단된다. LCBD와 군집지수 및 서식처 간의 관계를 면밀하게 규명하기 위해서는, 다양한 서식처를 포함한 상대적으로 긴 하천을 대상으로 한 추가적인 베타다양성 연구가 필요할 것이다. 또한 선행연구와 달리 LCBD가 특징적인 환경요인과 통계적으로 유의한 관계를 보이지 않았다. 이는 상대적으로 짧은 청계천의 길이에 의해 환경 및 서식처의 변화가 극단적이지 않았고, 이에 따라 서식하는 생물상의 구성 역시 급격한 변화를 보이지 않았기 때문으로 판단된다.

지점-종 군집 매트릭스를 바탕으로 한 베타다양성 분석은 상대적으로 넓은 공간 또는 긴 하천에 분포해 있는 어류 군집이 가지는 공간적 변이를 수치적으로 나타내는 방법이다. 주로 종 정보나, 변환된 개체수 정보를 대상으로 적용하여 전체의 베타다양성뿐만 아니라 각 지점의 군집이 베타다양성에 기여하는 정도(LCBD)나 각 종별 베타다양성 기여도(SCBD)도 수치적 제시가 가능하다. 또한 긴 하천 단위에서 베타다양성을 측정하는 것 외에, 인접한 여러 지류 간의 베타다양성을 비교하여 생물상의 변이가 큰 하천을 특정지을 수 있다. 무엇보다 지점-종 군집 매트릭

Table 4. Pearson correlations among environmental variables, biological indices and LCBDs. Significant correlations were presented with asterisk.

Number	LCDB (abund.)	LCDB (Helli.)	Diversity (H')	Dominance	Water temperature	DO	Conductivity	pH	Stream width	Water width	Water depth	Velocity	Substrate size
LCDB (occur.)	-0.16	0.74	-0.92**	0.94**	0.32	-0.48	0.22	-0.8	0.42	0.56	-0.52	0.56	0.45
LCDB (abund.)		-0.01	0.04	-0.22	-0.58	-0.42	0.05	-0.41	-0.08	-0.11	-0.53	0.28	0.19
LCDB (Helli.)			-0.82*	0.55	0.62	-0.78	0.47	-0.77	0.6	0.75	-0.4	0.37	-0.1
Diversity (H')				-0.89*	-0.27	0.56	-0.11	0.77	-0.3	-0.48	0.35	-0.7	-0.43
Dominance					0.16	-0.33	0.05	-0.65	0.26	0.39	-0.3	0.58	0.6
Water temperature						-0.42	0.67	-0.16	0.74	0.79	0.13	-0.4	-0.66
DO							-0.75	0.82*	-0.77	-0.82*	0.46	-0.09	0.23
Conductivity								-0.46	0.97**	0.91*	-0.28	-0.53	-0.62
pH									-0.56	-0.65	0.79	-0.49	-0.28
Stream width										0.97**	-0.32	-0.4	-0.5
Water width											-0.31	-0.23	-0.43
Water depth												-0.38	-0.31
Velocity													0.79

*P<0.05, **P<0.01

스를 통한 접근은 거대한 전체 수계의 감마다양성 측정 없이 베타다양성을 산정한다는 장점이 있다.

본 연구에서 제시하는 분석 방법은 흔하게 나타나는 일반종의 경우 해당 종이 출현하지 않은 지점이 높은 베타다양성 기여도를 가지는 문제, 다양한 변환법 적용의 필요, 베타다양성 기여도(LCBD)와 알파다양성의 관계 등 검토가 필요한 문제가 남아있다(Legendre and Cáceres, 2013; Legendre, 2014). 그럼에도 불구하고 본 분석법은 지점-종 군집 형태로 작성이 가능한 모든 분류군에 적용이 가능하고, 나아가 생태적 정보 외에 매트릭스 형태를 가지는 자료(유전자 좌위 등) 역시 적용 가능하다는 장점이 있다. 또한 하천 외에 다양한 형태의 불연속적 공간의 변화에 따른 군집 영향 역시 쉽게 정량화 가능하다는 장점이 있다(Legendre and Cáceres, 2013).

적 요

청계천에 서식하는 어류 군집의 공간적 변이와 환경과의 관계를 측정하기 위해, 청계천 내 6개 지점을 대상으로 2년간(2014~2015년) 이화학적 요인, 서식처 환경, 어류 군집을 조사하였다. 어류 군집의 공간적 변이는 지점-종 군집 데이터 매트릭스를 기반으로 한 베타다양성 분석을 통해 정량적으로 제시하였다. 또한 청계천 내 전체 군집 변이 값(베타다양성)과 함께 각각의 지점이 청계천 전체 베타다양도에 기여하는 값(LCBD, Local Contribution to Beta Diversity)도 계산하였다. 데이터 분석의 기반이 되는 지점-종 군집 데이터 테이블은 출현-비출현, 풍부도, 헤링거 변환 값의 세 가지 형태로 적용하였고, 해당 데이터 형태에 따른 베타다양성과 지점별 변이 영향을 각각 계산하여 비교하였다. 헤링거 변환을 통해 계산된 베타다양성 값은 출현-비출현 정보나 풍부도를 바탕으로 한 분석보다 큰 값을 보여주어 공간적 변이를 가장 잘 보여주는 것으로 나타났다. 각 지점별 군집 변이 기여도(LCBD)는 출현-비출현 정보와 헤링거 변환을 통한 분석이 유사한 경향을 보여주었다. 자료의 정규성을 가지기 어려운 어류 군집 자료의 경우 풍부도를 이용한 공간 변이 분석은 적절하지 않은 것으로 판단된다. 추가적으로 다양한 환경 요인 및 군집 지수와 베타다양성 기여도 값의 관계를 상관분석을 통해 나타내었다. 해당 지점의 알파다양성 지수와 베타다양성 기여도가 높은 음의 상관관계를 보였고 이는 선행 연구와 유사한 결과이다. 본 연구에 적용한 방법은 매트릭스 형태의 자료를 대상으로 베타다양성 계산과 지점별 군집 변이 기여도를 수치화하는 데 유용한 것으로 나타났다.

저자 기여도 개념설정: D.H. Kim, W.O. Lee & M.Y. Song, 방법론: D.H. Kim & M.Y. Song, 분석: D.H. Kim & Y.K. Hong, 자료제공: W.O. Lee, H.J. Jeon & K.H. Kim, 자료관리: Y.K. Hong & M.Y. Song, 원고 초안작성: D.H. Kim & M.Y. Song, 원고 교정: W.O. Lee, Y.K. Hong, H.J. Jeon, H. Kang & K.H. Kim, 원고 편집: H. Kang, D.H. Kim & M.Y. Song, 과제관리: H.J. Jeon & M.Y. Song, 연구비 수주: H.J. Jeon

이해관계 The authors declare no conflict of interest. The sponsors had no role in the design, execution, interpretation, or writing of the study.

연구비 본 연구는 국립수산과학원 수산과학연구소(R2019028), 국립환경과학원(NIER-SP2017-359)과 국립생태원 제2차 국가장기생태연구(NIE-전략연구-2019-02)에 의해 수행되었습니다.

REFERENCES

- Anderson, M.J., K.E. Ellingsen and B.H. McArdle. 2006. Multivariate dispersion as a measure of beta diversity. *Ecology Letters* **9**(6): 683-693.
- Anderson, M.J., T.O. Crist, J.M. Chase, M. Vellend, B.D. Inouye, A.L. Freestone and S.P. Harrison. 2011. Navigating the multiple meanings of β diversity: a roadmap for the practicing ecologist. *Ecology Letters* **14**(1): 19-28.
- Choi, J.K., H.K. Byeon, Y.S. Kwon and Y.S. Park. 2008. Spatial and temporal changes of fish community in the Cheonggye stream after the rehabilitation Project. *Korean Journal of Ecology and Environment* **41**: 374-381.
- Clarke, K.R., P.J. Somerfield and M.G. Chapman. 2006. On resemblance measures for ecological studies, including taxonomic dissimilarities and a zero-adjusted Bray-Curtis coefficient for denuded assemblages. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology* **330**(1): 55-80.
- Ellison, A.M. 2010. Partitioning diversity 1. *Ecology* **91**(7): 1962-1963.
- Graham, C.H. and P.V. Fine. 2008. Phylogenetic beta diversity: linking ecological and evolutionary processes across space in time. *Ecology Letters* **11**(12): 1265-1277.
- Izsak, C. and A.R.G. Price. 2001. Measuring β -diversity using a taxonomic similarity index, and its relation to spatial scale. *Marine Ecology Progress Series* **215**: 69-77.
- Kim, I.S. and J.Y. Park. 2002. Freshwater fishes of Korea. Kyohaksa Publishing Co. Ltd., Seoul: 1-467.
- Koleff, P., K.J. Gaston and J.J. Lennon. 2003. Measuring beta diversity for presence-absence data. *Journal of Animal Ecology* **72**(3): 367-382.

- Lamy, T., P. Legendre, Y. Chancerelle, G. Siu and J. Claudet. 2015. Understanding the spatio-temporal response of coral reef fish communities to natural disturbances: insights from beta-diversity decomposition. *PLoS One* **10**(9): e0138696.
- Legendre, P. 2014. Interpreting the replacement and richness difference components of beta diversity. *Global Ecology and Biogeography* **23**(11): 1324-1334.
- Legendre, P. and M. De Cáceres. 2013. Beta diversity as the variance of community data: dissimilarity coefficients and partitioning. *Ecology Letters* **16**(8): 951-963.
- Legendre, P., D. Borcard and P.R. Peres-Neto. 2005. Analyzing beta diversity: partitioning the spatial variation of community composition data. *Ecological Monographs* **75**(4): 435-450.
- Minshall, G.W. 1984. Aquatic insect-substratum relationships. In 'The Ecology of Aquatic Insects'. Praeger New York: 358-400.
- Nekola, J.C. and P.S. White. 1999. The distance decay of similarity in biogeography and ecology. *Journal of Biogeography* **26**(4): 867-878.
- Nelson, J.S. 2006. Fishes of the world 4th ed. John Wiley and Sons, New York, U.S.A.: 1-624.
- Park, J.Y., S.H. Kim, M.H. Ko, M.K. Oh and J.C. Shin. 2009. Change of ichthyofauna and fish community on natural stream restoration in Jeonju-chon stream, Jeollabuk-do, Korea. *Korean Journal of Environment and Ecology* **23**(5): 381-391.
- Pélissier, R., P. Couteron, S. Dray and D. Sabatier. 2003. Consistency between ordination techniques and diversity measurements: two strategies for species occurrence data. *Ecology* **84**(1): 242-251.
- Quinn, J.M. and C.W. Hickey. 1990. Characterisation and classification of benthic invertebrate communities in 88 New Zealand rivers in relation to environmental factors. *New Zealand Journal of Marine and Freshwater Research* **24**(3): 387-409.
- Seoul, 2007. 2006 Environment white paper: Environment of Seoul. Seoul: 1-598.
- Swenson, N.G., P. Anglada-Cordero and J.A. Barone. 2010. Deterministic tropical tree community turnover: evidence from patterns of functional beta diversity along an elevational gradient. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* **278**(1707): 877-884.
- Vellend, M. 2001. Do commonly used indices of β -diversity measure species turnover? *Journal of Vegetation Science* **12**(4): 545-552.
- Verneaux, J. 1973. Cours d'eau de Franche-Comté (massif du Jura): recherches écologiques sur le réseau hydrographique du Doubs: essai de biotypologie. Institut des Sciences Naturelles.
- Whittaker, R.H. 1960. Vegetation of the Siskiyou mountains, Oregon and California. *Ecological Monographs* **30**(3): 279-338.
- Whittaker, R.H. 1972. Evolution and measurement of species diversity. *Taxon* **21**: 213-251.
- Whittaker, R.J., K.J. Willis and R. Field. 2001. Scale and species richness: towards a general, hierarchical theory of species diversity. *Journal of Biogeography* **28**(4): 453-470.