

식생 베타 다양성의 공간화 기법 연구*

- Generalized Dissimilarity Model의 국내적용 및 활용 -

최유영¹⁾

¹⁾ 녹색기술센터 기술총괄부 연구원

Spatializing beta-diversity of vascular plants*

- Application of Generalized Dissimilarity Model in the Republic of Korea -

Choi, Yu-Young¹⁾

¹⁾ Division of Technical Supervision, Green Technology Center, Researcher.

ABSTRACT

For biodiversity conservation, the importance of beta-diversity which is changes in the composition of species according to environmental changes has become emphasized. However, given the systematic investigation of species distribution and the accumulation of large amounts of data in the Republic of Korea(ROK), research on the spatialization of beta-diversity using them is insufficient. Accordingly, this research investigated the applicability of the Generalized Dissimilarity Modeling(GDM) to ROK, which can predict and map the similarity of compositional turnover (beta-diversity) based on environmental variables. A brief overview of the statistical description on using GDM was presented, and a model was fitted using the flora distribution data(410,621points) from the National Ecosystem Survey and various environmental spatial data including climate, soil, topography, and land cover. Procedures and appropriated spatial units required to improve the explanatory power of the model were presented. As a result, it was found that geographical distance, temperature annual range, summer temperature, winter precipitation, and soil factors affect the dissimilarity of the vegetation community composition. In addition, as a result of predicting the similarity of vegetation composition across the nation, and classifying them into 20 and 100 zones, the similarity was high mainly in the central inland

* 본 논문은 과학기술정보통신부 재원으로 한국연구재단의 기초연구사업(NRF-2021R1C1C2012406)의 지원을 받아 수행되었습니다.

First author : Choi, Yu-Young, Division of Technical Supervision, Green Technology Center, Researcher,
Tel :+82-3393-4005, Email : ychoi@gtck.re.kr

Corresponding author : Choi, Yu-Young, Division of Technical Supervision, Green Technology Center, Researcher,
Tel : +82-3393-4005, Email : ychoi@gtck.re.kr

Received : 22 March, 2022. **Revised** : 12 May, 2022. **Accepted** : 29 April, 2022.

area, and tends to decrease toward the mountainous areas, southern coastal regions, and island including Jeju island, which means the composition of the vegetation community is unique and beta diversity is high. In addition, it was identified that the number of common species between zones decreased as the geographic distance between zones increased. It classified the spatial distribution of plant community composition in a quantitative and objective way, but additional research and verification are needed for practical application. It is expected that research on community-level biodiversity modeling in the ROK will be conducted more actively based on this study.

Key Words : *Vegetation community, Compositional turnover, Dissimilarity, Biodiversity spatialization, Classification*

I. 서 론

기후변화, 서식처 파괴, 외래종 침입 등으로 멸종위기에 직면하는 생물 종들이 늘어남에 따라 생물다양성 유지·관리의 중요성이 증대되고 있다(McVittie & Faccioli 2020; Choi et al. 2021). 생물다양성의 효율적인 보전관리를 위해서는 생물다양성의 분포 패턴과 영향 요인 및 다양한 환경변화에 따른 영향을 파악하는 것이 중요하다(McMahon et al. 2001; Fitzpatrick et al. 2008; Choi et al. 2017). 이와 관련하여 멸종 위기종의 분포변화와 국립공원 및 보호지역 등 제한된 공간의 종 풍부도·다양도를 측정하는 알파 다양성에 초점을 둔 연구와 관리방안들이 제시되었다(Guisan and Thuiller, 2005; Elith and Leathwick, 2009; Guisan et al., 2017; Ryu et al. 2018). 하지만 점차 알파 다양성뿐 아니라 환경적 변화에 따른 종 조성의 변화율, 즉 베타 다양성의 중요성이 강조되고 있다(Tuomisto 2010a, b; Anderson et al. 2011; Matthew et al. 2011).

베타 다양성은 지점 간 구성적 비유사성 (pairwise dissimilarity)을 정량화하는 방식으로 측정할 수 있는데, 지점 간 비유사성은 각 지점의 환경적, 지리적 특성 차이와 연관성이 깊어, 기후 및 토지이용 변화가 생물다양성에 미치는 영향이나 관리 개입 효과 등을 정량적·과학적으

로 파악하는 데 유용하게 활용될 수 있다(Socolar et al. 2016). 이에 따라 베타 다양성을 분석하여 생물다양성 손실량의 정량화(Karp et al. 2012; Di Marco et al. 2019), 보호지역의 배치(Gering et al. 2003; Wiersma & Urban 2005), 외래종 침입(Powell et al. 2013) 및 야생동물 친화적인 경관설계(Gabriel et al. 2006; Clough et al. 2007; Edwards et al. 2014) 등을 제시한 연구들이 수행된 바 있다. 국내의 베타 다양성 연구로는 청계천의 어류 군집 특성 분석(Kim et al. 2019), 강원도 계방산 식물 군집 특성 분석(Chun et al. 2019), 농업·산림생태계 유형별 대형나방 군집 다양성 분석(Lee & Choi 2021) 등이 수행된 바 있으나, 대부분 일부 지역의 특성 파악을 중점적으로 다루고 있다. Park et al.(2020)의 연구에서는 보호지역 간 유사성 지수를 통해 상보성의 개념으로 보호지역을 평가한 바 있다. 그러나 우리나라는 전국을 대상으로 생물 종 조사가 체계적으로 수행되고, 많은 양의 자료가 축적된 것에 비해 이를 활용한 베타다양성의 공간화 연구가 미흡한 실정이다.

전국 차원의 공간화된 정보는 생물 다양성 관리에 유용한 정보를 제공할 수 있다. 생물 종 관련 공간화 연구는 개별 생물 종 분포변화를 모의하거나(Kim et al. 2012; Park et al. 2019; Yoo et al. 2020), 생물 종 서식에 영향을 미치는 환

경요인을 바탕으로 생물지리구를 구분(Shin & Kim 1996; Kim 2004; Lee et al. 2005; Choi et al. 2017; Choi et al. 2018; Jung & Cho 2020)하는 등의 연구가 대표적이라고 할 수 있다. 하지만, 개별 종 분포 기반 연구의 경우, 미발견 종이나 서식 정보가 부족한 분류군 혹은 조사 정보가 부족한 종을 고려하지 못하므로, 지역 전반의 생물 다양성 보전을 위한 정보 제공에는 한계가 존재한다(Fitzpatrick et al. 2011). 또한, 식생을 주요 대상으로 하는 생물지리구역(식물상 지역, 생태구역 등) 구분의 경우, 특정 생물 종의 분포나, 작성 편의성, 전문가 견해를 기반으로 한 구분이 주로 이루어져 객관성이 부족한 측면이 존재했다(Jung & Cho 2020). 최근에는 축적된 생물 종 정보와 환경 공간정보 및 처리 기법을 활용한 연구들이 수행된 바 있으나(Choi et al. 2018; Jung & Cho 2020), 생물 다양성 관리를 위해서는 더욱 다양하고 상세한 정보가 제공될 필요성이 있다.

여러 베타 다양성을 모의하는 방법론 중 호주를 중심으로 비약적인 발전을 이룩해 온 *generalized dissimilarity model*(GDM)이 있다. GDM은 많은 수의 종 자료를 활용하여 군집분석을 수행하고 구성적 변화(*compositional turnover*)의 공간적 패턴 추정이 가능한 모형이다. GDM이 개발된 이후(Ferrier, 2002; Ferrier et al., 2004, 2007), 다양한 분류군, 육상·해양 생태계, 지역·대륙·전 세계를 대상으로 여러 연구에서 다루어지며 그 유용성을 입증받았다(Allnutt et al. 2008; Leathwick et al. 2010; Di Marco et al. 2019; Hoskins et al. 2020). 특히, GDM은 현황 파악 뿐 아니라 환경변화에 따른 변화 예측이 가능한 장점이 있어, 생물다양성 관리 시 유용한 정보를 제공할 수 있다. 우리나라를 대상으로 Choi et al.(2021, 2022)이 GDM을 활용하여 산림관리에 따른 식생 다양성 변화 연구를 수행한 바 있으나, 국내 자료를 활용하여 구동 시 한계와 활용방안 등에 대한 구체적인 서술은 생략하고 있다.

이에 따라 본 연구에서는 GDM의 구동원리에 대한 고찰을 바탕으로 국내 식물 종 자료 및 환경 공간자료를 이용하여 GDM의 국내적용 가능성을 파악하고자 한다. 모형 구축 시 필요한 데이터 가공 및 군집화를 위한 적정 공간 단위를 파악하고, 시범모형 구축을 통해 국내 식생 군집의 공간분포에 영향을 미치는 환경적 요인을 분석하였다. 또한, 식생 군집의 유사성 지도화 및 군집화를 통해 GDM의 유용성을 파악하고, 향후 활용방안을 논의하고자 한다.

II. 연구자료 및 방법론

1. Generalized Dissimilarity Model(GDM)

본 연구에서는 GDM 관련 선행연구(Ferrier et al. 2004, 2007; Mokany et al. 2022)를 고찰하여, 아래와 같이 간략하게 GDM 구동의 기본 원리를 요약하였다. GDM은 지역 간 환경적 차이를 기반으로 생물학적 차이를 모의하는 통계 모형이다. 지점 간 생물학적 차이를 생물학적 비유사성(*ecological dissimilarity*)으로 정의하며, 이는 분류학적, 계통학적, 유전적, 기능적 다양성 등 모든 수준에서 도출할 수 있다. GDM은 일정 정도까지 환경적 차이(거리)가 증가할수록 생물학적 구성의 차이가 증가한다는 것을 전제로 환경변수들로 ‘예측된 생물학적 거리(*predicted ecological distance*)’와 생물학적 비유사성 간 관계 함수를 구성한다(식 1). 즉, 종속변수(d_{ij})는 지역 간 생물학적 차이이며, 독립변수(x_{ip})는 두 지역 간 기온, 지형 등 환경적 차이로 모형이 구성된다. 이때, 환경변수들은 단조 증가 형태를 나타내는 *I-spline* 함수를 통해 각각 변형되어 환경적 거리로 치환되고, 지점(i 와 j) 간 차이의 절댓값을 합하는 방식으로 생물학적 거리를 예측한다(식 2). m_p 는 구간별 활용하는 *I-spline* 함수의 개수를 의미하며, 기본값으로 3개를 적용한다. 이러한 환경변수별 생물적 종 구성과의 관계 함수는 종 구성에 영향을 미치는 주요 환경요인을 파악할 수 있도록 하는 장점이 있다.

$$d_{ij} = 1 - e^{-b + \sum |f_p(x_{pi}) - f_p(x_{pj})|} \quad (\text{식 1})$$

$$f_p(x_p) = \sum_{k=1}^{m_p} a_{pk} I_{pk}(x_p) \quad (\text{식 2})$$

GDM의 종속변수는 두 집합 간 차이를 나타내는 Sorenson index, Bray-Curtis index 등 0-1 사이 값을 가지는 어떤 비유사성 지표로도 모의할 수 있다. 비유사성 도출 시에는 동일한 방식(조사 면적, 기간 등)의 조사를 통해 조사 지점 간 비유사성 정도를 나타내는 정보가 구축되어 있으면 가장 바람직하지만, 출현자료만을 활용해서도 모형 구축이 가능하다. GDM의 환경변수는 종 조사를 시행한 지점의 환경정보를 이용하거나, 격자 형태의 환경변수를 활용할 수 있다. 종 조사 지점의 환경 측정자료를 활용하는 경우에는 조사가 이루어진 지역 간 비유사성에 대한 이해를 높이기 위해서 주로 사용하며, 격자 형태의 환경변수의 경우, 조사되지 않은 지점의 예측에 활용한다. 이를 통해 전국의 비유사성 분포 패턴·생물다양성의 공간적 차이를 예측하고 보전전략을 수립하는데 활용할 수 있다. 본 연구에서는 오픈 소프트웨어인 R의 'gdm' package를 활용하여 모형을 구축하였다(Fitzpatrick et al. 2021).

2. GDM의 적용

1) 자료가공 및 모형적합(Model fitting)

모형 구동 시 가장 중요한 입력자료는 신뢰성 높은 생물 종 조사자료이다. 일반적으로 표준화된 형태의 군집 조사자료가 모형 구동에 가장 적합하나, 넓은 지역을 대상으로 충분한 수의 조사자료가 구축된 경우가 많지 않다(Amano et al., 2016). 이에 따라 종의 출현 좌표만을 이용하여 모형을 구동 시, 생물 종이 관찰되지 않은 지점은 비출현 지점으로 간주하여 지점 간 군집 구성의 차이를 모의한다. 우리나라의 전국 자연환경조사 자료의 경우, 전국의 방대한 식물 목록 및 위치 자료가 구축되어

있으며, 조사 지침상 조사 지역 내에 생육하는 모든 야생 관속식물을 조사하도록 규정하고 있으므로, 상대적으로 신뢰성이 높고, 군집 구성을 추정하기에 적합한 자료라고 판단된다. 본 연구에서는 216,154개의 위치 자료를 포함하고 있는 제3차 조사자료(2006~2013)와 194,467개의 제4차(2014~2018) 전국자연환경조사 식물상 자료를 통합하여 총 410,621개의 식물 종 위치 자료를 활용하였다. 두 시기의 조사자료를 융합하면서 식물 종별 종 코드를 부여하고, 환경변수와 동일한 좌표계(Korean central belt 2010)로 변환하였다. 지점 간 비유사성은 식물종의 풍부도를 반영할 수 있는 Bray-Curtis 지수를 활용하였다(Park et al. 2020).

GDM은 지역 간 생물군집의 비유사성을 측정해야 하므로 개별 관측자료가 군집화되는 공간적 단위 설정이 필요하다. 공간적 단위에 따라 종합되는 관측자료의 범위가 달라져 군집 구성이 다르게 산정되기 때문에 공간 단위의 설정이 모형 적합 시 중요한 부분이다. 이에 따라 본 연구에서는 1km 격자, 1:25,000 도엽 및 1:50,000 도엽 단위로 공간적 범위를 확장하며 모형 적합을 시도하였다. 1km 격자 단위를 모형에 반영 시, 각 조사자료의 원 조사지점 자체의 위치 좌표를 반영한 결과와 1km 격자 내 종 자료들을 하나의 지점(point)으로 융합하여 위치 정보를 해당 격자의 중심점으로 변형하여 적용한 결과를 각각 구축하여 비교하였다. 또한, 제2차 전국자연환경조사 시 전국을 산줄기, 하천분포, 지역 크기 등을 고려하여 구분해놓은 217개의 소권역과 소권역을 조사 면적에 따라 4-7개로 나누어 구분한 794개 평가단위자료도 활용하였다(Figure 1).

거시적인 측면에서 식생분포에 영향을 미치는 기후요인을 반영하기 위하여 생물기후변수를 기반으로 1차 구동한 GDM 결과로 변형된(transformed) 환경변수들로 군집화한 자료로 모형 적합을 시도하였다. 군집화 시에는 ISODATA(the Iterative Self-Organizing Data Analysis Technique)를 적용하였으며, 전국을 가장 세분화

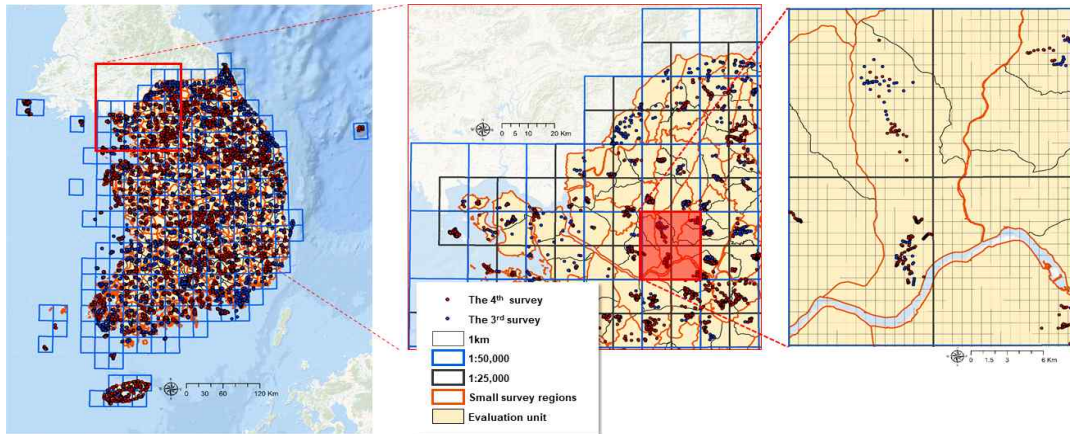


Figure 1. National ecosystem survey data(3rd, 4th) and various spatial units applied for clustering

할 수 있는 81개 권역으로 구분하여 활용하였다 (Supplementary Figure 1). 각 공간적 단위를 반영하였을 때 모형의 설명력(% deviance explained, R-square)을 비교하여 가장 설명력이 높은 모형을 적합한 공간 단위로 간주하여 최종모형을 구축하였다.

모형 적합 시, 군집으로 간주할 수 있도록 충분한 종 자료를 가지고 있는 격자를 반영하는 것이 필요하다. 이는 각 지점이 보유하고 있는 최소 종 수를 임계값으로 설정하는 방법으로도 반영할 수 있으나, 본 연구에서는 관측지점별 종 풍부도를 각 조사 지점의 가중치로 적용하였다. 적합한 공간 단위 설정 시에는 설명변수로 생물기후변수만을 적용하였으며, 최종 공간 단위가 선정된 후, 환경변수들을 다양화하여 최종 모형을 구축하였다.

2) 환경변수의 선정

GDM을 이용한 분류군별 군집 분포에 영향을 미치는 환경변수로는 기후, 지형, 토지피복도, 토양, 두 지점 간 지리적 거리를 활용하였다 (Supplementary table 1). 기후변수로는 기상청에서 제공하는 2000~2019년 MK-PRISM ver 2.1 격자(1km)의 월 평균 기온·강수량자료를 바탕으로 19가지 생물기후변수(bio 1~19)를 생성

하여 활용하였다. 지형 자료로는 고도, 경사, 향 자료를 활용하였다. 토지피복의 경우, 중분류 토지피복도(2013)를 기반으로 한 범주형 변수 자체와 GDM 모형이 연속형 변수에 더 적합하게 구축되는 모형임을 고려하여 비 산림지역으로부터의 거리 변수와 산림지역으로부터의 거리 변수를 추가적으로 구축하여 입력변수로 적용하였다. 토양자료의 경우, 심토토성, 유효토심, 배수등급 세 가지 변수를 활용하였으며, 이 변수들은 범주형 변수이기 때문에 식생 구성에 대한 영향 여부는 판단할 수 있으나 정확한 해석에는 한계가 존재한다. 두 지점 간의 거리는 식생 종 분포 지점의 위경도 좌표를 기반으로 Euclidean distance를 통해 산정된다.

최적 변수 선정을 위해 후진 제거법을 적용하고자 했으나, 모든 조사지점(site-pairs) 간 비유사성을 계산하여 구축되는 GDM은 많은 시간과 높은 컴퓨터 연산능력이 필요하므로 적용하기 어려운 점이 존재했다. 이와 같은 한계로 인해 선행연구(Williams et al. 2010; Ferrier et al. 2012)에서는 I-spline 계수의 합과 설명력(deviance explained)을 기준으로 환경변수를 선정하는 방법을 적용하였다. 본 연구에서도 동일 방법론을 적용하여, 다양한 변수 조합을 통해 모형을 적합하고, 입력변수 변화에 따른 설명력

변화를 통해 환경변수를 선정하였다. 구축한 전체 환경변수를 활용하여 적합하였을 때 가장 높은 계수(summed coefficient)를 나타낸 기후변수와 토양, 지형, 토지피복 변수와의 조합을 통해 총 6개의 모형을 구축하였고, 이중 설명력이 가장 높고, AIC(Akaike information criterion)는 가장 낮은 모형을 선정하였다. 최종적으로 구축된 모형에서 I-spline 함수 계수의 총합이 0 이상인 환경변수들만을 추출하여 각 환경변수가 식생 군집 구성에 미치는 영향을 분석하였다.

추가적으로, 변수들 간 상관성이 모형에 미치는 영향에 대해 파악하였다. 일반적인 회귀모형의 경우, 예측변수 간 상관관계는 모형 적합 시 독립성 가정을 위반하는 것으로 간주되나, GDM의 경우 단순히 변수 간 상관성이 아닌 지점 간 환경변수들의 차이의 상관성이 모형에 영향을 미칠 수 있다. 선행연구에서 예측 변수 간 상관성은 예상치 못한 영향을 초래할 수 있음을 언급한 바 있으나(Mokany et al. 2022), 변수간 상관성이 모형 결과에 미치는 영향을 정확히 규명하지 않았다. 이에 따라, 본 연구에서는 변수들 간 피어슨 상관계수를 도출하여 상관성이 0.7 이상인 변수가 존재하는 경우, 하나의 대표 변수만을 선정하여 모형을 구축하였다. 상관성 분석을 통해 선정된 변수로 구축한 모형결과와 전체 변수를 모두 활용하여 구축한 모형결과를 비교하였다.

3. 식물군집 유사성 지도화(similarity map) 및 군집화(classification)

GDM은 기후변화에 따른 생물다양성 유지도(biodiversity persistence) 변화, 서식처 손실 및 복원에 따른 영향 및 우선보호·복원 지역 도출 등 생물다양성 보전을 위해 다양한 정보를 제공하는데 활용되고 있다(Allnutt et al. 2008; Leathwick et al. 2010; Di Marco et al. 2019; Hoskins et al. 2020). 본 연구에서는 GDM 활용의 유용성을 파악하기 위해 기초가 되는 군집의

유사성을 도출하고, 이를 기반으로 한 군집화를 진행하였다. 군집화는 우선 보전지역 선정, 보호 전략 수립 등 보전계획에 활용하기 위하여 기존 생태지역, 생물기후권역 등을 구분하는 목적과 같은 맥락으로 이해될 수 있다. 그러나 환경적 유사성을 기반으로 지역을 구분하는 기존 접근과는 달리 GDM 기반 군집화는 예측된 생물학적(비)유사성을 기반으로 권역화 수행하며, 이용 가능한 생물학적 자료가 환경변수 변형 시 가중치로서 적용되므로, 실제 생물학적 패턴을 잘 반영할 수 있는 장점이 있다(Ferrier et al. 2007).

구축된 모형을 기반으로 각 환경변수를 spline 함수를 통해 변환 후, 식 1에 적용하여 각 격자가 다른 지역과 생물군집 구성이 유사한 정도를 정량화하였다. 원칙적으로는 각 격자와 나머지 모든 격자 간 생물학적 유사도를 측정 후 평균값을 도출하는 것이 가장 정확하지만, 9만 개 이상의 격자를 대상으로 모든 격자 쌍 간 비유사성 계산은 컴퓨터 연산능력의 한계로 수행이 어려운 점이 있다. 이에 따라 본 연구에서는 전국의 0.5% 지역을 임의의 참조 격자로 선택하여 모든 격자와 참조 격자 간 유사성 평균으로 유사성 지도(similarity map)를 구축하였다.

환경변수들을 기반으로 예측된 생태적 거리를 이용하여 권역을 분류하였다. 4000개의 샘플 격자를 임의로 추출하여 모든 격자와 샘플 격자 간 비유사성을 모의한 후, 계층적 군집분석인 ward 연결법을 통해 임의로 100개, 20개의 군집으로 분류하였다. 그 후, 각 격자를 가장 유사한 권역으로 배정하였다. 구분한 권역 간 유사도 정도를 다차원 척도법을 통해 권역 간 유사도가 높을수록 유사한 색상으로 구분되도록 하여 전국의 식생 군집 유형의 분포 패턴을 제시하였다.

IV. 결과 및 고찰

1. 군집화 공간단위에 따른 모형 결과 비교

다양한 공간 단위에서 모형을 구동한 결과 모형

별 설명력(% deviance explained)은 다음과 같다 (Table 1). 조사 지점 좌표를 1km 격자 단위로 군집화 시 각 조사 지점의 기존 좌표를 그대로 활용한 경우에는 2.294%를, 1km 격자의 중심점을 대표점으로 생성하여 적용한 경우에는 2.416%로 나타났다. 대표점을 생성하였을 때가 기존 자료를 그대로 활용할 때보다는 모형의 설명력을 증가시킬 수 있었으나, 2% 수준은 모형이 군집간 비유사성을 거의 설명하지 못하는 것을 의미한다. 너무 상세한 격자 단위로 인해 개별 지점별 군집 구성이 모두 다르게 인식되어 비유사성이 과도하게 크게 나타나 환경변수로 이러한 차이를 설명하지 못한 것으로 판단된다.

1:25,000 도엽 단위를 적용한 경우에는 24.924%로 나타났으며, 1:50,000 도엽 단위를 적용한 경우에는 40.665%로 모형의 설명력이 크게 개선되었다. 이는 식생의 군집구성 패턴이 보다 거시적인 공간 범위에서 환경적 요인으로 설명 가능하다는 것을 의미한다고 볼 수 있다. 조사 지점이 융합되는 공간적 범위를 조사 소권역으로 설정하였을 때는 12.099%의 설명력을 나타냈으며, 오히려 소권역을 세분화한 평가단위를 적용하였을 때는 15.099%로 3%의 증가했다. 이는 권역 크기뿐 아니라 각 권역의 환경 특성이 잘 구분될 때 모형의 설명력이 향상된다는 것을 시사한다.

유사한 생물기후 환경을 81개 권역으로 군집화하여 적용하였을 때는 설명력이 47.822%까지 상승하였다. 81개 권역의 평균적인 면적은 1,192 km²로 도엽 단위보다 상대적으로 넓은 면적이다. 기존 선행연구에서 GDM을 다양한 지역·분류군에 적용하였을 때, 일반적으로 20~50% 정도의

설명력을 나타냈던 것과 비교하면(Mokany et al. 2022) 높은 설명력을 가지는 모형을 구축했다고 평가할 수 있다. 환경적으로 유사한 지역에 분포하는 식생들을 하나의 군집으로 분류하였을 때 군집 구성의 특성이 잘 반영되었기 때문에 판단된다. 이처럼 동일한 조사자료와 환경변수를 사용하였음에도 모형의 설명력이 크게 달라지므로, 군집 구성의 적절한 공간적 범위 설정이 군집 분포 모형에서 면밀하게 검토될 필요성이 있다. 또한, 식생의 군집 구성은 환경적 요인 뿐 아니라, 역사적 요인과 식물 간 경쟁 및 상호작용, 산불·산사태 등 인위적 교란 요인 등 다양하고, 종합적인 요인에 의해 결정되기 때문에(Yun et al. 2011), 단일 종 분포 모형에 비해 설명력이 전반적으로 낮은 측면이 존재한다. 낮은 설명력에도 불구하고, 식물 서식에 영향을 미치는 환경 요인에 대한 유용한 정보를 제공하기 때문에 다양한 연구에서 활용되고 있다. 하지만, 보다 정확한 예측 모형 구축을 위하여 입력변수를 다양화·고도화할 필요성이 있다.

2. 식생 군집 구성에 영향을 미치는 환경요인 분석

19개의 생물기후변수로 모형을 구동하였을 때 최대 설명력은 위의 결과에서 언급했듯 47.822%의 설명력을 나타냈다. 이 모형에 다양한 환경변수들을 추가하여 설명력을 향상할 수 있는 변수 조합을 탐색한 결과는 다음 Table 2와 같다. 기후변수에 토양변수 추가 시 48.64%, 지형변수 추가 시 48.346%로, 토양변수를 추가한 경우에 더 높은 설명력을 나타냈다. 기후, 토양, 지형 변수를 모두 추가한 경우에는 48.475%로 오히려 토양변수만을 추가했을 때보다 설명

Table 1. Percentage deviance explained according to various spatial units

	1km grid (original coordinates)	1km grid (transformed coordinates)	1:25,000	1:50,000	Small survey regions	Evaluation Units	The 81 zones
% deviance explained	2.294	2.416	24.924	40.665	12.099	15.099	47.822

Table 2. Percentage deviance explained for each combination of various environmental variables

Environmental variables used for model-fitting	% deviance explained
Climate factors	47.822
Climate, Soil factors	48.64
Climate, Topographic factors	48.346
Climate, Soil, Topographic factors	48.475
Climate, Soil, Artificial factors	48.64
Climate, Soil, Topographic, Artificial factors	48.475
Continuous variables (bio 1~19, altitude, aspect, slope, distance from forest, and distance from Non-forest)	48.349
Selected climate variables (bio 3, 7, 8, 13, 14) according to the correlation analysis, and Soil factors	48.246

력이 낮아져 지형 변수가 모형 설명력에 부정적 영향을 끼치는 것으로 판단된다.

기후, 토양변수에 토지피복 변수를 추가한 결과는 토양변수만을 반영했을 때와 동일한 설명력을 나타냈다. 이는 토지피복 변수의 영향이 크지 않음을 의미한다. 기후, 토양, 지형, 토지피복 모든 변수를 반영하여 모형을 구축한 경우에는 기후와 지형변수를 반영한 결과와 동일하게 48.475% 수준의 설명력을 나타내어 지형변수는 악영향을, 토지피복 변수는 아무런 영향을 미치지 못한 상기의 결과를 재확인할 수 있었다. 기후, 토양변수 모형과 기후, 토양, 토지피복 모형의 경우, 적은 변수로 동일한 설명력을 나타낼 수 있는 기후, 토양변수 조합이 낮은 AIC를 나타냈다. 이에 따라 기후, 토양 변수를 설명변수로 활용한 모형을 최종모형(이하 최종모형)으로 선정하였다.

한 편, GDM은 근본적으로 연속형 변수에 적합하게 비유사성을 모의하게 설계되었기 때문에 명목형 변수를 제외하고, 연속형 변수만을 이용한 모형도 구축하였다. 그 결과, 설명력은 48.623%로 작은 차이긴 하나 토양변수를 반영하였을 때보다 설명력이 낮아졌다. 명목형 변수는 비유사성에 미치는 영향을 해석하기 어려운 측면이 있지만 본 연구에서는 토양이 식생 군집 구성에 중요한 영향 요인임을 고려하여 토양변

수를 반영한 모형을 최종적으로 활용하였다.

또한, 변수들 간 상관성 분석 결과(Supplementary Table 2), 상관성이 0.7 이상인 변수를 제외하고, 19개의 기후변수 중 bio 3, bio 7, bio 8, bio 13, bio14를 대표변수로 선정하여 5개의 기후변수와 3개의 토양변수로 모형을 구축하고, 최종모형과 비교하였다. 그 결과, 설명력은 48.246%로 전체 기후변수를 모두 적용했을 때보다 설명력이 감소하였다. 하지만 변수의 수가 적어져 AIC 값이 전체 변수를 활용했을 때보다 낮아지는 것을 확인할 수 있었다.

상관성 분석을 통해 기후변수를 선정하여 구축된 모형의 변수별 기여도를 최종모형 결과와 비교하면 Table 3과 같다. 계수 값은 변화되었으나, 영향을 미치는 요인의 순서나 I-spline의 형태는 거의 동일하게 유지되었다. 상관성 분석으로 제외된 변수들 외에 동일하게 적용한 기후변수의 경우, 상관성이 높은 변수가 제거되면서 계수가 증가하였고, 상관성이 높은 변수가 포함되지 않았던 토양변수는 계수가 거의 동일하게 유지되었다. 또한 각 변수별 I-spline의 형태와 모형 구동 결과로 도출된 유사성 지도도 약간의 수치적 변화만 나타났을 뿐 전반적으로 동일한 공간패턴을 나타내었다. 이에 따라, 상관성이 높은 변수가 동시에 입력변수로 활용된 경우, 각 변수의 중요도가 감소하는 영향이 나타날 수 있

Table 3. Comparison of summed coefficients of I-spline between model using all climate variables and model constructed using variables selected through correlation analysis

Final model		Model constructed by the selected variables according to the correlation analysis	
Variables	Summed coefficient	Variables	Summed coefficient
Geographic	0.556	Geographic	0.56
bio 7	0.115	bio 7	0.132
bio 8	0.057	bio 8	0.102
bio 5	0.056	bio 5	excluded
bio 2	0.033	bio 2	excluded
bio 14	0.03	bio 14	0.058
bio 19	0.027	bio 19	excluded
DEEPSOIL	0.024	DEEPSOIL	0.023
bio 6	0.019	bio 6	excluded
bio 12	0.018	bio 12	excluded
SOILDRA	0.014	SOILDRA	0.018
bio 3	0.006	bio 3	0.027
VLDSOILDEP	0.003	VLDSOILDEP	0.003

지만, 모형 결과에는 영향이 미미함을 확인하였다. 한편, 상관성은 높지만 의미가 다른 두 변수 각각의 I-spline 함수를 통해서 파악할 수 있는 정보들이 존재했다. 이에 따라, 본 연구에서는 전체 기후변수를 모두 활용한 최종모형 결과를 구체적으로 제시하였다.

변수별 I-spline 함수 그래프는 최대값이 클수록 비유사성(베타다양성) 분포 패턴에 큰 영향을 미치는 것을 의미하며, 기울기는 값이 클수록 환경변수 값의 변화에 따라 비유사성이 빠르게 증가하는 것을 의미한다. 본 연구에서 구축한 모형은 위·경도 차이로 계산되는 지리적 거리가 가장 큰 영향을 미치는 것으로 나타났으며, 다음으로 bio 7(연교차, 최난월 최고기온과 최한월 최저기온의 차이)이 크게 작용하는 것으로 나타났다. 즉, 지점 간 거리가 멀고, 연교차의 차이가 클수록 식생군집의 구성이 다르게 나타난다는 것이다. 지리적 거리의 경우, 거리가 멀수록 비유사성이 수렴하지 않고 지속적으로 증가하는 것으로 나타났으며, 이는 위도에 따라 태양 복사 에너지 양과 낮의 길이 차이로 인해 식생분포가 달라지는 특성을 반영한다(Cho et al. 2020). 반면, bio 7의 경우에는 기울기가 점차

감소하다가 일정 지점 이후에는 0의 값으로 수렴하는데, 이는 연교차의 차이가 비유사성을 증가시키다가 약 35°C 부근에서는 더 이상의 차이를 유발하지 않는다는 것을 의미한다. 연교차는 대륙성, 해양성 기후의 영향으로 차이가 발생하는데, 우리나라의 경우, 해양성 기후가 나타나는 남해 연안과 제주도 지역에서 내륙지역과는 다른 식물상이 분포하며, 식물 다양성이 높게 나타나는 것과 연관성이 있다(Jung & Cho 2020).

높은 상관성을 나타내는 bio 8(최습윤 분기의 평균기온)과 bio 5(최난월의 최고기온)는 비슷한 수준으로 영향을 미치는 것으로 나타났는데, 우리나라는 최습윤 분기와 최난월이 모두 여름철이므로, 여름철 기온이 식생 군집 분포 패턴에 영향이 있다는 것을 의미한다. 하지만 bio 8은 그래프의 기울기가 점진적으로 증가하는 반면 bio 5의 경우에는 30°C 이상에서 급격히 증가하는 것을 확인할 수 있다. 이는 여름철 평균기온 증가할수록 비유사성은 점진적으로 증가하지만, 최고기온은 30°C 이상에서는 급격한 차이를 나타낸다는 것을 의미한다. 우리나라의 고산·아고산 식생들은 여름철 고온에 민감(Kong

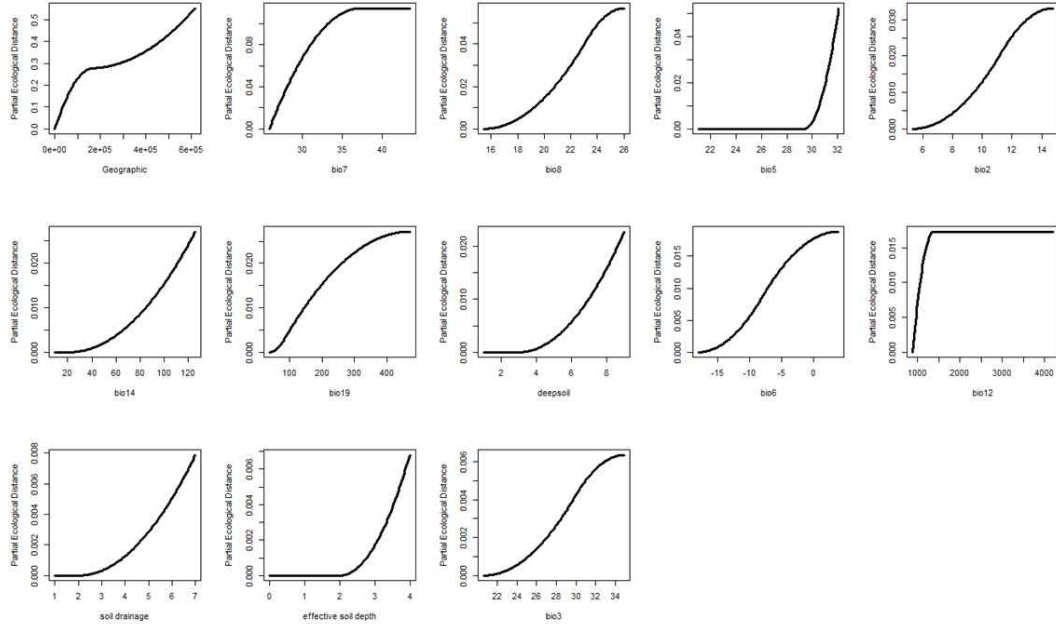


Figure 2. GDM spline functions for each predictor variable

2005; Lee & Kim 2007) 하기 때문에 식생 종 구성에도 영향이 있는 것으로 판단된다. 이는 기후변화로 인해 고산 야고산 식생들이 취약하다는 선행 연구(Lee & Kim 2007; Kim & Lee 2013; Park et al. 2014; Koo et al. 2016)와 함께 앞으로 기온상승 시 식생 군집의 구성이 크게 변화할 수 있음을 시사한다.

강수량의 경우, bio 14(가장 건조한 달의 강수량), bio 19(가장 추운 분기의 강수량)로 겨울철 강수량이 증가함에 따라 점진적으로 종 구성이 달라지는 것으로 나타났는데, 가장 건조한 한 달의 강수량의 경우, 기온기가 점차 증가하는 것으로 나타나 강수량이 많을수록 급격한 변화를 나타내나, 겨울철의 누적 강수량의 경우 완만한 기온기로 일정 강수 수준이 되면 영향이 적어지는 것으로 파악된다. 반면, 연평균 강수량인 bio 12의 경우 1,500mm 이전에 급격하게 증가하다 일정해지는 형태를 나타내 연평균 강수량은 적은 차이도 식생의 분포 패턴에는 큰 영향을 미친다는 것을 확인할 수 있다. 생물기후

변수 중 bio 2(평균 일교차), bio 6(최한월의 최저기온), bio 12(연평균 강수량), bio 3(등온성)도 크진 않지만, 영향이 있는 것으로 나타났다.

토양인자 중에서는 심토토성, 배수등급, 유효토심의 깊이 순으로 영향을 미치는 것으로 나타났는데, 토양변수의 경우 범주형 변수이기 때문에 정량적 해석이 어려운 측면이 존재한다. 하지만 토양요인들의 차이가 식생 군집 분포에 분명한 영향이 있음을 확인하였다.

3. 식물군집 유사성 지도화(similarity map) 및 군집화(classification)

격자별 유사성 정도의 평균을 정량화하여 도출한 전국의 유사성 지도는 Figure 3a와 같다. 유사성은 0.48-0.73 값의 범위로, 평균 0.68의 유사성을 나타냈다. 유사성은 1에 가까울수록 유사한 종 조성을 나타내는 환경이 많다는 것을 의미하고, 수치가 낮을수록 다른 지역과는 구별되는 그 지역만의 독특한 종 구성으로 이루어진 환경이라는 것을 의미한다. 즉, 수치가 낮을수록

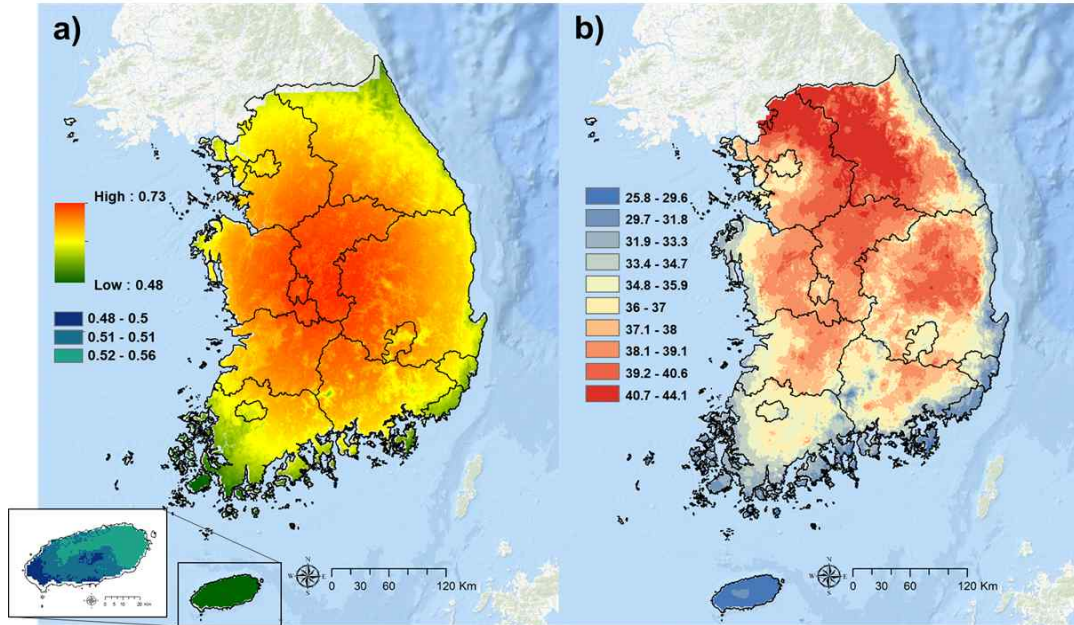


Figure 3. a) The predicted similarity of each location. Areas with lower average similarity to the region are more unique. b) The distribution of bio 7(Temperature Annual Range)

베타다양성이 높고, 보전을 위해 중요한 지역이라고 할 수 있다.

전반적으로 충청북도와 대전광역시를 포함하는 중부지역을 중심으로 유사성이 가장 높고 백두대간 인접 산지와 해안, 도서 지역으로 갈수록 유사성이 낮아지는 경향성을 확인할 수 있다. 이는 동쪽 산지로 갈수록 아고산·고산 식생이, 남부 해안의 경우 난대·아열대림이 분포하므로, 산지와 해안지역은 전국적으로 보았을 때, 다른 지역과 식생 중 구성이 다른 특성을 반영한 것이다. 특히, 제주도는 내륙과 구분되는 독특한 환경 특성을 가지는 것으로 나타났는데, 제주도 내에서의 상세한 구분에 따르면 한라산 정상부근과 서남쪽 해안 인근이 가장 독특한 식생 군집 구성을 보이는 것으로 나타났다. 이는 해양성 기후와 화산암으로 구성된 모재 등 다른 공간들과 구별되는 환경적 특성을 반영하며, 제주도 북부와 남부 차이의 경우, 농업 활동이나 도시화 정도 등도 영향을 미친 결과로 판단된다 (Jung & Cho 2020).

또한, 내륙지역 중에는 서울특별시와 대구광역시, 광주광역시에서 주변 지역에 비해 유사성이 낮게 나타났다. 토지피복이 반영되지 않았음에도 이러한 도시지역이 구분되는 이유는 모형에 가장 큰 영향을 미치는 것으로 나타난 연교차(bio 7)가 반영된 결과로 볼 수 있다. 일반적으로 내륙지역은 연교차가 크게 나타나고 해양 지역으로 갈수록 적어지는 분포를 보인다 (Figure 3b). 그런데 도시지역의 경우 열섬현상으로 인해 여름철 기온도 높은 편이지만, 겨울철에도 상대적으로 기온이 높아 연교차 및 월간 기온 변동성이 적다(Suh et al. 2009). 이러한 기후적 특성이 식생 군집 분포에 큰 영향을 미치는 것으로 판단된다. 하지만 대전지역 등 모든 도시의 유사성이 낮게 나타나지 않았는데, 이는 지역 간 거리가 기온 변수보다 유사성 정도에 더 큰 영향을 미치기 때문인 것으로 판단된다.

식생 구성의 변화는 뚜렷한 경계선으로 구분되지 않고, 추이대 지역을 거쳐 연속적으로 이어지며, GDM의 주요 장점 중 하나는 이러한 군

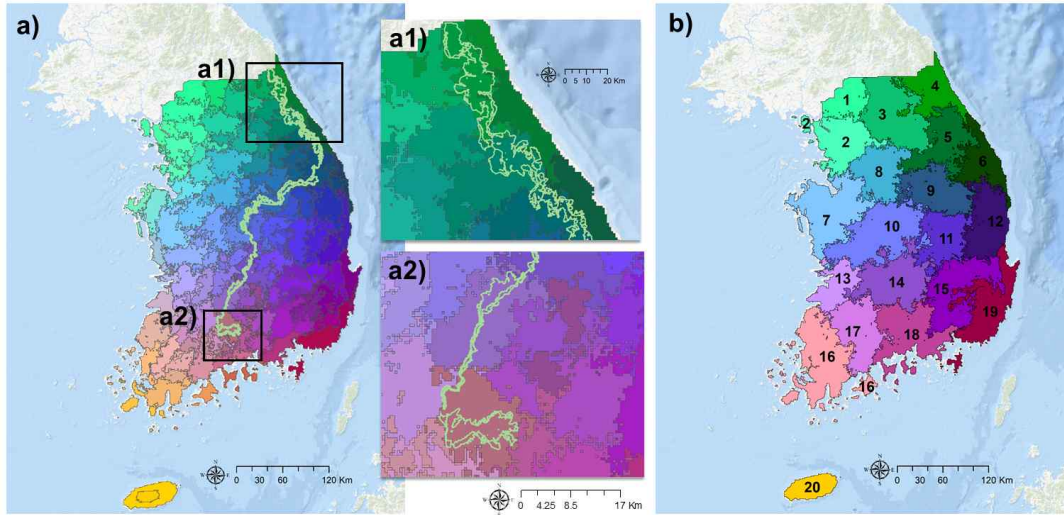


Figure 4. Predicted ecological types divided into a) 100 classes and b) 20 classes. Classes that are more similar have more similar colour. a1) and a2) enlarged the Baekdudaegan and Jirisan regions, respectively.

집 구성의 연속적인 변이를 측정·시각화할 수 있다는 것이다. 하지만 자연환경조사나 관리 등에 활용하기 위해서는 권역화가 유용한 정보를 제공할 수 있다. 이에 따라 지역별 생물군집의 유사도를 기반으로 전국을 100개로 구분한 권역도는 다음 Figure 4a와 같다. 권역별 색상은 권역 간 유사도가 높을수록 유사한 색상을 나타내도록 설정하여 중부에서 남부로 내려갈수록 점진적인 변화가 나타남을 확인할 수 있다. 군집된 권역의 경계를 살펴보면, 백두대간 산지에서는 백두대간 능선을 따라 설정된 백두대간 보호지역의 경계와 권역의 구분 경계가 유사하게 설정되었으며, 산지와 동해안 지역의 권역이 구분된 것을 확인할 수 있다(Figure 4a1). 또한, 지리산 산지 지역이 주변 지역과는 구분되는 하나의 권역으로 설정되었다(Figure 4a2).

세분된 권역을 20개의 권역으로 종합하면 Figure 4b와 같다. 동쪽 산지와 서쪽 평야지역, 남쪽 해안지역, 제주도로 크게 구분할 수 있다. 구분된 권역별 차이의 검증을 위하여 20개의 권역에 임의로 1~20의 번호를 부여한 후, 각 권역에 공통으로 분포하는 생물 종 수를 산출하였다. 전반적으로 지리적으로 근접한 유사 권역과

는 공통종 수가 많은 것으로 나타났으며, 군집 간 거리가 멀수록 공유하는 종의 수가 적게 나타났다. 대표적으로 1번, 20번 권역과 다른 권역 간 공통 생물 종 수를 나타내면 다음 Figure 5와 같다. 그래프에서 초록색으로 표기된 1번 권역의 수치는 1번 권역 내 분포하는 전체 종의 수를 의미하며, 나머지 번호와는 공통으로 분포하는 종의 수를 나타낸다. 변동성은 있지만, 1번 권역과 지리적으로 먼 권역일수록 점차 공통종의 수가 줄어드는 경향성을 확인할 수 있다. 20번 권역도 마찬가지로 거리상 가장 인접한 남해전라남도 지역의 16번 권역과 가장 높은 유사성을 나타내며, 내륙으로 갈수록 공통으로 포함하는 종 수가 줄어든다.

본 연구에서 도출한 권역은 조사된 모든 관속 식물의 분포와 개체 수를 활용하여 군집 구성이 유사한 지역을 모의한 후 상세한 해상도에서 분류한 결과로, 기존 연구에서 기후자료를 기반으로 한 권역 구분이나(Choi et al. 2017; Choi et al. 2018), 생태지역(Shin & Kim 1996) 등과 직접적으로 비교하기에 어려운 측면이 있다. 또한, 본 연구에서는 GDM 모형의 유용성을 확인하는 차원에서 샘플링을 통해 시범적으로 권역을 100

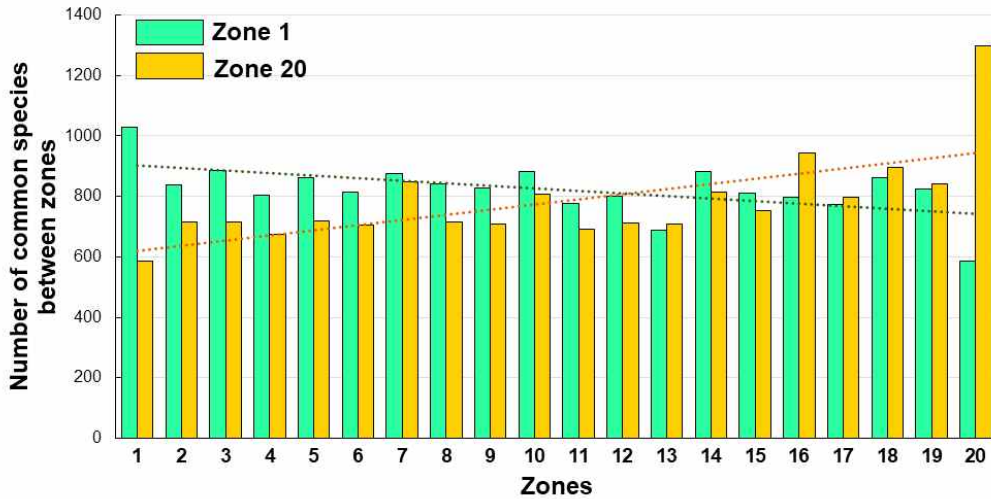


Figure 5. The number of common species between Zone 1(green) and 20(yellow) and other Zones.

개, 20개 권역으로 구분한 것이기 때문에 추가적인 연구와 검증이 필요하다.

효율적인 생물다양성 보전을 위해 다른 지역과 공유하는 식물종 수가 많은 지역보다는 공유하는 식물종 수가 적은 지역(베타 다양성이 높은 지역)이 독특한 환경으로 보전하는 것이 필요하다. Park et al.(2020)의 연구에서는 이를 상보성의 개념으로 보호지역을 평가한 바 있다. 본 연구에서는 평가대상을 전국 1km 격자 단위로 설정하여 모든 다른 격자와의 유사성을 평가한 것으로, 유사성이 낮게 도출된 지역이 보호지역으로서의 가치가 높은 지역임을 의미한다. 이와 같이 본 연구 결과를 바탕으로 현 보호지역의 대표성 분석, 효과성이 높은 추가 보호지역 제시 및 미래 환경변화에 따른 영향 분석 등 다양한 추가 연구가 가능할 것으로 판단된다.

V. 결론

베타 다양성의 중요성이 강조되고, 축적된 생물 종 자료와 고도화된 처리기술을 통한 공간화 연구의 유용성이 강조되고 있는 것에 비해 우리나라에서는 이러한 생물다양성의 공간화 연구가 미흡한 실정이다. 이에 따라 본 연구에서는

식생 군집 구성의 유사성(베타 다양성)을 환경 변수를 기반으로 예측하고, 지도화할 수 있는 GDM의 국내적용 가능성을 파악하였다. 수년간 축적된 방대한 양(410,621개의 식물상 출현자료)의 전국자연환경조사자료와 상세한 환경 공간자료를 활용하여 신뢰성 있는 모형을 구축하였다.

모형 구축 시, 생물 종의 위치 자료를 격자의 중심점으로 융합·가공하고, 군집 구성에 영향을 미치는 환경조건이 유사한 지역으로 권역화된 지역을 군집 구성의 단위로 활용하였을 때 모형의 정확도가 향상되었다. 변수들 간 상관성이 존재하는 경우, GDM의 변수별 중요도에 영향을 미치나 전체 모형 결과에는 영향이 미미하게 나타났다. 모형 구동 결과, 지리적 거리와 연교차, 여름철 기온, 겨울철 강수량 등 기후요인이 식생 군집 구성의 비유사성에 주요 영향을 미치는 것으로 나타나 향후 기후변화에 따라 식생 군집이 영향을 받을 수 있음을 시사했다. 식생 군집의 유사성을 지도화하고, 20개, 100개 권역으로 군집화한 결과 충청북도와 대전광역시를 포함하는 중부지역을 중심으로 유사성이 높고, 백두대간 인접 산지와 해안, 도서 지역으로 갈수록 유사성이 낮아지는 경향성이 나타났다. 특

히 제주도는 내륙과 구분되는 독특한 식생 군집 구성을 보이는 것으로 나타났다. 권역별 공통으로 포함하는 식물 종 수를 파악한 결과, 지리적 위치가 멀어질수록 공통종 수가 줄어드는 경향성을 확인하여 각 권역이 식물 종 군집 구성의 차이를 반영하여 구분되었다고 판단된다. 이는 정량적이고 객관적인 방법으로 식물군집 구성의 공간적 분포를 구분했다는 것에 의의가 있지만, 샘플링을 통해 시범 적용한 것으로, 향후 샘플 수 및 샘플링 위치에 대한 보다 면밀한 검토를 통해 군집화를 실시할 필요성이 있다. 또한, 식물 종 관리에 실질적으로 활용하기 위해서는 구축된 권역별 환경 특성과 권역 내 분포하는 식물 종 및 군집 구성을 규명하는 추가 연구가 수행되어야 한다.

본 연구에서 적용한 GDM은 기후변화와 서식처 손실에 따른 생물다양성 감소 및 서식처 보호·복원 우선지역 도출 등 활발히 응용되고, 지속적으로 발전되고 있다. 본 연구에서 국내 적용의 유용성을 확인하였으므로, 본 연구를 기반으로 우리나라의 군집 단위 모델링 및 생물 다양성 변화 예측연구가 보다 활발히 수행되어 생물 다양성 유지·관리에 유용한 자료를 제공할 수 있기를 기대한다.

References

- Anderson MJ, Crist TO, Chase JM, Vellend M, Inouye BD, Freestone AL, Sanders NJ, Commell HV, Comita LS, Davies KF, Harriossn SP, Kraft NJB, Stegen JC & Swenson NG. 2011. Navigating the multiple meanings of β diversity: a roadmap for the practicing ecologist. *Ecology letters*, 14(1), 19-28.
- Cho YC, Jung SH, Lee DH, Kim HG, Kim JH. 2020. Forest of Korea (VI) Biogeography of Korea: flora and vegetation. Korea National Arboretum. Pocheon.
- Choi Y, Lim CH, Chung HI, Kim Y, Cho HJ, Hwang, J, ... & Jeon SW. 2021. Forest management can mitigate negative impacts of climate and land-use change on plant biodiversity: Insights from the Republic of Korea. *Journal of Environmental Management*, 288, 112400.
- Choi Y, Lim CH, Krasovskiy A, Platov A, Kim Y, Chung HI, ... & Jeon SW. 2022. Can a national afforestation plan achieve simultaneous goals of biodiversity and carbon enhancement? Exploring optimal decision making using multi-spatial modeling. *Biological Conservation*, 267, 109474.
- Choi Y, Lim CH, Ryu J, & Jeon SW. 2018. Analysis of future bioclimatic zones using multi-climate models. *Journal of Environmental Impact Assessment*, 27(5), 489-508.
- Choi Y, Lim CH, Ryu JE, Piao D, Kang JY, Zhu W, ... & Jeon SW. 2017. Bioclimatic classification and characterization in South Korea. *Journal of the Korean Society of Environmental Restoration Technology*, 20(3), 1-18.
- Clough Y, Holzschuh A., Gabriel D, Purtauf T, Kleijn D, Kruess A, Steffan-Dewenter I & Tscharntke T. 2007. Alpha and beta diversity of arthropods and plants in organically and conventionally managed wheat fields. *Journal of Applied Ecology*, 44(4), 804-812.
- Di Marco M, Harwood TD, Hoskins AJ, Ware C, Hil, SL, Ferrier S. 2019a. Projecting impacts of global climate and land-use scenarios on plant biodiversity using compositional-turnover modelling. *Glob. Chang. Biol.* 25 (8), 2763-2778
- Edwards DP, Gilroy JJ, Woodcock P, Edwards

- FA, Larsen TH, Andrews DJ, ... & Wilcove DS. 2014. Land sharing versus land sparing logging: reconciling timber extraction with biodiversity conservation. *Global change biology*, 20(1), 183-191.
- Elith J, Leathwick JR, 2009. Species distribution models: ecological explanation and prediction across space and time. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 40, 677-697.
- Ferrier S, Manion G, Elith J, & Richardson K. 2007. Using generalized dissimilarity modelling to analyse and predict patterns of beta diversity in regional biodiversity assessment. *Diversity and distributions*, 13(3), 252-264.
- Ferrier S, Powell GV, Richardson KS, Manion G, Overton JM, Allnut TF... & Van Rompaey RS. 2004. Mapping more of terrestrial biodiversity for global conservation assessment. *BioScience*, 54(12), 1101-1109.
- Ferrier S. 2002. Mapping spatial pattern in biodiversity for regional conservation planning: where to from here?. *Systematic biology*, 51(2), 331-363.
- Ferrier S, Harwood T, Williams KJ & Dunlop M. 2012. Using Generalised Dissimilarity Modelling to assess potential impacts of climate change on biodiversity composition in Australia, and on the representativeness of the National Reserve System. CSIRO Climate Adaptation Flagship Working Paper No. 13E.
- Fitzpatrick MC, Gove AD, Sanders NJ & Dunn RR. 2008. Climate change, plant migration, and range collapse in a global biodiversity hotspot: the Banksia (Proteaceae) of Western Australia. *Global Change Biology*, 14(6), 1337-1352.
- Fitzpatrick MC, Mokany K, Manion G, Lisk M, Ferrier S & Nieto-Lugilde D. 2021. gdm: Generalized dissimilarity modeling. R package version 1.4. 2.1.
- Fitzpatrick MC, Sanders NJ, Ferrier S, Longino JT, Weiser MD & Dunn R. 2011. Forecasting the future of biodiversity: a test of single and multi species models for ants in North America. *Ecography*, 34(5), 836-847.
- Gabriel D, Roschewitz I, Tschamtker T, & Thies C. 2006. Beta diversity at different spatial scales: plant communities in organic and conventional agriculture. *Ecological applications*, 16(5), 2011-2021.
- Gering JC, Crist TO, & Veech JA. 2003. Additive partitioning of species diversity across multiple spatial scales: implications for regional conservation of biodiversity. *Conservation biology*, 17(2), 488-499.
- Guisan A, Thuiller W, 2005. Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. *Ecol. Lett.* 8, 993-1009.
- Guisan, A, Thuiller W, Zimmermann NE, 2017. *Habitat Suitability and Distribution Models: with Applications in R*. Cambridge University Press.
- Jung S, & Cho YC. 2020. Redefining floristic zones in the Korean Peninsula using high resolution georeferenced specimen data and self organizing maps. *Ecology and evolution*, 10(20), 11549-11564.
- Karp DS, Rominger AJ, Zook J, Ranganathan J, Ehrlich PR, & Daily GC. 2012. Intensive agriculture erodes β diversity at large scales. *Ecology letters*, 15(9), 963-970.
- Kim J, Seo C, Kwon H, Ryu J & Kim M. 2012. A study on the species distribution modeling using national ecosystem survey data. *Journal of environmental impact assessment*, 21(4), 593-607.

- Kim NS, & Lee HC. 2013. A study on changes and distributions of Korean fir in sub-alpine zone. *Journal of the Korean Society of Environmental Restoration Technology*, 16(5), 49-57.
- Kim WJ. 2004. Ecoregion classification in Korea based on analysis of geospatial variables. Interdisciplinary Doctoral Program in Landscape Architecture Major Graduate School Seoul National University.
- Kong WS. 2005. Selection of vulnerable indicator plants by global warming. *Asia-Pacific J. Atm. Sci.*, 41(2), 263-273.
- Koo KA, Kim J, Kong WS, Jung H & Kim G. 2016. Projecting the potential distribution of *Abies koreana* in Korea under the climate change based on RCP scenarios. *Journal of the Korean Society of Environmental Restoration Technology*, 19(6), 19-30.
- Lee DK & Kim JU. 2007. Vulnerability assessment of sub-alpine vegetations by climate change in Korea. *Journal of the Korean Society of Environmental Restoration Technology*, 10(6), 110-119.
- McMahon G, Gregonis SM, Waltman SW, Omernik JM, Thorson TD, Freeouf JA & Keys JE. 2001. Developing a spatial framework of common ecological regions for the conterminous United States. *Environmental Management*, 28(3), 293-316.
- McVittie A, Faccioli M, 2020. Biodiversity and ecosystem services net gain assessment: a comparison of metrics. *Ecosystem Services* 44, 101145.
- Park HC, Lee JH, & Lee GG. 2014. Predicting the suitable habitat of the *Pinus pumila* under climate change. *Journal of Environmental Impact Assessment*, 23(5), 379-392.
- Park JH, Choe H, & Mo Y. 2020. Complimentary Assessment for Conserving Vegetation on Protected Areas in South Korea. *Korean Journal of Environment and Ecology*, 34(5), 436-445.
- Park SU, Koo KA, & Kong WS. (2019). Climate-related range shifts of climate-sensitive biological indicator species in the Korean Peninsula: A Role of dispersal capacity. *J Climate Change Res*, 10(3), 185- 98.
- Powell KI, Chase JM, & Knight TM. 2013. Invasive plants have scale-dependent effects on diversity by altering species-area relationships. *science*, 339(6117), 316-318.
- Ryu JE, Choi YY, Jeon SW, & Sung HC. 2018. Evaluation of Habitat Function of National Park Based on Biodiversity and Habitat Value. *Journal of the Korean Society of Environmental Restoration Technology*, 21(5), 39-60.
- Shin JH and Kim CM. 1996. Ecosystem classification in Korea (I): Ecoregion classification. Korea Forest Reserach Institute. *Forest Science*. 54, 188-189.
- Socolar JB, Gilroy JJ, Kunin WE & Edwards DP. 2016. How should beta-diversity inform biodiversity conservation?. *Trends in ecology & evolution*, 31(1), 67-80.
- Suh MS, Hong SK & Kang JH. 2009. Characteristics of seasonal mean diurnal temperature range and their causes over South Korea. *Atmosphere*, 19(2), 155-168.
- Tuomisto H. 2010a. A diversity of beta diversities: straightening up a concept gone awry. Part 1. Defining beta diversity as a function of alpha and gamma diversity. *Ecography* 33 : 2-22.
- Tuomisto H. 2010b. A diversity of beta diversities:

- straightening up a concept gone awry. Part 2. Quantifying beta diversity and related phenomena. *Ecography* 33 : 23-45.
- Whittaker RH. 1972. Evolution and measurement of species diversity. *Taxon* 21 : 213-251
- Wiersma YF & Urban DL 2005. Beta diversity and nature reserve system design in the Yukon Canada. *Conserv. Biol.* 19, 1262-1272 23.
- Williams KJ, Ferrier S, Rosauer D, Yeates D, Manion G, Harwood T, Stein J, Faith DP, Laity T & Whalen A. 2010. Harnessing Continent-Wide Biodiversity Datasets for Prioritising National Conservation Investment. A report prepared for the Department of Sustainability, Environment, Water, Population and Communities. CSIRO Ecosystem Sciences, Canberra.
- Yoo S, Lim CH, Kim M, Song C, Kim SJ & Lee WK. 2020. Potential Distribution of Endangered Coniferous Tree Species under Climate Change. *Journal of Climate Change Research*. 11(4), 215-226.
- Yun CW, Shin JH, Yang HM, Lim JH, & Lee BC. 2011. Phytosociological classification of forest vegetation in Korea. Korea Forest Research Institute. Seoul, 135pp.