

# 2024년도 제56회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술발표회

일시: 2025년 2월 6일(목) ~ 7일(금)

장소: 국립수목원 산림박물관 시청각실



THE KOREAN SOCIETY OF  
PLANT TAXONOMISTS



## 제56회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술대회

일시: 2025년 2월 6일(목) ~ 7일(금)

장소: 국립수목원 산림박물관 시청각실(2층)

### 2월 6일(목)

일시	발표 내용	좌장/사회
11:30-12:10	<b>정기총회(구 이사회)</b> 장소: 종합연구동 지하 대강당(점식심사: 구내식당 12:10-13:00)	천경식 (총무이사)
12:00-13:20	<b>등록</b> 장소: 산림박물관 1층 로비	
한국식물분류학회 정기학술대회 개회식		
13:20-13:45	<b>개회식</b> 개회사: 한국식물분류학회장	천경식 (총무이사)
13:45-14:00	<b>공로패 전달</b> <b>제4회 죽파(竹波)식물분류학상 시상식</b> <b>제2회 한국식물분류학회 학술상 시상식</b>	
제1부 특별강연		
14:00-15:00	<b>1. 숲의 나라, Forest Korea</b> 임영석(국립수목원)	원효식 (대구대학교)
15:00-15:30	<b>2. Plant evolution on Ulleungdo Islands, oceanic islands in Korea</b> 오상훈(대전대학교)	
15:30-16:00	<b>3. 한국 식물 분류학계의 거목故이우철 박사의 평생 업적과 제4회 죽파식물분류학상 시상식의 의미</b> 정영철(순천대학교)	
16:00-16:10	휴식 & Coffee break	
제2부 초청강연		
16:10-16:50	<b>1. The characteristics and formation processes of species richness in the genus <i>Rhododendron</i> (Ericaceae) in Japan</b> Watanabe Yoichi (Chiba University)	오상훈 (대전대학교)
16:50-17:20	<b>2. iNaturalist is future of biodiversity research</b> Basanmunkh Shukherdorj (창원대학교)	
17:20-17:50	<b>3. Phylogenomics and evolutionary genomics of East Asian wild roses (<i>Rosa</i> section <i>Synstylae</i>, Rosaceae)</b> 전지현(성균관대학교)	
17:50-18:20	<b>4. Structural evolution and diversification of the chloroplast genomes in <i>Carex</i> (Cyperaceae)</b> 이지은(성신여자대학교)	

제56회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술발표회

2월 7일(금)

일시	발표 내용	좌장/사회
제3부 학술발표: 구두발표		
09:00-09:15	<b>1. Development of a web-based interactive identification system for the Korean <i>Carex</i>, the largest genus in Northeast Asia</b> 정민경(성신여자대학교)	최경 (국립수목원)
09:15-09:30	<b>2. Comparative embryology of <i>Pentactina</i> and its taxonomic implication</b> Bushra Munir (강원대학교)	
09:30-09:45	<b>3. Evolution in action: Anagenesis of <i>Hepatica maxima</i> and <i>Lonicera insularis</i> on Ulleung Island</b> 조명숙(성균관대학교)	
09:45-10:00	<b>4. Development of an AI-powered herbarium image pre-identification system in Violaceae: focusing on Korean species</b> 문현지(성신여자대학교)	
10:00-10:15	<b>5. Taxonomic reassessment of the <i>Pentactina</i> based on the molecular characteristics</b> 김혜린(강원대학교)	
10:15-10:30	<b>6. Population genetic approach of native vascular species for forest restoration: a case study of <i>Acer pictum</i> var. <i>mono</i></b> 조아라(국립수목원)	
10:30-10:45	<b>7. Phylogeny and genetic diversity of plants in the genus <i>Salix</i></b> 진봄비(휴모스트바이오)	
제4부 학술발표: 포스터발표		
10:45-11:30	산림박물관 1층, 2층 로비	
우수 발표상 시상 및 폐회식		
11:30-11:40	우수 구두 & 포스터 발표상 시상	장창기 (학술위원장)
11:40-12:00	<b>폐회식</b> 폐회사: 한국식물분류학회장	

※ 학술대회 안내

- 발표 포스터 제작 및 설치 안내
  - 포스터 제작: 90cm × 120cm 크기로 제작한다.
  - 포스터는 2월 6일 오후 1시부터 7일 오전 10시 00분 전까지 산림박물관 지정된 위치에 설치
- 2월 6일 저녁식사 및 간담회
  - 18:30~ 왕숙짚불구이(경기도 남양주시 진접읍 해밀예당1로 28 5층, 010-9353-9470)
- 비상연락: 천경식 총무(010-4789-4965), 장창기 학술위원장(010-9084-0233),  
유기억 회장(010-5047-5692), ※차량출입관련 장현도 재무이사(010-6580-5683)
- 찾아오시는 길: 국립수목원 산림박물관 2층 시청각실  
(경기 포천시 소흘읍 광릉수목원로 415, <https://kko.kakao.com/gBxTGnAVyY>)
- 주차장 안내: 국립수목원 방문자센터 주차장(<https://kko.kakao.com/4LJlcSiotp>)
  - ※ 2월 5일까지 학회 홈페이지에서 주차등록을 하여야 합니다.
  - 주차등록: [https://pltaxa.or.kr/homepage/formPage/parking\\_reserve](https://pltaxa.or.kr/homepage/formPage/parking_reserve)

## 제56회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술대회

2025년 2월 6일 (목요일)

11:30-12:10		<b>정기총회(구 이사회)</b> 장소 - 국립수목원(종합연구동 지하1층 대강당) 총회 후 점심식사(종합연구동 지하1층 구내식당, 12:10-13:00)
12:00-13:20		등록(산림박물관 1층 로비)
13:20-18:20		<b>한국식물분류학회 학술대회(산림박물관 2층 시청각실)</b>
13:20-13:45		개회식(사회: 천경식, 총무이사) 개회사: 한국식물분류학회장 신임 회장단 소개
13:45-14:00		공로패(국립수목원) 전달 제4회 죽파(竹波)식물분류학상 시상식 제2회 한국식물분류학회 학술상 시상식
14:00-16:00		<b>제1부 특별강연</b> (좌장: 대구대학교 원효식)
14:00-15:00 (60분)	S01	[기조강연] 숲의 나라, Forest Korea 임영석 원장 국립수목원
15:00-15:30 (30분)	S02	[죽파식물분류학상 수상자 특별강연] Plant evolution on Ulleungdo Islands, oceanic islands in Korea 오상훈 교수 대전대학교
15:30-16:00 (30분)	S03	[죽파식물분류학상 기념강연] 한국 식물 분류학계의 거목 故이우철 박사의 평생 업적과 제4회 죽파식물분류학상 시상식의 의미 정영철 교수 순천대학교
16:00-16:10		휴식 & Coffee break
16:10-18:20		<b>제2부 초청강연</b> (좌장: 대전대학교 오상훈)
16:10-16:50 (40분)	I01	[국외연구자] The characteristics and formation processes of species richness in the genus <i>Rhododendron</i> (Ericaceae) in Japan Prof. Watanabe Yoichi Chiba University
16:50-17:20 (30분)	I02	[국외연구자] iNaturalist is future of biodiversity research Dr. Basanmunkh Shukherdorj 창원대학교

제56회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술발표회

- 17:20-17:50 (30분) I03 [신진연구자] **Phylogenomics and evolutionary genomics of East Asian wild roses (*Rosa* section *Synstylae*; Rosaceae)**  
전지현 박사  
성균관대학교
- 17:50-18:20 (30분) I04 [신진연구자] **Structural evolution and diversification of the chloroplast genomes in *Carex* (Cyperaceae)**  
이지은 석사  
성신여자대학교
- 18:30- 저녁식사 및 간담회  
왕숙짚불구이: 경기도 남양주시 진접읍 해밀예당1로 28 5층

2025년 2월 7일 (금요일)

08:30-09:00 등록

09:00-10:45 제3부 학술발표: 구두 발표  
(좌장: 국립수목원 최경)

- 09:00-09:15 (15분) 001 **Development of a web-based interactive identification system for the Korean *Carex*, the largest genus in Northeast Asia**  
Minkyung Jung<sup>p1</sup>, Yanghoon Cho<sup>2</sup>, Sangtae Kim<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biology, Sungshin Women's University; <sup>2</sup>Uri Plant Research Institute
- 09:15-09:30 (15분) 002 **Comparative embryology of *Pentactina* and its taxonomic implication**  
Bushra Munir<sup>p1</sup>, Elena Alexandrovna Marchuk<sup>2</sup>, Kweon Heo<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Applied Plant Science, Kangwon National University; <sup>2</sup>Botanical Garden-Institute, FEB RAS
- 09:30-09:45 (15분) 003 **Evolution in action: Anagenesis of *Hepatica maxima* and *Lonicera insularis* on Ulleung Island**  
Myong-Suk Cho<sup>p</sup>, Seung-Chul Kim  
Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University
- 09:45-10:00 (15분) 004 **Development of an AI-powered herbarium image pre-identification system in Violaceae: focusing on Korean species**  
Hyeonji Moon<sup>p1</sup>, Su-Jeong Han<sup>2</sup>, Jaesung Lee<sup>2</sup>, Sangtae Kim<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biology, Sungshin Women's University; <sup>2</sup>Department of Artificial Intelligence, Chung-Ang University
- 10:00-10:15 (15분) 005 **Taxonomic reassessment of the *Pentactina* based on the molecular characteristics**  
Hye-Rin Kim<sup>p1</sup>, Kweon Heo<sup>1,2</sup>  
<sup>1</sup>Department of Applied Plant Science, Kangwon National University; <sup>2</sup>Department of Interdisciplinary Program in Smart Agriculture, Kangwon National University

## 행사 세부 일정

10:15-10:30 (15분) 006 **Population genetic approach of native vascular species for forest restoration: a case study of *Acer pictum* var. *mono***  
Ara Cho<sup>p</sup>, Tae-Hee Kim, Ye-Rim Cho, Mi Jin Jeong, Hee-Young Gil  
Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum

10:30-10:45 (15분) 007 **Phylogeny and genetic diversity of plants in the genus *Salix***  
Bombi Jin<sup>p1</sup>, Hyosig Won<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>Department of Humost Bio Corporation; <sup>2</sup>Department of Biology Education, Daegu University

**10:45-11:30 제4부 학술발표: 포스터 발표 (산림박물관 1층, 2층 로비)**

10:45-11:30 (45분) [Taxonomy] P01 ~ P35  
[Floristic Research] P36 ~ P42  
[Phylogeny & Genetics] P43 ~ P70

**11:30-12:00 우수 구두 발표상 & 포스터 발표상 시상 및 폐회식**

[[ Taxonomy ]]

- P01 A review of the *Anemone narcissiflora* complex taxa (Ranunculaceae) on the Korean Peninsula  
Jungsim Lee<sup>p</sup>, Min-Ha Kim  
Species Diversity Research Division, National Institute of Biological Resources
- P02 Taxonomic revision of the *Epipactis* Zinn (Orchidaceae: Epidendroideae: Neottieae) on the Korean Peninsula  
Jungsim Lee<sup>p</sup>, Min-Ha Kim  
Species Diversity Research Division, National Institute of Biological Resources
- P03 국립생물자원관 소장 코마로프식물연구소(LE) 기증표본: 조선 말기 Sontag 여사의 채집물 류세아<sup>p1</sup>, 윤종우<sup>2</sup>, 임동욱<sup>3</sup>, 최서연<sup>4</sup>, 김민하<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>국립생물자원관 생물종다양성연구과; <sup>2</sup>성신여자대학교 바이오생명공학과;  
<sup>3</sup>중앙대학교 생명과학과; <sup>4</sup>아주대학교 생명과학과
- P04 Taxonomic approaches of a new record hybrid, *Dryopteris x kominatoensis*, in Korea  
Chang Shook Lee<sup>p1</sup>, Kanghyup Lee<sup>2</sup>, Kyong-Sook Chung<sup>3</sup>  
<sup>1</sup>Department of Science Education, Ewha Womans University; <sup>2</sup>Korea National Arboretum; <sup>3</sup>Department of Medicinal Plant Science, Jungwon University
- P05 A palynological study of *Prunus* (Rosaceae) in Korea  
Yujin Jeon<sup>p</sup>, Jun-Ho Song  
Department of Biology, Chungbuk National University
- P06 Application of pollen, spores, and further non-pollen palynomorphs analysis to the Paleocology in Ulleungdo  
Heewon Ji<sup>p1</sup>, Yeonchan Kang<sup>1</sup>, Yujin Jeon<sup>1</sup>, Ahhyeon Eum<sup>1</sup>, Chae Eun Lim<sup>2</sup>, Jun-Ho Song<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biology, Chungbuk National University; <sup>2</sup>National Institute of Biological Resources
- P07 Leaf epidermal micromorphology of the Korean *Angelica* (Apiaceae) using microscopic analysis  
Heewon Ji<sup>p</sup>, Jun-Ho Song  
Department of Biology, Chungbuk National University
- P08 Sexual dimorphism of heterostyly in *Forsythia koreana* (Rehder) Nakai (Oleaceae)  
Ah hyeon Eum<sup>p</sup>, Jun-Ho Song  
Department of Biology, Chungbuk National University
- P09 국내 분개구리밭속 식물의 엽록체 유전체 변이  
박진희<sup>p1</sup>, 구현조<sup>2</sup>, 김창균<sup>3</sup>, 유정남<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>국립낙동강생물자원관 다양성보전연구실 동식물연구부; <sup>2</sup>서울대학교 농생명과학공동기기원(NICEM) 생물공학기기실(유전체분석센터); <sup>3</sup>국립호남권생물자원관 도서생물자원연구실



- P10 **Taxonomic implication of petal micromorphology in genus *Medicago* L. (Fabaceae) in Korea**  
 Yeonchan Kang<sup>P</sup>, Jun-Ho Song  
 Department of Biology, Chungbuk National University
- P11 **Comparative leaf micromorphological analysis under different salinity conditions in selected *Chenopodium* species**  
 Jimin Lee<sup>P</sup>, Gihong Lee, Hayoung Lee, Jun-Ho Song  
 Department of Biology, Chungbuk National University
- P12 **Taxonomic revision of Korean *Salix* section *Subviminales* based on comparative morphology, plastome, and *Xdh* analysis**  
 Young Moon Kim<sup>P1</sup>, Shukherdorj Baasanmunkh<sup>1</sup>, Nudkhuu Nyamgerel<sup>1</sup>, Won Seok Lee<sup>1</sup>, Dong Chan Son<sup>2</sup>, In Kyu Park<sup>1</sup>, Hyo Sig Won<sup>3</sup>, Gyu Young Chung<sup>4</sup>, Hyeok Jae Choi<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biology and Microbiology, Changwon National University;  
<sup>2</sup>Division of Forest Biodiversity and Herbarium, Korea National Arboretum;  
<sup>3</sup>Department of Biological Science and Institute of Natural Sciences;  
<sup>4</sup>Department of Forest Science, Andong National University
- P13 **방동사니속(*Cyperus* L.) *Micheliani* 아속에 대한 형태학적 연구와 데이터 분석 기법 (PCA, MCA, LDA)을 활용한 주요형질식별**  
 김태훈<sup>P1</sup>, 이정훈<sup>2</sup>, 정의권<sup>1</sup>, 송수연<sup>1</sup>, 김승휘<sup>1</sup>, 이현찬<sup>1</sup>, 김영동<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>한림대학교 자연과학대학 생명과학과; <sup>2</sup>온생물자원연구소
- P14 **Comparative micromorphological study of androecium in four *Zanthoxylum* species from Korea**  
 Tae-Soo Jang<sup>P1</sup>, Jangseung Rhu<sup>1</sup>, Suk-Pyo Hong<sup>2</sup>, Marco F. Duretto<sup>3</sup>, Bokyung Choi<sup>1\*</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biological Sciences, Chungnam National University;  
<sup>2</sup>Department of Biology, Kyung Hee University; <sup>3</sup>National Herbarium of New South Wales, Botanic Gardens of Sydney
- P15 **Cytogenetical and cytotaxonomical analysis of six *Calanthe* species from Korea**  
 Se In Jeong<sup>P1</sup>, Hyeonjin Kim<sup>1</sup>, Daeun Jung<sup>1</sup>, Bokyung Choi<sup>1</sup>, Daehoon Choi<sup>2</sup>, Jin-Won Kim<sup>2</sup>, Soonku So<sup>2</sup>, Hyeon-Ho Myeong<sup>2\*</sup>, Tae-Soo Jang<sup>1\*</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biological Sciences, Chungnam National University;  
<sup>2</sup>Korea National Park Research Institute
- P16 **한국산 개미취속(*Aster* L. *sensu lato*) 수과의 형태학적 연구**  
 김재영<sup>P1</sup>, 정규영<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>국립산림품종관리센터 품종심사과; <sup>2</sup>안동대학교 산림과학과

제56회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술발표회

- P17 **Mechanism of Structural Changes in the Complete Plastome of the Genus *Wikstroemia* (Thymelaeaceae) Through Expansion of the IR Region**  
Yoon-Su Kim<sup>P</sup>, Sangjin Jo, Jin-Hyub Paik, Sangho Choi  
International Biological Material Research Center (IBMRC), Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB)
- P18 **한반도 자생식물 이름의 기준 “국가표준식물목록”**  
장주은<sup>P</sup>, 손동찬\*  
국립수목원 산림생물다양성연구과
- P19 **모시대(*A. remotiflora*)와 도라지모시대(*A. grandiflora*)의 분포, 계통유전체학적 및 형태학적 연구**  
김혜빈<sup>P1</sup>, 김한결<sup>1</sup>, 김정민<sup>1</sup>, 손성원<sup>2</sup>, 박성준<sup>3</sup>  
<sup>1</sup>국립수목원 산림생물보전연구과; <sup>2</sup>국립수목원 연구기획운영과;  
<sup>3</sup>영남대학교 기초과학연구소
- P20 **모시물통이 및 큰물통이의 분류학적 재검토**  
김현진<sup>P1</sup>, 최주영<sup>P2,3</sup>, 변혜주<sup>4</sup>, 최보경<sup>1</sup>, 김윤영<sup>2</sup>, 조원범<sup>2</sup>, 김태훈<sup>2</sup>, 장창기<sup>3</sup>, 장태수<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>충남대학교 생명시스템과학대학 생물학과; <sup>2</sup>국립산림품종관리센터 품종심사과;  
<sup>3</sup>공주대학교 생물교육학과; <sup>4</sup>한남대학교 생명·나노과학대학 생명시스템학과
- P21 **한반도 미기록종 고깔물통이(*Pilea pauciflora* C. J. Chen)의 보고**  
최주영<sup>P1,2</sup>, 김현진<sup>3</sup>, 김윤영<sup>2</sup>, 남명자<sup>4</sup>, 장태수<sup>3</sup>, 장창기<sup>1</sup>, 소순구<sup>5</sup>  
<sup>1</sup>공주대학교 생물교육학과; <sup>2</sup>국립산림품종관리센터 품종심사과; <sup>3</sup>충남대학교 생물학과; <sup>4</sup>아고산식물연구회; <sup>5</sup>국립공원연구원 연구기획부
- P22 **제주큰물통이(*Pilea taquetii* Nakai)의 분류학적 실체**  
최주영<sup>P1,2</sup>, 김현진<sup>3</sup>, 김윤영<sup>2</sup>, 장태수<sup>3</sup>, 소순구<sup>4</sup>, 장창기<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>공주대학교 생물교육학과; <sup>2</sup>국립산림품종관리센터 품종심사과;  
<sup>3</sup>충남대학교 생명시스템과학대학 생물학과; <sup>4</sup>국립공원연구원 연구기획부
- P23 **Taxonomic study of the *Huperzia arctica* complex (Lycopodiaceae) from Svalbard: Based on morphological and molecular characters**  
Youngsim Hwang<sup>P1</sup>, Chang Shook Lee<sup>2</sup>, Hyungseok Lee<sup>3</sup>, Yoo Kyung Lee<sup>3</sup>, Yowhan Son<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Environmental Science and Ecological Engineering, Korea University; <sup>2</sup>Department of Science Education, Ewha Womans University; <sup>3</sup>Korea Polar Research Institute
- P24 **Characterization of Orbicules and Pollen in the subfamily Polygonoideae: Implications for Phylogeny and Evolutionary Studies**  
Suk-Pyo Hong<sup>1</sup>, Min-Su Jo<sup>2</sup>, Min-Jung Kong<sup>2</sup>, Il-Chan Oh<sup>3</sup>, Yun-Chang Jeon<sup>P1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biology, Kyung Hee University; <sup>2</sup>Baekdudaegan National Arboretum (BDNA); <sup>3</sup>Korea Environment Institute (KEI)
- P25 **Taxonomic study on *Murdannia* spp. (Commelinaceae) in Cambodia and Laos**  
Chaeyoung Lee<sup>P</sup>, Hyosig Won  
Department of Biological Science, Daegu University

- P26 **섬쐐기풀(*Urtica laetevirens* var. *robusta*)의 분류학적 실체**  
 임윤진<sup>p</sup>, 유기억<sup>c</sup>  
 강원대학교 자연과학대학 생명과학과
- P27 **국내 외래식물의 분류와 현황**  
 강은수<sup>p</sup>, 장주은, 손동찬  
 국립수목원 산림생물다양성연구과
- P28 **Comparative studies on Mericarp Morphology Among 19 Groups of Six *Peucedanum* Species (Apiaceae, *Peucedanum*) in Korea**  
 Yeon-Ji Lee<sup>p</sup>, Ye-Rim Choi, Ara Cho, Seong-Hyeon Yong, Mi-Jin Jeong  
 Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum
- P29 **Clarifying the distribution of Korean *Indigofera krilowii* and *Indigofera koreana* (Fabaceae)**  
 Su-Jang Kim<sup>p</sup>, In-Su Choi<sup>c</sup>  
 Department of Biological Science and Biotechnology, Hannam University
- P30 **외부형태 형질에 기초한 제비꽃속 *Rostratae* 아절 식물의 주성분분석**  
 고아름<sup>p</sup>, 유기억  
 강원대학교 자연과학대학 생명과학과
- P31 **처녀이끼과 누운괴불이끼속 미기록 잡종 분류군 보고**  
 박상희<sup>p1</sup>, 김정성<sup>c1</sup>, 김형태<sup>c2</sup>  
<sup>1</sup>충북대학교 산림학과; <sup>2</sup>경북대학교 식물자원학과
- P32 **New Chromosome Counts in *Epilobium* section *Epilobium* (Onagraceae Juss.) Taxa from Korea**  
 Young-Min Choi<sup>p1</sup>, Hye-Rin Kim<sup>2</sup>, Kweon Heo<sup>2</sup>, Ki-Oug Yoo<sup>1\*</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biological Sciences, Kangwon National University;  
<sup>2</sup>Department of Applied Plant Science, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University
- P33 **개도독놈의 갈고리와 종내분류군의 외부형태 및 주성분분석**  
 한상진<sup>p</sup>, 유기억  
 강원대학교 자연과학대학
- P34 **Spore Morphology of Lycophytes and Pteridophytes in Island and Coastal Areas (1)**  
 Min-Ju Park<sup>1</sup>, In Chun Hwang<sup>2</sup>, Myung-Ok Moon<sup>3</sup>, Narae Yun<sup>p1</sup>  
<sup>1</sup>Division of Botany, Honam National Institute of Biological Resources;  
<sup>2</sup>Department of Biology, Jeonbuk National University; <sup>3</sup>Research Institute of Basic Sciences, Jeju National University
- P35 **Taxonomic study on *Begonia* spp. (Begoniaceae) in Laos and Cambodia by morphology and DNA barcoding**  
 Neang Som<sup>p</sup>, Hyosig Won<sup>p</sup>  
 Department of Biological Science, Daegu University

[[ Floristic Research ]]

- P36 eDNA를 이용한 온대 습지의 과거 식물상 변화 연구  
김정아<sup>p</sup>, 홍윤지, 전해숙, 임채은  
국립생물자원관
- P37 Floristic study of Noryeokdo Island in Jangheung-gun, Jeollanam-do  
Iseon Kim<sup>p1</sup>, Yongsung Kim<sup>1</sup>, Bo-Mi Nam<sup>1</sup>, Jung Min Bong<sup>2</sup>, Narae Yun<sup>1</sup>,  
Chang Seok Kim<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>Division of Botany, Honam National Institute of Biological Resources;  
<sup>2</sup>Institute for Future Environmental Ecology
- P38 덕산도립공원(예산, 충청남도)의 관속식물상  
최재은<sup>p</sup>, 강하람, 곽호권, 박지은, 김혜연, 천경식  
상지대학교 생명환경대학 생명과학과
- P39 Predicting the potential geographic distribution of an endemic species  
(*Stellaria pulvinata*) distributed in the Altai mountains using climate change  
scenarios  
Zagarjav Tsegmed<sup>p</sup>, Shukherdorj Baasanmunkh, Hyeok Jae Choi  
Department of Biology and Microbiology, Changwon National University
- P40 북한산국립공원의 관속식물상  
소순구<sup>p1</sup>, 이용순<sup>2</sup>, 권오정<sup>3</sup>, 최종욱<sup>4</sup>  
<sup>1</sup>국립공원공단 국립공원연구원; <sup>2</sup>공주대학교 생물교육과; <sup>3</sup>동국대학교 바이오환경과학과;  
<sup>4</sup>국립공원공단 계룡산국립공원사무소
- P41 불음도, 아차도, 주문도(인천광역시 강화군 서도면) 식물상  
나누리<sup>p1</sup>, 이지훈<sup>1</sup>, 박병준<sup>1</sup>, 조승주<sup>1</sup>, 조형복<sup>1</sup>, 곽수빈<sup>1</sup>, 윤정원<sup>2</sup>, 정재상<sup>3</sup>, 박범균<sup>1</sup>,  
조용찬<sup>1\*</sup>  
<sup>1</sup>국립수목원 DMZ산림생물자원연구과; <sup>2</sup>국립수목원 전시교육과; <sup>3</sup>서울대학교 대학원  
농림생물자원학
- P42 특산식물 대구오아리의 보전 전략 수립을 위한 자생지 유형 및 생태적 특성 연구  
변성엽<sup>p</sup>, 피정훈, 정금선, 진동필, 박다은, 권용진\*  
한국수목원정원관리원 국립세종수목원 도시생물보전실

[[ Phylogeny & Genetics ]]

- P43 Genetic differentiation and marker development in East Asian *Calystegia soldanella* (L.) R.Br. populations  
Tae-Hee Kim<sup>p</sup>, Ju Eun Jang, Ara Cho, Ye-Rim Choi, Joonhyung Jung, Hee-Young Gil<sup>c</sup>  
Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum
- P44 3D RAD-seq 기법을 이용한 한반도 고유종 봉래꼬리풀 개체군의 집단유전학적 연구  
곽호권<sup>p</sup>, 박유정, 강하람, 이하림, 박지은, 김혜연, 최재은, 천경식  
상지대학교 생명환경대학 생명과학과
- P45 한반도 특산식물인 꽃잔대(*Adenophora koreana* Kitam.)의 국내 분포 및 계통유연관계  
김혜연<sup>p</sup>, 박유정, 강하람, 이하림, 곽호권, 천경식  
상지대학교 생명환경대학 생명과학과
- P46 The complete chloroplast genome of *Apocynum lancifolium* (Apocynaceae)  
Sunhee Sim<sup>p</sup>, Ae-Ra Moon, Yoonkyung Lee, Eunsil Lee, JinHee Kim, Minha Kim<sup>c</sup>  
Biodiversity Research Department Species Diversity Research Division, National Institute of Biological Resources
- P47 ribosomal DNA를 이용한 한국 자생 국화속 집단의 세포유전학적 연구  
문미정<sup>p</sup>, 김정성  
충북대학교 산림학과
- P48 Structural genomic evolution of Macaronesian *Echium* (Boraginaceae)  
Ji-Hyeon Jeon<sup>p1#</sup>, Ui-Chan Jung<sup>1#</sup>, J. Alfredo Reyes-Betancort<sup>2</sup>,  
Arnoldo Santos-Guerra<sup>3</sup>, Seung-Chul Kim<sup>1\*</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University; <sup>2</sup>Jardín de Aclimatación de La Orotava, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA); <sup>3</sup>Calle Guaidil 16, Tegueste, Tenerife, Spain
- P49 A genome-level analysis of genetic variation reveals a distinct separation of *Lysimachia leucantha* (Primulaceae) populations in Jeju Island  
JunHyun Hur<sup>p1</sup>, DoHyeon Kwag<sup>2</sup>, SeoHyeon Kim<sup>3</sup>, Sang-Tae Kim<sup>1,3</sup>  
<sup>1</sup>Department of Life Sciences, Graduate School, The Catholic University of Korea; <sup>2</sup>Department of Biotechnology, The Catholic University of Korea; <sup>3</sup>Department of Medical and Biological Sciences, The Catholic University of Korea
- P50 The complete chloroplast genome of *Persicaria pensylvanica*: A comparative phylogenetic analyses of the genus *Persicaria*  
JunHyun Hur<sup>p1</sup>, Sang-Tae Kim<sup>1,2</sup>  
<sup>1</sup>Department of Life Sciences, Graduate School, The Catholic University of Korea; <sup>2</sup>Department of Medical and Biological Sciences, The Catholic University of Korea

제56회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술발표회

- P51 **Comparative phylogeography of two endemic *Tulipa* species in Central Asia: *T. korolkowii* and *T. greigii***  
Hyeon Jin Jeong<sup>p1</sup>, Young-Ho Ha<sup>1</sup>, Ju Eun Jang<sup>1</sup>, Aleksey L. Kim<sup>1</sup>, Komiljon Sh. Tojibaev<sup>2</sup>, Georgii A. Lazkov<sup>3</sup>, Chang-Gee Jang<sup>4</sup>, Hyeok Jae Choi<sup>5</sup>, Hee-Young Gil<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum; <sup>2</sup>Institute of Botany, Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan; <sup>3</sup>Institute of Biology, National Academy of Sciences; <sup>4</sup>Department of Biology Education, Kongju University; <sup>5</sup>Department of Biology and Chemistry, Changwon National University
- P52 **Genetic diversity and population structure of endangered species *Juniperus chinensis* var. *sargentii* (Cupressaceae) using genotyping-by-sequencing**  
Sung Kyung Han<sup>p</sup>, Sung-Hyuk Park, Dong-Hyoung Lee, Sung-Mo An, Jeongsuk Kang, Jun-Gi Byeon, Sang-Hyun Lee<sup>c</sup>  
Baekdudaegan Conservation Division, Baekdudaegan National Arboretum
- P53 **Comparative analysis of the complete plastomes of three *Cardamine* in Korea and phylogenomic study of *Cardamine* (Brassicaceae, Brassicales)**  
Sangjin Jo<sup>p</sup>, Changyoung Lee, Sangho Choi, Soo-Yong Kim  
International Biological Material Research Center (IBMRC), Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB)
- P54 **Genetic diversity and evolution of the plastomes in *Lactoris fernandeziana* (Lactoridaceae) endemic to the Juan Fernández Islands, Chile**  
Myong-Suk Cho<sup>p1</sup>, Daniel J. Crawford<sup>2</sup>, Tod F. Stuessy<sup>3</sup>, Patricio López-Sepúlveda<sup>4</sup>, Seung-Chul Kim<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University; <sup>2</sup>Department of Ecology and Evolutionary Biology and the Biodiversity Institute, University of Kansas; <sup>3</sup>Department of Evolution, Ecology, and Organismal Biology, The Ohio State University; <sup>4</sup>Departamento de Botánica, Universidad de Concepción
- P55 **별개풀(*Dracocephalum rupestre* Hance)의 집단유전체학적 연구과 보전 전략**  
임지은<sup>p1</sup>, Homervergel G. Ong<sup>1</sup>, 이정훈<sup>2</sup>, 정의권<sup>1</sup>, 김우호<sup>1</sup>, 김승휘<sup>1</sup>, 송수연<sup>1</sup>, 김영동<sup>1\*</sup>  
<sup>1</sup>한림대학교 자연과학대학 생명과학과; <sup>2</sup>온생물자원연구소(OBRRI)
- P56 **Phylogenomics of genus *Ceratophyllum* L.**  
KyoungSu Choi<sup>p</sup>  
Department of Biology, Kyungpook National University
- P57 **Polyploidization in *Carex siderosticta*, a holocentric chromosome possessing taxon (Cyperaceae)**  
정경숙<sup>p</sup>, 박승민, 김의영  
충원대학교 식품제약학과

- P58 **Population genomics of *Tofieldia yoshiiana* var. *koreana* using GBS**  
 Woo-Ho Kim<sup>p1</sup>, Jung-Hoon Lee<sup>2</sup>, Eui-Kwon Jung<sup>1</sup>, Homervergel G. Ong<sup>1</sup>, Ji-Eun Lim<sup>1</sup>, Tae-Hun Kim<sup>1</sup>, Min-Jea Kang<sup>1</sup>, Seung-Hwi Kim<sup>1</sup>, Young-Dong Kim<sup>c1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Life Sciences, Hallym University; <sup>2</sup>On Biological Resource Research Institute (OBRRI)
- P59 **Complete chloroplast genomes of *Miscanthus* species(Poaceae) and phylogenetic analysis within the genus**  
 Ji Eun Kim<sup>p1</sup>, Yang Su Kim<sup>2</sup>, Gyu Young Chung<sup>3</sup>, Chae Sun Na<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Division of Wild Plant and Seeds; <sup>2</sup>Departement of General Affairs General affairs team, Gangeung-Wonju National University; <sup>3</sup>Department of Forest Science, Andong National University
- P60 **Patters of variation in *Viburnum carlesii* (Adoxaceae) inferred from GBS and morphology**  
 Yun-Gyeong Choi<sup>p1</sup>, Watanabe Yoichi<sup>2</sup>, Sang-Hun Oh<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biology, Daejeon University; <sup>2</sup>Graduate School of Horticulture, Chiba University
- P61 **Fruiting traits and genetic variation in *Viburnum opulus* (Adoxaceae)**  
 Hyun Jun Kang<sup>p</sup>, Yun Gyeong Choi, Sang-Hun Oh  
 Department of Biology, Daejeon University
- P62 **한반도 싸리속 2종(*Lespedeza pilosa*, *L. tomentosa*)의 엽록체 유전체 보고**  
 박종원<sup>p1</sup>, 진동필<sup>2</sup>, 김원희<sup>c1</sup>  
<sup>1</sup>국립생물자원관 생물소재활용과; <sup>2</sup>국립세종수목원 도시생물보전실
- P63 **Complete Chloroplast of *Juncus* L. in Korea and Insights into the Molecular Phylogeny**  
 Yu Gyeom Kim<sup>p</sup>, Joonhyung Jung, Hye One Kim, Joo-Hwan Kim  
 Department of Life Science, Gachon University
- P64 **국립공원 내 희귀 새우난초속(*Calanthe*) 6종(신안새우난초, 금새우난초, 다도새우난초, 새우난초, 한라새우난초, 여름새우난초)의 보전생태학적 연구**  
 박승빈<sup>p1</sup>, 소순구<sup>1</sup>, 장태수<sup>2</sup>, 최보경<sup>2</sup>, 명현호<sup>1</sup>, 박홍철<sup>1</sup>, 김진원<sup>1</sup>, 윤형진<sup>1</sup>, 최대훈<sup>1</sup>, 전청옥<sup>1</sup>, 이재창<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>국립공원공단 국립공원연구원; <sup>2</sup>충남대학교
- P65 **Complete Chloroplast Genomes of *Erythronium* L.: Insights into Molecular Phylogeny and Evolutionary Relationships**  
 Yu Gyeom Kim<sup>p</sup>, Joo-Hwan Kim  
 Department of Life Science, Gachon University
- P66 **울릉도 나리분지 표토층 eDNA 분석**  
 유수창<sup>p</sup>, 최윤경, 강현준, 박종선, 오상훈  
 Department of Biology, Daejeon University

제56회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술발표회

- P67 Chloroplast genome sequencing and phylogenetic analysis of *Brassica tournefortii* Gouan (Brassicaceae)  
Eun Su Kang<sup>P</sup>, Dong Chan Son, Sang-Chul Kim  
Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum
- P68 Chloroplast genome sequencing and phylogenetic analysis of *Cyperus eragrostis* Lam. (Cyperaceae)  
Eun Su Kang<sup>P</sup>, Sang-Chul Kim, Dong Chan Son  
Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum
- P69 Comparative plastome analysis of seven Mongolian *Iris* species (Iridiaceae)  
Jong-Ho Park<sup>P1</sup>, Jae-Chul Jeong<sup>1</sup>, Shukherdorj Baasanmunkh<sup>1</sup>, Keum-Seon Jeong<sup>2</sup>, Hyeok-Jae Choi<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biology and Microbiology, Changwon National University;  
<sup>2</sup>Urban biodiversity department, Sejong national arboretum
- P70 Genetic Diversity Assessment and MassARRAY-SNP Typing Marker Development of *Ligustrum japonicum* Thunb.  
Ye-Rim Choi<sup>P</sup>, Ara Cho, Ju Eun Jang, Tae-Hee Kim, Mi Jin Jeong, Hee-Young Gil  
Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum



# 제1부

## 특별강연

1. 임영석
2. 오상훈
3. 정영철





## S01 [기조강연]

## 숲의 나라 Forest Korea

임영석

국립수목원

우리나라는 국토의 63%가 산림으로 이루어진 산림 국가이다. 오늘날 울창한 숲은 1973년 시작된 치산녹화 사업을 통해 온 국민이 불과 20여 년간 함께 이루어낸 성과이다. 전 세계적으로 숲은 육지 면적의 31%를 차지하며, 숲 생태계는 다양한 생물로 구성되어 있다. 특히 식물은 숲 생물의 대부분을 차지하며, 전 지구 생물량의 82%에 달한다. 현재의 기후위기는 인간 활동에서 비롯되었으며, 산림 면적 감소와 생물다양성의 손실로 이어져 인류 문화의 지속 가능성마저 위협하고 있다. 기후변화는 생물의 유전자 수준에서부터 군집 수준에 이르기까지 다양한 차원에서 영향을 미치고 있으며, 이상기후로 인해 봄꽃의 개화 시기가 예상치 못한 시점으로 변하거나, 단풍이 늦어지는 등 식물 계절현상(phenology)이 변화하고 있다. 이러한 비동기화는 동물과 식물의 생태적 상호작용에 혼란을 초래하고 있다. 식물은 이동성이 제한적임에도 생존을 위해 고산지대나 고위도로 이동하는 사례가 증가하고 있으며, 식생의 급격한 변화로 수백 년을 견뎌온 나무가 갑작스럽게 고사하는 현상이 나타나기도 한다. 한편 기후변화로 인한 생물종 분포 변화는 전염병 발생에도 영향을 미쳤다. 코로나19 사례에서 보듯, 박쥐류가 열대에서 온대 지역으로 이동하면서 인수공통전염병이 발생했다는 이론이 주목받고 있다. 이와 같은 배경에서 산림 면적의 유지 또는 증대, 지속 가능한 산림 관리의 중요성이 더욱 부각되고 있다. 우리나라의 식물종은 주로 계절현상의 변화가 관찰되며, 지의류와 곤충에서는 일부 미기록 종이 남부 지역에 정착하거나 기존 생물종이 복상하는 사례가 보고되고 있다. 또한 기후변화는 기존 산림병해충 발생 위험을 높이는 동시에 외래 돌발 병해충의 유입을 증가시키고 있으며, 특히 주요 매개충의 복상 경향도 확인되고 있다. 종분포 모델링 결과에 따르면, 우리나라는 온대 남부와 아열대 식물종이 유입될 가능성이 낮은 반도 국가로서 기후변화에 특히 취약하다. 이러한 위기를 완화하기 위해서는 산림 면적을 확대하고 기존 산림을 건강하게 관리하는 것이 중요하며, 동시에 산림생물종의 현지 내외 보전 노력이 필요하다. 특히 보호구역 지정은 다양한 생물종을 서식지 내에서 보전할 수 있는 효과적인 방법으로, 보호구역 간의 연결망 구축을 통해 효율성을 높이는 방안이 모색되고 있다. 산림청 국립수목원은 희귀·특산식물의 보전에 주력하고 있으며, 이들 식물은 제한된 분포 범위로 인해 기후위기에 더욱 취약하다. 이를 해결하기 위해 중앙정부와 지방자치단체, 지역주민이 협력하는 ‘중앙-지방 식물거버넌스’를 제안하고 있다. 기후위기를 극복하기 위해서는 전 세계 수목원과 식물원의 협력이 필수적이다. 희귀·특산식물과 다양한 식물의 현지 내외 보전 및 복원을 위해 꾸준한 노력이 요구되며, 이는 인류가 함께 해결해야 할 지구적 과제이다.

S02 [죽파식물분류학상 수상자 강연]

Plant evolution on Ulleungdo Islands, oceanic islands in Korea

Sang-Hun Oh

Department of Biology, Daejeon University, Daejeon 34520

Evolution on islands often results in remarkable morphological or ecological changes not observed in ancestors on the mainland. Ulleungdo Islands, small volcanic islands comprising Ulleungdo and Dokdo are a biodiversity hotspot in Korea. However, endemic species on Ulleungdo Islands show low levels of morphological differentiation compared to progenitor species in neighboring regions. To understand the patterns of evolution on Ulleungdo Islands, more detailed phylogenetic and comparative phylogeographic studies are needed. Exemplary species endemic to Ulleungdo Islands are presented here. Phylogenetic relationships of *Spiraea insularis* (Rosaceae), originally described as *Physocarpus insularis*, and *Fagus multinervis* (Fagaceae) based on morphology and various molecular markers suggest that Ulleungdo serve as a sanctuary for both recently derived lineages and old relicts. Phylogeographic analysis of *Tetragonia tetragonoides* (Aizoaceae) shows that the plants on Dokdo dispersed by sea current are genetically distinct and represent an old lineage in East Asia. Finally, historical changes in plant distribution in the Nari Basin on Ulleungdo Island are explained using the metabarcoding technology of environmental DNA from the drilled cores of ancient deposits. Studies of plants on Ulleungdo Islands suggest that the insular species have no or few morphological apomorphies in contrast to highly divergent genetic structures. Further studies are necessary to understand the origins and characteristics of insular plants on the Ulleungdo Islands for better conservation efforts.

S03 [죽파식물분류학상 기념 강연]

韓國 植物 分類學界의 巨木 故 李愚喆 博士의 平生 業績과  
제4회 竹波 植物分類學賞 施賞의 意味

정영철

순천대학교

한국 식물분류학의 발전에 한 획을 그은 ‘식물학계의 거목’으로 기억되는 竹波 李愚喆 선생께서는 1933년 1월 21일(음력), 주민등록으로는 1936년 6월 2일에 충청북도 괴산군의 벽진이씨 집성촌에서 출생하고, 原籍은 중원군 살미면 문화리 752번지이다. 괴산 중학교와 고등학교를 졸업하고, 成均館大學校 生物學科의 학부와 석사과정에서 ‘한국 식물학의 굽은 뿌리’인 霞隱 鄭台鉉 선생의 指導를 직접 받으시고, 1979년 2월 東國大學校에서 理學博士를 취득하셨다. 이에 앞서 학부과정의 졸업논문인 ‘道峰山의 植物 調査 研究’를 成均 生物 1호(1957)에 발표하셨고, 1968년 韓國 植物分類學會 創立에 적극적으로 참여한 선생께서는 다음 해, ‘天然記念物에 關한 小考’와 ‘韓國 特産屬 植物에 對하여’ 論文을 韓國植物分類學會誌 1권 1호와 2호에 掲載한 후, 平生 동안 125여 편의 珠玉같은 論文들을 單獨 또는 共研으로 끊임없이 발표하셨다.

1975년 江原大學校 生物學科 教授로 赴任하여 2001년 정년퇴임할 때까지 학생들을 薰陶하고 학문 연구에 邁進하셨다. 이 期間 동안 韓國植物分類學會長(1989-90), 강원대학교 自然科學大學長(1993-95)과 自然史 博物館長(1996-2000)의 職責을 맡아 봉사하시고, 2001년 停年退任 때에는 그동안 선생의 삶의 전체적 과정을 종합한 ‘野冊을 매고 50年’을 묶어내시고, 이후에는 2022년까지 名譽教授로 奉職하는 동안에도 학문의 研鑽에 寧日이 없으셨다. 1975년 ‘韓國의 氣候와 植生’을 당신의 박사학위 논문에 앞서 出刊한 이후, 1996년에는 原色韓國基準植物圖鑑과 韓國植物名考 I, II를 출판하는 등, 그 밖에도 10여 권의 저서를 연속해서 發刊하여, 韓國 植物分類學의 기초를 다지셨다.

특히 1984년과 1985년 日本 東京大學과 京都大學의 客員教授로 방문했던 기간 동안 선생께서는 不撤晝夜로 한반도 소산의 植物腊葉標本을 寫眞으로 제작하고, 한국산 식물종의 原記載文들을 徹底하게 收集하여, 동경대학의 오바 교수 (Dr. H. Ohba)를 비롯한 주위의 일본인 교수들을 놀라게 하였다고 전하며, 귀국 후에는 이를 가다듬어 先生의 필생의 力作인 上記한 植物圖鑑과 名考로 완성하였고, 나아가 國立樹木園의 支援를 받아 한반도 관속식물 원기재문 I을 2008년에 발간하고, 이어서 연속적으로 식물기재문 자료 모음집을 續刊하여 韓國 植物分類學의 礎石을 다지는 데 큰 貢獻을 하여 소위 ‘노블리스 오블리제’를 몸소 실천하셨다.

竹波 先生은 1989년 11월 19일 鄭台鉉 선생님을 기리는 霞隱 生物學賞을 제15회로 수상하고, 2009년에는 하은 생물학상 이사장직을 역임한 이후 霞隱 선생님의 뜻을 이어받아 畢生의 事業으로 計劃한 바 있었으니, 韓國植物分類學의 發展에 큰 寄與를 한 젊고 有能한 後學들을 激勵하기 위해 당신의 雅號를 따서 제정한 “竹波植物分類學賞”으로 결실되어 2022년부터 지금까지 계속하여 시상하고 있다. 매년 韓國植物分類學會 定期總會와 學術發表大會에 앞서서 受賞者에게 賞牌와 巨額의 상금을 授與하고 있다. 올해로 네 번째에 이르게 되었다.

## 제56회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술발표회

그동안 榮光의 제1회 受賞者는 한림대학 金永同 教授로서 그는 지난 30여 년 동안 식물유전정보분석, 분자유전학적과 유전체 빅데이터를 이용한 분자 계통학적 연구를 통해 130여 편의 논문을 발표하고, 특히 2015년부터 6년 동안 식물분류학회의 편집위원장으로로서 본 학회지의 수준을 획기적으로 향상시키는 커다란 공적이 인정되어 2022년 2월 10일 하남시 동북아생물다양성연구소에서 유튜브로 개최한 제1회 시상식에서 첫 수상의 영광을 차지하였다.

성균관대학의 金承哲 教授는 1989년 모교의 생물학과를 나와 미국 켄트주립대학 석사, 오하이오 주립대에서 박사학위를 받고, 2001년부터 캘리포니아대 리버사이드 캠퍼스 교수로 근무하다가 2009년 모교의 생물학과 교수로 부임하여 재직 중으로, 지난 35여 년 동안 특정 식물그룹의 기원과 진화적 메커니즘 그리고 계통학적 유연관계 연구를 수행해 국내외의 전문 학술지에 120여 편의 논문을 발표한 공적이 인정되어 2023년 2월 2일, 제54회 정기학술발표회가 열린 성균관대학교 자연과학캠퍼스에서 두 번째로 수상하였다.

李昌淑 博士는 성신여대에서 학부와 대학원과정에서 석박사 학위를 취득하고, 미국 일리노이대에서 Postdoc. 과정을 마친 후, 성신여대, 서울대, 고려대 등에서 식물분류학과 식물형태학 강의를 그리고 이화여대에서 연구교수와 연구원으로 활동하며, 지난 35년 동안 우리나라 양치식물의 계통을 밝히는 연구를 통해, '한국의 양치식물'을 포함한 많은 저서와 60여 편의 논문을 발표해 우리나라 양치식물 분야의 발전에 크게 이바지한 공적이 인정되어, 2024년 2월 1일 공주대 신관 캠퍼스에서 열린 제55회 정기학술발표회 개최식에서 세 번째 수상자가 되었다.

오늘의 제4회 受賞者는 2012년부터 교수로 재직하는 동안 한국식물분류학회 이사과 편집위원장으로 활동 중이고, 지금까지 계통분류, 섬 식물의 진화, 유전 다양성 연구를 통해 70여 편의 논문을 발표하고, 국가 수목 유전자원 목록심의회, 난초과 전문가그룹, 국제자연보전연맹 종 보전 위원회 등 다양한 활동으로, 우리 식물분류학의 발전에 큰 도움을 주는 공적이 크게 기대되는 젊은 분류학자인데, 그에 대한 전모는 이어서 곧 공개될 예정이다.

2012년 죽파 선생께서는 八旬을 맞아, 弟子들이 마련한 傘壽宴을 헌정 받기도 하였고, 끊임없이 學會 行事に 참여하시는 老益壯을 보이면서 '한국 식물명의 유래'(2005)와 '한국 식물의 고향'(2008)을 刊行하였으며, 末年에는 경기도 파주에 自宅를 마련하고 '雪中四友'를 벗 삼으시는 餘裕自適한 나날을 보내기도 하셨습니다. 선생님의 家族으로는 한 平生을 內助하는 勞苦를 아끼지 않으신 吳慶玉 女史(吳明 전 부총리의 누이)와의 사이에 先基(넥스트데일리 대표)와 萬基(자영업)의 오누이를 두셨다. 특히 큰 따님은 父親의 遺志를 받들어 竹波植物分類學賞 수상사업을 계속 운영함에 物心兩面の 부담을 아끼지 않아 온 것에 대한 무한한 감사를 드린다.

안온한 老後를 즐기신 선생께서는, 2022년 10월 4일 오전, 큰 따님의 서울 여의도의 자택에서 老患으로 편안히 가셨으니 享年 89세이셨다. 平生 동안 선생의 삶의 등불이셨던 霞隱 先生과 똑같은 世壽를 누리셨고, 빈소는 여의도 성모병원에서 마련되었으며, 幽宅은 경기도 광주시 오포읍 능평리 산 10-1번지 소재의 엘리시움 삼성개발공원묘원에 모시게 되어, 鄭台鉉 선생님의 고향이자 유택이 마련된 경기도 龍仁 땅에서 가까운 곳이니, 이는 偶然的 일이 아닌 듯하다. 다시 한번 한국식물분류학회 회원들과 함께 삼가 竹波 李愚喆 교수님을 追慕하며, 선생님의 뒤를 잘 잇고 있는 柳基億 博士의 그동안 勞苦를 크게 致賀한다. 2025년 2월 6일 국립수목원에서 是圓 정영철이 읽습니다.

# 제2부

## 초청강연

1. Watanabe Yoichi
2. Basanmunkh  
Shukherdorj
3. 전지현
4. 이지은







I01 [국외연구자]

The characteristics and formation processes of species richness in the  
genus *Rhododendron* (Ericaceae) in Japan

Watanabe Yoichi

Graduate School of Horticulture, Chiba University, Matsudo 648, Chiba 271-8510, Japan

The isolated geography of islands promotes evolution and speciation. The Japanese archipelago consists of both continental and oceanic islands with latitudinal and altitudinal clines. This geography creates climatic differences with varying degrees of geographic connectivity to other landmasses. Based on these characteristics, Japan has high species richness of flowering plants, with approximately 5,000 recognized species. Some taxa exhibit notable species richness and endemism. The genus *Rhododendron* is one of the most diversified plant taxa in Japan. Currently, 67 species are confirmed, of which 54 are endemic to Japan. We aim to elucidate the characteristics and formation processes of *Rhododendron* mainly using genetic analyses. We have found two new taxa from Korea and Japan. In addition, our studies highlighted the influence of vicariance in shaping genetic differentiation among populations (regions). The vicariance of *Rhododendron* species seems to be influenced by two factors: small seeds and montane habitats. Small seeds limit long-distance dispersal. Many *Rhododendron* species in Japan prefer humid montane habitats with well-drained soils, and the mountains of Japan have a complex geography with altitudinal variation on narrow islands. This geography creates habitat isolation known as 'sky islands', allopatric speciation through this process, along with ecological evolution, may be an important factor in the species' radiation of *Rhododendron* in Japan.

I02 [국외연구자]

**iNaturalist for the future of biodiversity research**

Shukherdorj Baasanmunkh<sup>P</sup>, Hyeok Jae Choi

Department of Biology and Chemistry, Changwon National University, Changwon, Korea

Contributory citizen science has become increasingly popular, with iNaturalist emerging as one of the most widely used platforms globally. To assess the impact of how iNaturalist is shaping biodiversity and conservation research, we conducted a systematic review of iNaturalist data use and compared our findings with Global Biodiversity Information Facility (GBIF) literature citing iNaturalist. We found that the use of iNaturalist data in research has grown 10-fold in the last five years, matching the growing increase in iNaturalist observations. Geographic and taxonomic representation in the literature generally aligns with data availability, with iNaturalist data derived from 128 countries and 638 taxonomic families. In case of Mongolia, there are very limited online resources for finding wild photos and distribution points of Mongolian vascular plant species. Therefore, we established the Flora of Mongolia project in iNaturalist in January 2019 to fill the gap of quantifying plant diversity in Mongolia. During the five-year project, to date, 665 citizen scientists have contributed 52,286 observations belonging to 2,238 taxa to this project. To date, participants have already observed 60% of the total vascular plants (ca. 3,100 species) in Mongolia including numerous threatened and endemic species. Furthermore, the total number of observations in iNaturalist is now higher than GBIF and FloraGREIF for Mongolia. We examined several hotspots based on both observations and species at the phytogeographical regions, provinces and protected areas across Mongolia. Citizen scientists in Mongolia are significantly expanding the capacity for data collection and analysis of vascular plants, highlighting the important role that customized iNaturalist projects can have in biodiversity data generation. As citizen science data collections continue to grow, we can expect them to play a significant role in further improving Mongolian vascular plant diversity, controlling invasive species, and addressing the impacts of climate change on rare and threatened plants.

\*This study was supported by the National Research Foundation of Korea (Grant No. RS-2022-NR068406) and Korea Basic Science Institute (National Research Facilities and Equipment Center) granted by the Ministry of Education (Grant No. 2023R1A6C101B022).

I03 [신진연구자(박사)]

Phylogenomics and evolutionary genomics of  
East Asian wild roses (*Rosa* section *Synstylae*; Rosaceae)

Ji-Hyeon Jeon

Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University, Suwon, Korea

The genus *Rosa* section *Synstylae* (Rosaceae) comprises 25-36 rose species mostly distributed in East Asia, and illustrates the high species diversity. This study elucidated their phylogenetic relationships and unraveled complex evolutionary history using conserved ortholog set (COS) markers, genome-wide nuclear orthologs, and chloroplast DNA sequences. The nuclear Rosaceae COS markers and genome-wide orthologs reconstructed the robust phylogenetic frameworks and ancestral areas of East Asian *Synstylae* species, and elucidated their recent divergence. The incomplete lineage sorting and genetic introgression within the East Asian *Synstylae* lineage were inferred by utilizing the genome-wide orthologs. The rapid diversification of East Asian *Synstylae* species may stem from adaptation from standing genetic variation and habitat differentiation coupled with the geographical and ecological complexity of East Asia. Phylogenetic inferences and haplotype network analysis using chloroplast DNA sequences identified seven distinct haplotype groups within the East Asian *Synstylae*. The chloroplast haplotype groups aligned more closely with geographic gradients than with species boundaries, which corroborates the influence of geographical and ecological complexities of East Asia in the diversification of East Asian *Synstylae* species. The founder effects and genetic drift have driven the diversification of chloroplast genomes of East Asian *Synstylae* populations along these geographic gradients. The substantial incongruence between the nuclear and chloroplast phylogenies evidenced the prevalent genetic introgression within the East Asian *Synstylae* lineage. This phylogenomic study on *Rosa* species will shed light on the evolution of rose species diversification.

I04 [신진연구자(석사)]

**Structural evolution and diversification of the chloroplast genomes  
in *Carex* (Cyperaceae)**

Jieun Lee<sup>P</sup>, Sang Chul Choi, Bora Lee, Sangtae Kim

Department of Biology, Sungshin Women's University, Seoul, Rep. of Korea

With about 2,000 species, *Carex* (Cyperaceae) is the second-largest genus of monocots. The large diversity implies that extensive taxonomic sampling and genome-scale sequence data are required to elucidate the detailed evolutionary history and evaluate the classification system. Recent phylogenomic approaches have resolved phylogenetic and evolutionary questions for taxa with complex taxonomic problems. This study addressed the structural evolution and diversification of chloroplast (cp) genomes in *Carex*. The cp genome exhibits frequent structural rearrangements due to its low GC content and abundance of repetitive sequences, making genome assembly particularly challenging. We used the long-read sequencing data generated by the Nanopore sequencing platform to overcome these difficulties, and we successfully assembled the chloroplast genomes of 10 *Carex* taxa representing three subgenera with this data. Synteny block analysis using ProgressiveMauve revealed that the number of evolutionary steps in *Carex* cp genomes is significantly higher than in other angiosperm genera. Significant structural changes at the synteny block level were identified, including inversions (18-50 kb), translocations (12 kb), and indels (3.7 kb), which serve as subgenus-specific synapomorphic characters. The results of this study provide new insights into the evolution of *Carex* by understanding the unique structural changes in the cp genomes, and improve our understanding of the taxonomic complexity of the genus.

# 제3부

## 구두발표

1. 정민경
2. Bushra Munir
3. 조명숙
4. 문현지
5. 김혜린
6. 조아라
7. 진봄비





001

## Development of a web-based interactive identification system for the Korean *Carex*, the largest genus in Northeast Asia

Minkyung Jung<sup>p1</sup>, Yanghoon Cho<sup>2</sup>, Sangtae Kim<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, Sungshin Women's University, Seoul, Rep. of Korea;

<sup>2</sup>Uri Plant Research Institute, Gwangju, Rep. of Korea

*Carex* L. (Cyperaceae) is the largest genus in Northeast Asia, with ca. 220 taxa distributed in Korea. The species of this genus thrive in diverse habitats, stabilizing soil and providing forage and habitats for wildlife. The species of *Carex* are challenging to identify due to morphological similarities and the inconspicuous floral structures. Therefore, accurate identification requires observing multiple characters, including those with a loupe. Traditional dichotomous keys, which sequentially select diagnostic character states, cannot be used for identification if the characters described in the key are not observable. Using the Lucid 4.0 program, we developed a web-based interactive identification system for Korean *Carex* that allows users to prioritize their preferred characters. This system incorporates 37 morphological characters (six quantitative and 31 qualitative with 64 character states) and is supported by illustrations and photos to facilitate easy identification. The system is publicly accessible online, allowing users to quickly and accurately identify species. The system includes illustrations or photographs of the character states of each character to facilitate the identification. It was made available to the public on a website, allowing users to identify species quickly and accurately. This study aims to enhance the usability of *Carex* species as a biological resource and to provide easily accessible taxonomic information for relevant studies.

002

## Comparative embryology of *Pentactina* and its taxonomic implication

Bushra Munir<sup>p1</sup>, Elena Alexandrovna Marchuk<sup>2</sup>, Kweon Heo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Applied Plant Science, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea; <sup>2</sup>Botanical Garden-Institute, FEB RAS, Vladivostok, Russia

*Pentactina* belongs to Rosaceae and it is included in the tribe Spiraeae. The status of *P. rupicola* as a monotypic endemic genus has been the topic of discussion. Recently, *Spiraea schlothaueriae* is known to be *P. schlothaueriae* in Far East Russia thought to be closely related to *P. rupicola* based on petal shape. We conducted a comparative study of the embryological characteristics of *P. rupicola*, *P. schlothaueriae*, and *Spiraea salicifolia*. Two species of *Pentactina* have very similar embryological features. Anther has tetra-sporangia, glandular tapetum, simultaneous cytokinesis, and 2-cells mature pollen as shared characteristics. Also, gynoecium has anatropous, crassinucellate, forming a nucellar cap, unitegmic ovule, and endotestal seed coat type. Compared with *Spiraea*, *S. salicifolia* has 2~6 ovules in a carpel while *Pentactina* has always two ovules in a carpel. These are all common characteristics in *Pentactina*. In addition, petal shape, pollen morphology, and seed surface sculpture are very similar in these two species. The differences between two species of *Pentactina* are only leaf morphology and chromosome number. The leaf shape of *P. schlothaueriae* is very similar to those of *Spiraea*, while *P. rupicola* has lobed leaf shape. Also, *P. rupicola* has  $2n=18$ , while *P. schlothaueriae* has  $2n=36$  in chromosome number. Despite these differences, *P. rupicola* is not supported as an endemic genus status, still, it is supported only as an endemic species of the Korean Peninsula based on embryological and morphological characteristics.



003

Evolution in action: Anagenesis of *Hepatica maxima* and  
*Lonicera insularis* on Ulleung Island

Myong-Suk Cho<sup>P</sup>, Seung-Chul Kim

Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University, Suwon, Korea

Of the two major speciation modes of endemic plants on oceanic islands, cladogenesis and anagenesis, the latter has been considered as the prominent speciation mode of endemic plant lineages on Ulleung Island, Korea. Despite unclear progenitor species, *Hepatica maxima* Nakai and *Lonicera insularis* Nakai endemic to Ulleung Island are also presumed as anagenetically speciated species on the Island. Their taxonomic identities have been recognized primarily by the morphological differences from their congeneric species. However, the genetic diversity and population structure of *H. maxima* and *L. insularis* as well as their phylogenetic relationship to other closely related species have not been investigated thoroughly to infer their origin and evolution. In this study, we conducted population genetic and phylogenetic analyses employing genotyping-by-sequencing (GBS) method based on broad sampling, including 13 populations of *H. maxima* (194 individuals) and 11 populations of *L. insularis* (151 individuals) from Ulleung Island in addition to their congeneric species from the Korean Peninsula, other Korean archipelagos (Jeju-do, Hong-do and Gageo-do) and Russia. The results of phylogenetic reconstruction and population genetic structure analyses based on GBS-derived SNP data revealed the monophyly of both species robustly, although their continental progenitor lineages were not determined concretely. Within Ulleung Island, both species exhibited population genetic structuring and geographical patterns, which was not expected outcome of anagenetic speciation theoretically. Genetic diversity in the populations of *H. maxima* was significantly reduced comparing with its congeneric species, *H. asiatica* and *H. insularis*. On the other hand, the populations of *L. insularis* showed the comparable genetic diversity with the population of *L. maackii* in the Korean Peninsula. This study provides additional insight into broadening our knowledge in the genetic consequence of anagenetic speciation of Ulleung Island plant endemics.

004

**Development of an AI-powered herbarium image pre-identification system  
in Violaceae: focusing on Korean species**

Hyeonji Moon <sup>1</sup>, Su-Jeong Han<sup>2</sup>, Jaesung Lee<sup>2</sup>, Sangtae Kim<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, Sungshin Women's University, Seoul, Rep. of Korea;

<sup>2</sup>Department of Artificial Intelligence, Chung-Ang University, Seoul, Rep. of Korea

A herbarium sheet is a record of temporal, geographical, morphological, and genetic information of a species. In recent years, the major herbaria in the world have rapidly digitized the labels and images of their collections and made them available online. It promotes traditional specimen-based taxonomic, evolutionary, and ecological studies, as well as AI-driven fields of biodiversity loss and climate change. Although accurate species identification is critical to specimen-based botanical research, large herbaria still contain many misidentified specimens that take taxon-specific experts considerable time and effort to re-identify. In recent years, the application of deep learning to species identification in herbarium sheets has been growing, driven by the growth of digital specimen data, improvements in GPU performance, and the development of convolutional neural networks (CNNs) that are adept at image identification. *Viola* (Violaceae), which includes about 40 taxa in Korea, is a representative taxon with a high rate of misidentification due to the high degree of similarity among species and seasonal variation within species. In this study, we applied the ResNet-18 to develop an identification model for specimen images of 36 taxa of *Viola*. As a result, the macro accuracy for all 36 taxa was 0.8651, and the macro F1 score was 0.7703. In the confusion matrix, the accuracy was over 97.9% for the top 29 (80.55%) taxa. The identification model even overcame the influence of intraspecific seasonal variation. In our future research, we will extend the development of the models to other taxa with high rates of misidentification among the Korean tracheophytes.

005

## Taxonomic reassessment of the *Pentactina* based on the molecular characteristics

Hye-Rin Kim<sup>1</sup>, Kweon Heo<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Department of Applied Plant Science, Kangwon National University, Chuncheon, Korea:

<sup>2</sup>Department of Interdisciplinary Program in Smart Agriculture, Kangwon National University, Chuncheon, Korea

Since Nakai's classification, *Pentactina rupicola* has been recognized as a monotypic genus distributed in the Korean Peninsula exclusively. However, with the recent reclassification of *Spiraea schlothaueræ* as *Pentactina schlothaueræ* by a Russian scholar, the question of whether *P. rupicola* represents a monotypic genus has emerged. To verify the taxonomic relationship within the genus *Pentactina* and evaluate its status as an endemic genus, nrDNA ITS and chloroplast whole genome sequences were analyzed. The ITS sequences comprised a total length of 709bp, including the 289bp of ITS1 region, 164bp of the 5.8S rRNA, and the 256bp of ITS2 region. G/C contents was 65.6%. Also, the cpDNA whole genome was confirmed to be 157,108bp. Phylogenetic analyses using maximum parsimony and maximum likelihood were conducted on the tribe Spiraeae with outgroups. The results consistently grouped *P. rupicola* and *P. schlothaueræ* into the same clade. Despite differences in leaf morphology and chromosome numbers, these two species exhibited strong similarities in other morphological characteristics, supporting their close relationship. Consequently, the status of *P. rupicola* as an endemic genus, previously supported by morphological and molecular characteristics, is no longer valid. Instead, only its status as an endemic species on the Korean Peninsula is supported.

006

**Population genetic approach of native vascular species for forest restoration: a case study of *Acer pictum* var. *mono***

AraCho<sup>p</sup>, Tae-Hee Kim, Ye-Rim Cho, Mi Jin Jeong, Hee-Young Gil

Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum, Pocheon, 11186

*Acer pictum* var. *mono* Franch., belonging to the Sapindaceae family, is distributed across Korea and East Asia. It is an important key species for ecological restoration project on the Korean Peninsula. Despite its importance, genomic research on this species has been limited. In this study, we generated a draft genome assembly of *Acer pictum* var. *mono* using PacBio and Illumina sequencing technologies. We generated 167 contigs, resulting in a 598.6 Mb genome with an N50 of 36.3 Mb. BUSCO analysis showed 97.7% completeness for Eudicots. The whole genome assembly consisted of 65.4% repetitive sequences and 32,579 annotated protein-coding genes. Furthermore, we also explored the genetic structure and diversity of individual plants from Korea as well as China. Using 3RAD sequencing of 111 plants and multi-sample genotyping with the assembled genome as a reference, we identified 13,796 high-quality single nucleotide polymorphisms. The results of genetic structure analysis revealed that individuals were divided into two major clusters (Korean and Chinese group). Analysis of molecular variance showed higher variation among populations (57.7%) than within individual plants (40.5%). The genetic diversity analysis revealed that the  $H_e$ ,  $F_{is}$ , and  $\pi$  values ranged from 0.022 to 0.049, -0.009 to 0.019, and 0.030 to 0.054 respectively. The draft genome assembly provides valuable resources for genetic studies of *Acer pictum* var. *mono*, offering valuable insights into the genetic diversity of this species and supporting its role in forest restoration efforts on the Korean peninsula.

007

## Phylogeny and Genetic Diversity of Plants in the Genus *Salix*

Bombi Jin<sup>1</sup>, Hyosig Won<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Department of Humost Bio Corporation, Seoul, Korea;

<sup>2</sup>Department of Biology Education, Daegu University, Gyeongbuk, Korea

This study analyzed the chloroplast and nuclear gene sequences to identify *Salix* species accurately and to elucidate their phylogenetic relationships. Eight chloroplast barcode markers (*trnL* intron, *trnL-trnF* IGS, *psbK-psbI* IGS, *psbA-trnH* IGS, *rpoC1*, *rbcL*, *rpoB*, and *trnK* 5'-*matK* gene-*trnK* 3') and nuclear genes (*xdh*, rITS) were examined to determine the most effective markers for species identification. The results showed that the chloroplast *trnK* 5'-*matK* gene-*trnK* 3' region identified 28 groups among 53 *Salix* taxa, while the nuclear *xdh* gene identified 34 groups, indicating their utility as reliable markers. The highly variable nuclear *xdh* gene and the chloroplast *trnK* 5'-*matK* gene-*trnK* 3' region were analyzed in 245 individuals representing 61 taxa, including 236 individuals from 53 *Salix* taxa, 2 individuals from 1 *Chosenia* taxon, 1 individual from 1 *Toisusu* taxon, and 6 individuals from 6 *Populus* taxa used as outgroups. Phylogenetic analysis revealed that taxa previously classified as *Chosenia* and *Toisusu* were nested within *Salix*, forming a distinct monophyletic clade separate from *Populus*. The nuclear *xdh* gene sequence analysis identified six monophyletic species groups (*triandra* group, *arbutifolia* group, *chaenomeloides*, *siuzevii* group, *babylonica* group, and *rorida*), while the remaining taxa formed a large grade without clear species-level resolution. Similarly, the chloroplast *trnK* 5'-*matK* gene-*trnK* 3' region identified three monophyletic species groups (*triandra* group, *babylonica* group, and *chaenomeloides*), with other taxa forming a large unresolved grade. Haplotype analysis of the chloroplast *trnK* 5'-*matK* gene-*trnK* 3' region revealed 34 haplotypes among 175 individuals from 55 *Salix* taxa. The major haplotype IX was shared by 66 individuals from 25 taxa. Other haplotypes were derived from haplotype IX through 1-3 mutational steps. These results indicate that the low genetic diversity and shared haplotypes within *Salix* grades are likely due to rapid adaptive radiation during the glacial-interglacial periods and frequent hybridization and genetic sweeps. This study provides essential insights into the evolutionary adaptation and phylogenetic relationships of *Salix* species.



# 제4부

## 포스터발표

### [Taxonomy]

P01~P35

### [Floristic Research]

P36~P42

### [Phylogeny & Genetics]

P43~P70







P01

**A review of the *Anemone narcissiflora* complex taxa  
(Ranunculaceae) on the Korean Peninsula**

Jungsim Lee<sup>p</sup>, Min-Ha Kim

Species Diversity Research Division, National Institute of Biological Resources, Incheon  
22689

The taxonomy of *Anemone* section *Omalocarpus* (Ranunculaceae), distributed on the Korean Peninsula in the temperate Northern Hemisphere, is re-evaluated based on data from previous researchers, herbarium records, and morphological analyses of living populations. This review presents concepts explaining taxonomic characters, keys to identifying the complex, morphological comparisons, illustrative figures, and distribution maps. Four species and one variety within the *A. narcissiflora* complex are recognized, and their relationships are discussed. Furthermore, the reorganization of the complex taxa due to the recent frequent migration of *Anemone* species is reported.

국립생물자원관 소장표본 관리(NIBR202502101)

P02

Taxonomic revision of the *Epipactis* Zinn (Orchidaceae; Epidendroideae; Neottieae) on the Korean Peninsula

Jungsim Lee<sup>p</sup>, Min-Ha Kim

Species Diversity Research Division, National Institute of Biological Resources, Incheon  
22689

*Epipactis* Zinn is a genus in the Orchidaceae family, distributed across Europe, Asia, tropical Africa, and North America. In Korea, *Epipactis thunbergii* A.Gray and *E. papillosa* Franch. & Sav. have been reported, but no comprehensive morphological or taxonomic studies have been adequately conducted on them. This study identifies *E. thunbergii* and *E. xanthophaea* Schlechter as distinct species and defines their taxonomic status. It also provides morphological, habitat, and distribution of three species of the genus *Epipactis* in Korea: *E. thunbergii*, *E. papillosa*, and the newly recognized *E. xanthophaea*.

국립생물자원관 소장표본 관리(NIBR202502101)

P03

국립생물자원관 소장 코마로프식물연구소(LE) 기증표본:  
조선 말기 Sontag 여사의 채집물

류세아<sup>1</sup>, 윤종우<sup>2</sup>, 임동욱<sup>3</sup>, 최서연<sup>4</sup>, 김민하<sup>1</sup>

<sup>1</sup>생물종다양성연구과, 국립생물자원관, 인천, 대한민국; <sup>2</sup>바이오생명공학과 성신여자대학교, 서울, 대한민국; <sup>3</sup>생명과학과 중앙대학교, 서울, 대한민국; <sup>4</sup>생명과학과, 아주대학교, 수원, 대한민국

Marier Antoinett Sontag(손탁, 1854-1922) 여사는 1885년 10월 주조선 러시아 제국 공사 Carl Friedrich Theodor von Waeber 부임 시 그의 가족으로 내한하여 1909년까지 조선에 머무르면서 서울 일대의 식물을 채집한 것으로 알려져 있다. 국립생물자원관은 Komarove Botanical Institute(LE)와의 MOU를 통해 한반도 식물표본 300여 점을 기증 받았으며, 표본에 대한 DB화 및 디지털화를 진행 중이다. 그중 Sontag에 의해 채집된 표본 *Carpinus cordata* var. *chinensis*, *Elaeagnus umbellata*, *Thesium chinense* 등 13분류군 43점을 확인하였다. 해당 표본은 Palibin 이 1899년부터 1901년에 출간한 *Conspectus flora Korea*와 Nakai가 1909년과 1911년에 출간한 *Flora of Korea*에 인용되었다. 이는 19세기 후반 한반도 식물분류학 연구에 있어 학술적 증거로서 가치가 있다.

국립생물자원관 소장표본 관리(NIBR202502101)

P04

**Taxonomic approaches of a new record hybrid,  
*Dryopteris x kominatoensis*, in Korea**

Chang Shook Lee<sup>1</sup>, Kanghyup Lee<sup>2</sup>, Kyong-Sook Chung<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Department of Science Education, Ewha Womans University, Seoul, Korea; <sup>2</sup>Korea National Arboretum, Pocheon; <sup>3</sup>Department of Medicinal Plant Science, Jungwon University, Goesan, Korea

The genus *Dryopteris* Adans. (Dryopteridaceae), known as wood fern, contains 225 to 300 species that are widely distributed in the temperate Northern Hemisphere, has the highest species diversity in eastern Asia, and is one of the largest genera in Dryopteridaceae. The base chromosome number of *Dryopteris* is  $n=41$ , but polyploidy is common, and *Dryopteris* is considered extremely prone to hybridization. The potential roles of reticulate evolution and polyploidy in the genus have long been recognized. In Korea, hybrids of *Dryopteris* have been unknown so far. However, we have recently found one new hybrid, *D. x kominatoensis* of the genus *Dryopteris*, in Pocheon, Korea, and it was firstly found in Japan. However, this hybrid was firstly reported as a hybrid between *D. tokyoensis* and *D. uniformis*. Recently this hybrid has been dealt as a hybrid between *D. monticola* and *D. tokyoensis*. In order to clarify the taxonomic position and parental species of *D. x kominatoensis* found in Korea, we analyzed the morphological characters. Moreover, cpDNA (*rbcL* and *psbA-trnH*) and nuclear DNA (*pgiC* and *AK1*) of related species to reveal the species evolutionary relationship. The data demonstrated that *D. x kominatoensis* is of hybrid origin between *D. monticola* and *D. tokyonensis* based on morphological and molecular analysis. We found that in cpDNA *rbcL* and *psbA-trnH* regions, *D. monticola* contributed as a maternal parent and in nuclear DNA, *pgiC* and *AK1* regions, *D. tokyonensis* as a paternal parent. We urge more detailed study on *Dryopteris* species to assess important role of hybridization in the evolution of the genus.

P05

## A palynological study of *Prunus* (Rosaceae) in Korea

Yujin Jeon<sup>P</sup>, Jun-Ho Song

Department of Biology, Chungbuk National University, Cheongju 28644, Korea

A comparative micromorphological study of the pollen and orbicule in genus *Prunus* (subgenus *Cerasus*: 9 species, 1 variety, 1 forma; subgenus *Padus*: 2 species; subgenus *Prunus*: 5 species, 3 varieties) was conducted to explore their taxonomic implications using scanning electron microscope. Korean *Prunus* pollen grains were monad, their size ranging from small to medium [polar axis (P) = 16.6–32.1  $\mu\text{m}$ , equatorial diameter (E) = 17.4–41.6  $\mu\text{m}$ ], and their shapes were oblate to prolate-spherical (P/E = 0.70–1.03). The pollen polarity was isopolar and pollen type was tri-colporate. Sexine ornamentations were four types: striate-psilate, striate-macroperforate, striate-microperforate, and rugulate. Especially, the rugulate type was observed only in *P. choreiana*. Orbicules were observed in high density for all taxa of subgenus *Padus*. Orbicule shapes were classified as three types: walnut-shaped, doughnut-shaped, and irregular. The irregular shape was only observed in *P. davidiana*. Some characteristics can serve as diagnostic features to distinguish species. However, most palynological characteristics did not reflect evolutionary trends and remained inconsistent at generic or subgeneric levels. Nevertheless, these characteristics will help to reconstruct systematic relationships at the higher rank in Rosaceae in future works.

\* 본 연구는 국립생물자원관이 주관한 「2024년 대학생 생물분류 연구논문 공모전」에서 특별상으로 선정된 논문을 토대로 수정·보완한 포스터이며, 일부 정부(과학기술정보통신부)의 재원으로 한국연구재단의 지원을 받아 수행된 연구임(Grant No. RS-2023-00208589).

P06

**Application of pollen, spores, and further non-pollen palynomorphs  
analysis to the Paleoecology in Ulleungdo**

Heewon Ji<sup>1</sup>, Yeonchan Kang<sup>1</sup>, Yujin Jeon<sup>1</sup>, Ahhyeon Eum<sup>1</sup>, Chae Eun Lim<sup>2</sup>, Jun-Ho Song<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, Chungbuk National University, Cheongju 28644, Korea;

<sup>2</sup>National Institute of Biological Resources, Incheon 22689, Korea

The Nari Basin on Ulleung Island, South Korea, serves as a unique site for studying well-preserved palynomorphs, including pollen and spores, as well as non-pollen palynomorphs such as freshwater algae, dinoflagellate cysts, fungal spores, and phytoliths found in sediment samples. This study is the first to present photographic images of identifiable fern spores and pollen from gymnosperm and angiosperm taxa found in the sediment samples. Additionally, non-pollen palynomorphs observed in the pollen slides are documented, including remains of freshwater algae, dinoflagellate cysts, fungal spores, phytoliths, and fragments of plant tissue. A more accurate and detailed list of species is being reconstructed by comparing the results of environmental DNA analysis with those of traditional sediment pollen analysis. This study provides an overview of the preservation quality and diversity of palynomorphs and non-pollen palynomorphs found in the sediments of the Nari Basin on Ulleung Island. Furthermore, it serves as a practical and comprehensive guide for palynological investigations aimed at reconstructing past vegetation, environmental changes, and climate dynamics.

\* This work was supported by the National Institute of Biological Resources (NIBR) [No. NIBR202427202].

P07

Leaf epidermal micromorphology of the Korean *Angelica* (Apiaceae)  
using microscopic analysis

Heewon Ji<sup>P</sup>, Jun-Ho Song

Department of Biology, Chungbuk National University, Cheongju 28644, Korea

The genus *Angelica* L. (Apiaceae, Umbelliferae) is mainly distributed in the northern hemisphere and includes approximately 110 species. Plants of the genus *Angelica* are medicinal herbs widely used in traditional or modern alternative medicine. Although various molecular phylogenetic studies on this genus have been conducted, leaf micromorphology has not yet been fully investigated. Thus, we analyzed the leaf micromorphological characteristics of the 16 Korean *Angelica* taxa using light microscopy (LM) and scanning electron microscopy (SEM). The leaf epidermal characteristics varied with the morphology of, stomatal complexes, epidermal cells, and trichomes. The leaves were either hypostomatic or amphistomatic, but the former was more frequent. Anomocytic stomata occurred most commonly, but paracytic stomata were also found in certain taxa. Epidermal cells were mainly irregular, with straight to curved, undulate or sinuate anticlinal walls and convex or flat periclinal walls. Qualitative characteristics (e.g., stomatal complex types and distributions of trichomes) may have taxonomic significance. These leaf epidermal features are valuable for species identification and taxonomic information of this genus.

\* This work was supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) grant funded by the Korea government (MSIT) (RS-2023-00208589).

P08

**Sexual dimorphism of heterostyly in  
*Forsythia koreana* (Rehder) Nakai (Oleaceae)**

Ah hyeon Eum<sup>P</sup>, Jun-Ho Song

Department of Biology, Chungbuk National University, Cheongju 28644, Korea

*Forsythia koreana* (Rehder) Nakai, a heterostylous species, is a perennial shrub belonging to the Oleaceae. This study was conducted to confirm sexual dimorphism between two morphs (pin and thrum) of *F. koreana*. Floral structures, pollen size, pollen viability, and micromorphology of sepals, petals, and leaf epidermal cells were analyzed using stereo microscopy (SM), light microscopy (LM), and scanning electron microscopy (SEM). The results showed that thrum flowers have significantly larger sepal width, corolla tube length, stigma width, and stamen length than pin flowers, with particularly large pollen size. However, pin flowers have larger style and stigma length than thrum flowers. Moreover, thrum flowers have significantly higher pollen viability than pin flowers, which suggests they play an important role in male function than pin flowers. Sepals showed no significant differences between the two morphs. Epidermal cells from the inner petals of pin flowers were isometric rectangles, and the anticlinal wall was undulate. In contrast, the epidermal cells of thrum flowers were irregular, and the anticlinal wall was straight and curved. Leaf epidermal cells on both surfaces showed no significant differences between two morphs. Simple unicellular trichomes were only observed in the leaf's adaxial surface of pin flowers. This study presents sexual dimorphism and heterostyly in *F. koreana* and may provide valuable data for understanding the diverse sexual systems within Oleaceae and their evolutionary tendency.

\* This work was supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) grant funded by the Korea government (MSIT) (RS-2023-00208589).



P09

## 국내 분개구리밥속 식물의 엽록체 유전체 변이

박진희<sup>1</sup>, 구현조<sup>2</sup>, 김창균<sup>3</sup>, 유정남<sup>1</sup>

<sup>1</sup>국립낙동강생물자원관 다양성보전연구실 동식물연구부, 상주 37242; <sup>2</sup>서울대학교  
농생명과학공동기기원(NICEM) 생물공학기기실(유전체분석센터), 서울 08826; <sup>3</sup>국립호남권생물자원관  
도서생물자원연구실, 목포 58762

개구리밥과(Lemnaceae)에 속하는 분개구리밥속(Genus *Wolffia* Horkel ex Schleid.) 식물은 뿌리가 없고 크기가 1mm 이하인 사발모양의 엽상체로, 전 세계 피자식물 중 가장 작고 단순한 부유성 수생식물로 알려져 있다. 이 속의 식물들은 주로 출아와 비슷한 무성생식적 이분법을 통해 빠르게 증식하며, 전 세계적으로 약 11종이 분포한다. 그 동안 우리나라에서 분개구리밥속 식물은 분개구리밥(*Wolffia arrhiza* (L.) Horkel ex Schleid.) 1종으로 알려졌으나, 최근에는 남개구리밥(*Wolffia globosa* (Roxb.) Hartog & Plas)이 새롭게 보고되었다. 본 연구에서는 한국산 분개구리밥속 식물의 종들의 실체를 밝히고자 국내 4개 지역에서 채집된 분개구리밥 또는 남개구리밥 추정되는 개체들을 대상으로 엽록체 유전체 및 *atpF*-H 구간의 염기서열을 분석하였다. 제주도, 전라남도, 경상남도, 경상북도의 4개 지역 중 제주도를 제외한 한반도 내 3개 지역 개체의 엽록체 유전체는 길이 169,450bp였고 염기서열이 서로 동일하였으며, 제주도 지역 개체의 엽록체 유전체는 한반도 내 상기 3개체들보다 8 bp가 적은 169,442 bp로 유전체 길이에서 차이가 있는 것으로 나타났다. 일본산 남개구리밥 개체(NC\_048463.1) 및 분개구리밥(NC\_072708)을 포함하여 엽록체 유전체 계통분석(Maximum likelihood) 결과 국내 4개체는 일본산 남개구리밥과 같은 그룹을 형성하였다. 또한, 개구리밥과 내 분류군 간 계통유연관계 연구에서 유용한 구간으로 알려진 *atpF*-H 구간을 이용하여 상기 국내 4개 지역집단의 각 집단 내 1개체씩 추가로 *atpF*-H구간의 염기서열을 분석한 결과 지역 내 개체들 간에는 염기서열 차이가 없었으며, 모두 일본 분개구리밥과 같은 그룹을 형성하였다. 향후 한반도내 분개구리밥속의 식물의 분포를 면밀히 조사하고 분석 집단을 추가하여 연구를 수행하는 것이 필요하다고 생각된다.

P10

**Taxonomic implication of petal micromorphology  
in genus *Medicago* L. (Fabaceae) in Korea**

Yeonchan Kang<sup>p</sup>, Jun-Ho Song

Department of Biology, Chungbuk National University, Cheongju 28644, Korea

The genus *Medicago* L., a member of the family Fabaceae Lindl. (=Leguminosae Juss.), comprises 85 species distributed worldwide, with 5 species in Korea. A comparative petal micromorphological study of the genus *Medicago* has not been conducted yet. Thus, this study aimed to analyze and describe the characteristics of the petal epidermal cells, such as cell shapes, undulation of anticlinal walls, and epicuticular folding to refine taxonomic identification and delimitate species. All eleven cell types were identified, with the most dominant type being tabular, flat, elongated rectangular cells. Papillose conical cells were observed in the distal part of wings (lateral petals) and banners (standard, dorsal petals). Papillose knobby cells were observed only on the outer side of banners of *M. lupulina* and *M. minima*. Parallel striae were common traits for cuticular folding. Conical-shaped cells were observed commonly with radiating striae, but only *M. lupulina* were observed with parallel striae. Perpendicular ridges were observed only in *M. polymorpha*, while smooth surfaces were only found in *M. sativa*. Two types of cellular patterns on keels (ventral petals) were observed in *M. ruthenica* from each population. These results provide insight for future taxonomic works on Fabaceae.

\* This work was supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) grant funded by the Korea government (MSIT) (RS-2023-00208589).

P11

**Comparative leaf micromorphological analysis  
under different salinity conditions in selected *Chenopodium* species**

Jimin Lee<sup>P</sup>, Gihong Lee, Hayoung Lee, Jun-Ho Song

Department of Biology, Chungbuk National University, Cheongju 28644, Korea

*Chenopodium* is distributed worldwide from coastal to land and includes approximately 250 species, eleven of which have been reported in Korea. It includes a diverse plants adapted to various environmental conditions, such as hydrophytes, epiphytes, halophytes, and glycophytes. Halophytes (salt-tolerant) are plants that can survive and complete their life cycle in high-salt environments, whereas glycophytes (non-salt-tolerant) are plants that can complete their life cycle in low-salt environments. This study analyzed leaf micromorphological characteristics to understand the adaptive strategies of plants of the same species to cope with varying saline conditions. We used a scanning electron microscope to conduct a leaf micromorphology from *C. album* L. var. *album*, *C. ambrosioides* L., and *C. ficifolium* Sm. As a results, stomatal frequency on the abaxial leaves of the *C. ficifolium* was significantly higher in halophytic types (average 43.4 in halophytes; 25.6 in glycophytes,  $P < 0.01$ ). The frequency of epidermis bladder cells on the abaxial leaves of *C. album* var. *album* and *C. ficifolium* were significantly higher in halophytic types. In contrast, two types of *C. ambrosioides* were all abundant. The size of leaves, shape of anticlinal and periclinal walls, and epicuticular waxes were not significantly different in both environments. These results suggest that the same species can exhibit different traits depending on its habitat, and that provides essential data and can contribute to future micromorphological studies on environmental variations.

\* 본 연구는 국립생물자원관이 주관한 「2024년 대학생 생물분류 연구논문 공모전」에서 우수상으로 선정된 논문을 토대로 수정·보완한 포스터이며, 일부 정부(과학기술정보통신부)의 재원으로 한국연구재단의 지원을 받아 수행된 연구임(Grant No. RS-2023-00208589).

P12

**Taxonomic revision of Korean *Salix* section *Subviminales* based on comparative morphology, plastome, and *Xdh* analysis**

Young Moon Kim<sup>P1</sup>, Shukherdorj Baasanmunkh<sup>1</sup>, Nudkhuu Nyamgerel<sup>1</sup>, Won Seok Lee<sup>1</sup>, Dong Chan Son<sup>2</sup>, In Kyu Park<sup>1</sup>, Hyo Sig Won<sup>3</sup>, Gyu Young Chung<sup>4</sup>, Hyeok Jae Choi<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology and Microbiology, Changwon National University, Changwon 51140, South Korea; <sup>2</sup>Division of Forest Biodiversity and Herbarium, Korea National Arboretum, Pocheon 11186, South Korea; <sup>3</sup>Department of Biological Science and Institute of Natural Sciences, Daegu University, Gyeongsan, 38453, South Korea; <sup>4</sup>Department of Forest Science, Andong National University, Andong 36729, Korea

Three species of *Salix* belonging to the section *Subviminales* are distributed throughout East Asia. In the present study, we revised three species, *S. gracilistyla*, *S. graciliglans*, and *S. blinii*, in Korea based on plastome, nuclear Xanthine dehydrogenase (*Xdh*) gene, and extensive morphological analyses. Based on our results, we identified the morphological characteristics of *S. blinii* endemic to Korea, which are well distinguished from both *S. gracilistyla* and *S. graciliglans*. Most of the morphological characteristics of *S. gracilistyla* and *S. graciliglans* overlapped. Next, we sequenced the plastomes of the three species, finding chloroplast genomes of 155,513 to 156,612 bp with 112 unique genes; *rps16*, *rpl32*, and *ycf68* were lost. They had a conserved genome structure within *Salix* genus. In addition, the inverted repeat of the three *Salix* species expanded to partially include the *rpL22* in three *Salix* plastomes. When comparing the genic and intergenic regions, *psaC-ndhE* and *trnT-atpA* regions were highly variable within the three plastomes. Based on the plastome phylogenetic tree, the three *Salix* species shared a recent common ancestor and formed into a monophyletic group. *S. blinii* was isolated from *S. gracilistyla* and *S. graciliglans*. Furthermore, we performed an *Xdh* gene analysis on our target section with two related sections, *Vetrix* and *Helix*, in the subgenus *Vetrix*, revealing the utility of the gene for sectional, but not species-level, differentiation. Finally, based on our results, we conclude that *S. blinii* is taxonomically distinct owing to its smaller quantitative characteristics, whereas *S. graciliglans* is treated as an additional synonym for *S. gracilistyla*. This study provides valuable information for future research on *Salix* and contributes to a better understanding of the genus.

\*This study was supported by the Korea National Arboretum (Grant No. KNA1-1-18-15-3) and Korea Basic Science Institute (National Research Facilities and Equipment Center) granted by the Ministry of Education (Grant No. 2023R1A6C101B022).

P13

### 방동사니속(*Cyperus* L.) *Micheliani* 아속에 대한 형태학적 연구와 데이터 분석 기법(PCA, MCA, LDA)을 활용한 주요형질식별

김태훈<sup>1</sup>, 이정훈<sup>2</sup>, 정의권<sup>1</sup>, 송수연<sup>1</sup>, 김승휘<sup>1</sup>, 이헌찬<sup>1</sup>, 김영동<sup>1</sup>

<sup>1</sup>한림대학교 자연과학대학 생명과학과, 춘천; <sup>2</sup>온생물자원연구소, 춘천

본 연구는 사초과 방동사니속(*Cyperus* L., Cyperaceae)의 C4 분계군에서 분류체계 재검토 필요성이 제기된 분류군 중 Subg. *Micheliani*를 대상으로 분자 및 형태 자료를 이용한 유연관계 분석 및 분류군 식별 연구를 수행하였다. ETS1f, *trnH-psbA*, *rpl32-trnL* 마커를 이용하여 *C. michelianus*, 애기방동사니(*C. pygmaeus*), 푸른방동사니(*C. nipponicus*), 흰방동사니(*C. pacificus*), *C. nipponicus* var. *spiralis*, *C. pacificus* var. *margoinflatus* 및 미동정 분류군 등을 포함하는 계통수 연구를 통해 대상 분류군의 단계통성 및 유연관계를 파악했다. 그 결과 일부 분류군의 경우 이용한 마커의 낮은 변이로 인해 유연관계의 지지도가 충분하지 않은 것을 확인했다. 따라서 이들 분류군을 대상으로 형태학적 연구와 더불어 데이터 분석 기법을 반복적 및 단계적으로 수행하여 분류군 식별에 중요한 형질들을 확보하였다. 대상분류군들은 subgenus *Micheliani*의 기재문에 제시된 형질을 가지며, 화수 내 나선형 인편을 가진 소수의 존재와 소수의 형태 등에서도 공통된 형질을 지니는 것으로 확인되었다. 본 연구에서 새롭게 국내에서 발견된 *Cyperus* sp.의 경우, 소수가 2열로 배열되며, 나선형 인편이 국부적으로 나타나고, 화수 내 비틀리는 소수가 존재하며, 까락이 유연성이 있고, 수과에 부속체가 아주 얇게 나타나는 점에서 다른 분류군들과 구분되었다. 데이터 분석에서는 양적 및 질적 형질을 각 PCA(주성분 분석)와 MCA(다중 대응 분석)를 활용하였고, 형질 간 2~5개의 조합을 생성하여 이를 축으로 설정한 뒤 모든 조합에서 분류군 간 구분 결과를 시각화하여 확인하였다. 형질들은 LDA(선형 판별 분석)로 재평가되었으며, 인편의 너비, 인편 까락의 길이, 수과의 너비, 수과 부속체의 너비와 화서의 배열, 소수의 비틀림 유무, 인편 배열의 양상, 인편 까락의 특성이 선별되었다. 선별 형질들을 통합하여 최종 LDA를 수행한 결과, 분류군들이 명확히 구분됨을 확인하였다. 본 연구는 반복적 및 단계적인 데이터 분석이 근연관계에 있는 분류군을 식별하는 주요형질을 선정하는 데에 효과적인 방법이 될 수 있음을 보여주었다. 향후 해상력이 높은 구간을 이용한 분자계통학적 분석과 국내 *Cyperus* sp.에 대한 면밀한 분류학적 검토 등 추가적인 연구가 필요할 것으로 판단된다.

P14

Comparative micromorphological study of androecium in four  
*Zanthoxylum* species from Korea

Tae-Soo Jang<sup>P1</sup>, Jangseung Rhu<sup>1</sup>, Suk-Pyo Hong<sup>2</sup>, Marco F. Duretto<sup>3</sup>, Bokyung Choi<sup>1\*</sup>

\*Correspondence to be sent to: cbokyung@cnu.ac.kr

<sup>1</sup>Department of Biological Sciences, Chungnam National University, Daejeon, Korea;

<sup>2</sup>Department of Biology, Kyung Hee University, Seoul, Korea; <sup>3</sup>National Herbarium of New South Wales, Botanic Gardens of Sydney, Mount Annan, Australia

*Zanthoxylum* L. is a mostly dioecious member of the plant subfamily Zanthoxyloideae of the Rutaceae. Micromorphological features of reproductive organs have been used to improve our understanding of taxonomic significance in plants. A comprehensive micromorphological study of the androecium organs of four Korean *Zanthoxylum* species was undertaken to determine whether comparisons between them provide systematically informative characters. The anther wall ornamentation of the adaxial side was uniformly rectangular in shape with a striated surface in all *Zanthoxylum* species studied. Guard cells of the stamens were only observed on the abaxial surface of *Z. piperitum*. The exine ornamentation of the pollen grains is clearly distinguishable in the species studied, reticulate or striate with a macroperforated surface. In all taxa, the orbicules were irregularly shaped with a psilate, and a thin thread-like structure between the orbicules was observed only in *Z. coreanum*. Stamen micromorphological characters such as anther wall ornamentation, pollen exine sculpturing, and orbicule characteristics described in this study provide valuable information for developing further taxonomic context in *Zanthoxylum* species.

This work was supported by an NRF grant funded by the Korean Government (MSIT: Ministry of Science, Information, Communication and Technology) (No. 2022R1C1C2011241) to B. Choi.

P15

### Cytogenetical and cytotaxonomical analysis of six *Calanthe* species from Korea

Se In Jeong<sup>1</sup>, Hyeonjin Kim<sup>1</sup>, Daeun Jung<sup>1</sup>, Bokyoung Choi<sup>1</sup>, Daehoon Choi<sup>2</sup>, Jin-Won Kim<sup>2</sup>,  
Soonku So<sup>2</sup>, Hyeon-Ho Myeong<sup>2\*</sup>, Tae-Soo Jang<sup>1\*</sup>

\*Correspondence to be sent to: [ecomyung@knps.or.kr](mailto:ecomyung@knps.or.kr), [jangts@cnu.ac.kr](mailto:jangts@cnu.ac.kr)

<sup>1</sup>Department of Biological Sciences, Chungnam National University, Daejeon, Korea;

<sup>2</sup>Korea National Park Research Institute, Wonju, Korea

Changes in chromosome number and genome size due to hybridization and polyploidization play an important role in plant diversification. Although cytological variation is relatively common in angiosperms, detailed karyological studies to better understand evolutionary relationships have been limited to a few plant groups. The genus *Calanthe*, with about 150 species, is widely distributed in tropical and subtropical Asia. Mixed-ploidy variations, including odd-ploidy levels within the same species, are important in evolution because they allow backcrossing with their parental cytotypes, thus ultimately leading to speciation. To infer the cytological evolutionary mechanism of the genus, we analyzed chromosome number and karyotypes obtained by classical Feulgen staining, and measured genome size by flow cytometry. In the present study, we document the occurrence of diploids ( $2n = 40$ ) and triploids ( $2n = 60$ ) among the *Calanthe* species studied in Korea for the first time. The DNA 1C value was relatively high in all species studied, ranging from 8.39 pg/1C in *C. discolor* ( $2x$ ) to 14.14 pg in *C. sieboldii* ( $3x$ ), further supporting the evolution of variable genome sizes in the genus *Calanthe*. The comprehensive cytological results provide a framework for detailed molecular cytogenetic and phylogenomic analyses, thereby enhancing our understanding of species diversification in Korean *Calanthe* species.

This work was supported by grants from the Korea National Park Research Institute (NPRI 2024-19).

P16

한국산 개미취속(*Aster L. sensu lato*) 수과의 형태학적 연구

김재영<sup>1</sup>, 정규영<sup>2</sup>

<sup>1</sup>국립산림품종관리센터 품종심사과, 충주; <sup>2</sup>안동대학교 산림과학과, 안동

개미취속(*Aster L. sensu lato*)은 국화과(Asteraceae Bercht. & J. Presl) 내에서 큰 속 중 하나이며, 전 세계에 약 250~1,000종이 유라시아와 남미 사이 주로 북반구에 분포하며, 한국산 개미취속은 국내에 23분류군이 있는 것으로 알려져 있다. 현재 한국산 개미취속에 대한 형태학적 연구는 잎, 화탁, 두상화서의 형태, 수과 및 관모 등이 수행되었으나, 최근 분포가 확인되거나 추가된 분류군들이 다루어진 바 없어 한국산 개미취속에 대한 종합적인 연구가 부족한 실정이다. 따라서 본 연구는 국내에서 채집된 개미취속 23분류군에 대한 수과의 미세구조 및 외부형태를 확인하여 분류학적 유용성을 파악하였다. 그 결과, 절을 구분하는 형질로는 수과의 형태, 통상화 수과의 압축 정도, 표면세포에 중앙부의 융기된 돌기의 유무, 설상화와 통상화 관모의 유형, 개화기 후 관모 신장의 유무가 일부 절을 구분하는데 유용한 것으로 파악되었다. 특히 이번 연구에서 수과의 표면 세포에서 중앙부 융기된 돌기 유무는 *pseudocalimeris* 절을 식별하는 매우 유용한 형질로 확인되었으며, 표면 세포에서 중앙부 융기된 돌기가 있는 분류군으로 섬갯쭉부쟁이, 돌해국, 단양쭉부쟁이, 눈갯쭉부쟁이, 갯쭉부쟁이, 긴쭉부쟁이, 왕갯쭉부쟁이, 개쭉부쟁이로 관찰되었다. 추가적으로 통상화 수과의 표면의 모용 등 종을 구분하는데 유용한 형질로 나타났다. 본 연구결과는 한국산 개미취속의 절 및 종을 구분하는데 기초 연구 자료로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.



P17

## Mechanism of Structural Changes in the Complete Plastome of the Genus *Wikstroemia* (Thymelaeaceae) Through Expansion of the IR Region

Yoon-Su Kim<sup>P</sup>, Sangjin Jo, Jin-Hyub Paik, Sangho Choi

International Biological Material Research Center (IBMRC), Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), Daejeon 34141, Republic of Korea

The genus *Wikstroemia* (Thymelaeaceae) is widely distributed across Asia, Australia, and Hawaii and is renowned for its medicinal significance. In this study, the plastomes of two species, *W. ganpi* and *W. trichotoma*, were sequenced and assembled for comparative genomic analysis. The plastome sizes were 173,606 bp (*W. ganpi*) and 174,125 bp (*W. trichotoma*). Both displaying a typical quadripartite structure comprising a large single-copy (LSC) region, a small single-copy (SSC) region, and a pair of inverted repeat (IR) regions. Notably, the SSC region was shortened due to IR expansion. The two plastomes exhibited high similarity, each containing 113 predicted genes, comprising 79 protein-coding genes, 30 tRNA genes, and 4 rRNA genes. Both plastomes shared an identical overall GC content of 36.6%. Phylogenetic analysis placed these species within the *Wikstroemia* clade, which also includes the monotypic *Stellera chamaejasme*, consistent with previous studies. This research provides insights into the structural dynamics and evolutionary mechanisms of plastid genomes in *Wikstroemia*.

P18

## 한반도 자생식물 이름의 기준 “국가표준식물목록”

장주은<sup>P</sup>, 손동찬<sup>\*</sup>

국립수목원 산림생물다양성연구과, 포천

식물의 이름은 식물에 대한 정보 소통의 가장 기본적인 요소이다. 특히 학명은 분류학적·명명학적 연구 결과, 그리고 학자의 인식에 따라 상이할 수 있어 국가 차원의 통일되고 표준화된 목록 구축은 체계적인 식물자원 관리를 위한 필수적 기반이 된다. 이에 따라 산림청 국립수목원은 「수목원·정원의 조성 및 진흥에 관한 법률」에 근거하여 한국식물분류학회, 한국산림과학회 등 학계 및 유관기관 전문가로 구성된 국가수목유전자원목록심의회를 통해 한반도 식물종에 대한 명칭을 체계적으로 작성·관리하고 있다. 2024년 12월 기준, 국가표준식물목록시스템에 구축된 학명은 총 19,124개로 합법명 17,771개, 비합법명 639개(나명 122개 포함), 서명 452개, 동명 232개, 오적용 30개로 세분된다. 한반도에 분포하는 자생식물은 187과 952속 3,962분류군이며, 초본 3,222분류군, 목본 740분류군이다. 이중 남한분포종은 3,237분류군, 북한분포종은 2,453분류군, 남북 모두에 분포하는 종은 1,728분류군이며, 특산식물은 386분류군으로 집계된다. 한편 24년에 새로 추가된 분류군은 자옥취, 검은족제비고사리, 섬일엽초, 제주사약채, 갯꼬리풀, 섬팽이눈, 제주붕어마름 등 15분류군이다.

P19

모시대(*A. remotiflora*)와 도라지모시대(*A. grandiflora*)의 분포, 계통유전체학적  
및 형태학적 연구

김혜빈<sup>1</sup>, 김한결<sup>1</sup>, 김정민<sup>1</sup>, 손성원<sup>2</sup>, 박성준<sup>3</sup>

<sup>1</sup>국립수목원 산림생물보전연구과, 포천; <sup>2</sup>국립수목원 연구기획운영과, 포천;

<sup>3</sup>영남대학교 기초과학연구소, 경산

잔대속(*Adenophora* Fisch.) 모시대절(sect. *Remotiflorae*)은 넓은 난형의 잎이 호생하고 경엽에 뚜렷한 엽병이 있는 특징으로 다른 절과 구분되며, 국내에는 모시대(*A. remotiflora*), 도라지모시대(*A. grandiflora*) 및 선모시대(*A. erecta*) 등 3종만이 분포한다. 도라지모시대는 Nakai(1909)에 의해 4cm 이상의 큰 화관을 특징으로 새롭게 발표된 분류군이지만, 모시대와의 혼생 및 외부형태의 연속적 변이에 대한 지적이 지속되면서 두 종의 통합 및 구분에 대해 학자 간 의견이 현재까지도 상이하다. 따라서 본 연구에서는 두 종을 대상으로 국내 분포 특성, 계통유전체학적 및 외부형태학적 연구를 수행하여 종간 경계를 밝히고자 한다. 한국 관속식물 분포도와 본 연구에서 추가 확인한 자생지를 종합한 결과, 모시대의 경우 전국 분포했고 도라지모시대의 경우 백두대간 유역을 따라 분포했다. 두 종간 분포 특성 가운데 해발고도는 통계적으로 차이를 보였으며, 모시대에 비해 도라지모시대의 해발고도가 상대적으로 높고 분포 영역이 넓게 나타났다. 유전체 계통분석 결과, 두 종이 각각 서로 다른 단일계통군(monophyletic group)임을 지지했고, UPGMA와 PCA 분석에서도 구분되었다. 총 91개체(모시대 47개체, 도라지모시대 44개체)에서 측정된 12개의 형질은 모두 통계적으로 유의미한 차이를 보였다. 특히, 꽃이 성숙한 시기에 암술대의 돌출 길이 여부는 두 종을 구분할 수 있는 핵심 형질인 것으로 판단되었다. 분류학적으로 명확히 구분되지 않았던 두 종에 대해, 본 연구에서는 지리적 분포, 형태학적 특징 및 유전체학적 분석 결과 모두 뚜렷한 차이를 확인하였다.

사사: 본 연구는 국립수목원 연구개발사업(KNA1-2-32-18-3)의 지원에 의해 이루어진 것임.

P20

### 모시물통이 및 큰물통이의 분류학적 재검토

김현진<sup>1</sup>, 최주영<sup>2,3</sup>, 변혜주<sup>4</sup>, 최보경<sup>1</sup>, 김윤영<sup>2</sup>, 조원범<sup>2</sup>, 김태훈<sup>2</sup>, 장창기<sup>3</sup>, 장태수<sup>1</sup>

<sup>1</sup>충남대학교 생명시스템과학대학 생물과학과, 대전; <sup>2</sup>국립산림품종관리센터 품종심사과, 충주;

<sup>3</sup>공주대학교 생물교육학과, 공주; <sup>4</sup>한남대학교 생명·나노과학대학 생명시스템과학과, 대전

쐐기풀과(Urticaceae)에 속하는 물통이속(*Pilea*)은 전세계에 700여종이 분포하며, 다양한 생육환경에 따른 형태적 변이로 인해 종 동정이 매우 어려운 분류군으로 알려져 있다. 물통이속 중의 국내 자생종인 모시물통이와 큰물통이는 영양형질 및 생식형질의 다수 중첩된 외부형태학적 형질에 의해 혼하게 오동정되고 있다. 따라서 본 연구에서는 원기재문과 기준표본을 바탕으로 모시물통이와 큰물통이의 실체를 파악하고 형태학적, 분자유전학적 연구를 통하여 이들의 학명에 대해 재검토하고자 하였다. 연구결과, 모시물통이와 큰물통이는 수술 길이, 암꽃 꽃받침 형태 및 크기, 수과 산포시기에 발달하는 부속체의 형태에 의해 뚜렷하게 구별되었으며, nrDNA의 ITS구간 염기서열 분석 결과도 독립된 종임을 지지하였다. 또한, 국내 모시물통이 자생 집단 관찰 결과, 수화서가 암화서보다 먼저 발달하는 특징이 공통적으로 나타나는 것을 감안할 때, *P. mongolica*의 기준표본에서는 화서 발달 초기, *P. viridissima*의 기준표본에서는 결실기의 전형적인 모습을 관찰할 수 있었다. 한편, 캐나다 및 미국 동북부에 분포하는 것으로 파악되는 *P. pumila* (= *Urtica pumila*)는 수술의 수, 수과 선단부의 형태 등에 의해 한국, 일본, 중국 등에 분포하는 모시물통이와는 다른 독립된 분류군으로 추정된다. 따라서, 모시물통이는 *P. mongolica*, 큰물통이는 *P. hamao*가 정명으로 취급되는 것이 타당하다고 판단된다.

사사: 본 성과는 산림청 국립산림품종관리센터의 “특성조사요령 제정 위탁사업”의 지원으로 수행된 연구임.

P21

한반도 미기록종 고깔물통이(*Pilea pauciflora* C. J. Chen)의 보고최주영<sup>1,2</sup>, 김현진<sup>3</sup>, 김윤영<sup>2</sup>, 남명자<sup>4</sup>, 장태수<sup>3</sup>, 장창기<sup>1</sup>, 소순구<sup>5</sup><sup>1</sup>공주대학교 생물교육학과, 공주; <sup>2</sup>국립산림품종관리센터 품종심사과, 충주;<sup>3</sup>충남대학교 생물학과, 대전; <sup>4</sup>아고산식물연구회, 안동; <sup>5</sup>국립공원연구원 연구기획부, 원주

물통이속(*Pilea*)은 쐐기풀과(Urticaceae)에 속하는 식물군으로(Stevens, 2017), 전 세계에 약 700 종이 분포하는 것으로 알려져 있다(Monro et al. 2012; Fu et al., 2017; Cabral et al., 2020). 한국에는 강계큰물통이(*P. oligantha*), 모시물통이(*P. mongolica*), 물통이(*P. peploides*), 산물통이(*P. japonica*), 작은잎물통이(*P. microphylla*), 제주큰물통이(*P. taquetii*), 큰물통이(*Pilea hamaoi*), 총 7종이 분포하는 것으로 알려져 있으나(Hong et al., 2021), 분류군의 동정을 위한 진단형질이 모호하며 분류학적 처리 또한 불명확한 실정이다. 이러한 문제를 해결하기 위해 연구를 진행하던 중, 현재까지 기록되지 않은 분류군을 강원도 태백시 금대봉 일대에서 발견하여 미기록종으로 발표하고자 한다. 미기록종인 *P. pauciflora*는 중국 간쑤성과 쓰촨성의 해발 2,000m 이상의 습한 지역에만 분포한다고 알려진 희귀식물로서(Chen & Monro, 2003; <https://www.gbif.org>, 2023), 암꽃 화피편 3장 중 1장은 고깔 모양으로 길게 신장되어 수과의 한쪽 면을 감싸면서 뾰족하게 솟아 있으며, 1쌍의 측화피편은 다른 1장에 비해 극히 짧은 특징으로 근연종들과 뚜렷하게 구별된다. 또한 분자유전학적 연구에서도 근연종인 모시물통이, 큰물통이, 물통이와는 명확하게 다른 종임을 보여주었다. 국명은 암꽃 화피편이 수과를 감싼 형태가 고깔모자를 쓴 모습과 유사하여 “고깔물통이”로 신칭하였다.

사사: 본 연구는 국립공원공단 국립공원연구원 및 태백산국립공원의 지원으로 수행된 연구임.

P22

### 제주큰물통이(*Pilea taquetii* Nakai)의 분류학적 실제

최주영<sup>p1,2</sup>, 김현진<sup>3</sup>, 김윤영<sup>2</sup>, 장태수<sup>3</sup>, 소순구<sup>4</sup>, 장창기<sup>1</sup>

<sup>1</sup>공주대학교 생물교육학과, 공주; <sup>2</sup>국립산림품종관리센터 품종심사과, 충주;

<sup>3</sup>충남대학교 생명시스템과학대학 생물과학과, 대전; <sup>4</sup>국립공원연구원 연구기획부, 원주

제주큰물통이(*Pilea taquetii*)는 T. Taquet 신부와 U. J. Faurie 신부가 제주도에서 채집한 표본 6장을 근거로 Nakai(1921)에 의해 신종으로 발표되었으며, 현재까지 한라산과 지리산에만 분포하는 특산식물로 취급되고 있다(Chung et al., 2023). 그러나 Moon(2011)은 다른 종과 구별되는 뚜렷한 형태학적 차이를 확인하기 어렵다고 하였으며, 현재까지도 명확한 진단형질을 제시하고 있는 연구는 없는 실정이다. 이에 본 연구에서는 원기재문과 기준표본을 바탕으로 제주도와 지리산에 자생하는 제주큰물통이와 형태적으로 가장 부합하는 집단에서 수집한 개체들을 근연종들과 면밀하게 비교하였다. 원기재문에 기록된 기준표본들 중 “*Taquet, n. 6041*” 3장은 큰물통이, “*Faurie, n. 915*” 3장은 모시물통이의 극단적인 왜소형으로 확인되었다. 1100 도로변 수로, 어리목, 영실 등, 한라산 중산간 지역 이상의 습한 곳에서 큰물통이와 모시물통이 왜소형을 비교적 쉽게 확인할 수 있었다. 또한 바리메오름에서부터 노로오름까지 이어진 약 10km 구간 곳곳에 두 종이 혼생하고 있는 것을 확인할 수 있었으며, 고도가 낮을수록 모시물통이가, 높을수록 큰물통이의 출현 빈도가 높게 나타났다. 또한, 지리산 천은사에서부터 성삼재휴게소까지의 노고단로 주변에서는 모시물통이가 주로 관찰되었으나, 성삼재휴게소에서 노고단까지의 임도변에서는 큰물통이가 관찰되었다. 아울러, nrDNA의 ITS구간 염기서열 분석 결과에 의해서도 뚜렷하게 두 그룹으로 분리됨에 따라 *P. taquetii*를 큰물통이(*P. hamaoi*) 및 모시물통이(*P. mongolica*)의 중복 이명으로 처리하고자 한다.

사사: 본 연구는 국립공원공단 국립공원연구원 및 지리산국립공원의 지원으로 수행된 연구임.

P23

**Taxonomic study of the *Huperzia arctica* complex (Lycopodiaceae) from Svalbard: Based on morphological and molecular characters**

Youngsim Hwang<sup>p1</sup>, Chang Shook Lee<sup>2</sup>, Hyoungseok Lee<sup>3</sup>, Yoo Kyung Lee<sup>3</sup>, Yowhan Son<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Environmental Science and Ecological Engineering, Korea University;

<sup>2</sup>Department of Science Education, Ewha Womans University;

<sup>3</sup>Korea Polar Research Institute

*Huperzia arctica* (Tolm.) Sipliv. is the only species of *Huperzia*, Lycopodiaceae reported from High Arctic Svalbard archipelago. However, this species has not been thoroughly examined from a taxonomic perspective. To clarify this, morphological and molecular analyses were performed on the samples collected from four regions: Ny-Ålesund Hill, Ny-Ålesund Rock, Ossian Sars Nature Reserve, and Longyearbyen. Morphological analyses included plant length, leaf shape with color and size, leaf attachment angle, surface patterns, gemma distribution, gemma shape and size, and spore morphology. Molecular analyses targeted three chloroplast DNA loci (*rbcL*, *psbA-trnH*, and *rpL16*). The analyses results revealed a *Huperzia arctica* complex consisting of three distinct taxa (*H. sp. 1*, *H. sp. 2*, and *H. sp. 3*), each differing according to the characteristics of its respective habitat. *Huperzia sp. 1*, collected from Ny-Ålesund Hill, exhibited similarities to *H. selago* based on leaf shape and gemma morphology, but was distinguished by consistent leaf angles and prominent surface protrusions. Molecular analyses confirmed *Huperzia sp. 1* as a distinct monophyletic group, suggesting it represents a new species. Specimens of *Huperzia sp. 2* from Ny-Ålesund Rock and Ossian Sars Nature Reserve were identified as *H. arctica*. Meanwhile, *Huperzia sp. 3* from Longyearbyen was morphologically similar to *H. arctica*, but had distinct red-tinted leaves and gemmae, had a single nucleotide variation in the cpDNA (*rpL16*) region, supports its classification as a new subspecies. Although *H. arctica* was previously considered the sole *Huperzia* species in Svalbard, this study revealed three distinct taxa. Additionally, the chloroplast genome of *Huperzia sp. 1*, representing a potential new species, was analyzed in detail.

P24

**Characterization of Orbicules and Pollen in the subfamily Polygonoideae:  
Implications for Phylogeny and Evolutionary Studies**

Suk-Pyo Hong<sup>1</sup>, Min-Su Jo<sup>2</sup>, Min-Jung Kong<sup>2</sup>, Il-Chan Oh<sup>3</sup>, Yun-Chang Jeon<sup>p1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, Kyung Hee University, Seoul 02447, Republic of Korea;

<sup>2</sup>Baekdudaegan National Arboretum (BDNA), Bonghwa 36209, Republic of Korea; <sup>3</sup>Korea Environment Institute (KEI), Sejong 30147, Republic of Korea;

The Polygonaceae family comprises approximately 46 genera and 1,200 species, divided into two primary subfamilies: Eriogonoideae and Polygonoideae. Within the subfamily Polygonoideae, there are five tribes recognized (Calligoneae, Fagopyreae, Persicariae, Polygoneae, and Rumiceae). Orbicules, minute granules of sporopollenin, can be observed on the innermost tangential and/or radial walls of secretory tapetum cells (less than 1  $\mu\text{m}$  in size, occasionally up to 20  $\mu\text{m}$ ). In this study we examined 81 taxa (across 5 tribes and 16 genera) of the subfamily Polygonoideae to assess their characteristics using Scanning Electron Microscopy (SEM). The pollen grain sizes mostly small to medium (in some *Oxygonum* taxa exhibiting large grains). The pollen grain apertures predominantly exhibited tricolpate or tricolporate configurations, although certain taxa within the genera *Koenigia* and *Persicaria* displayed pantoporate or pantocolpate apertures. Orbicules were observed in nearly all genera studied, except for the genus *Rubrivena* and two subspecies of *Koenigia delicatula*. At the tribal level, orbicule sizes ranged from 0.14  $\mu\text{m}$  to 1.84  $\mu\text{m}$ . While all taxa exhibiting spherical shapes, they differed in ornamentation: psilate in the tribes Calligoneae, Fagopyreae, and Persicariae; verrucate or scabrate in Rumiceae; and either verrucate or psilate in Polygoneae. These characteristics suggest that orbicule size, shape, and ornamentation are significant at the tribal level, serving as important taxonomic markers. A correlation between orbicule typology and evolutionary patterns in the palynology of the subfamily Polygonoideae has been identified, indicating that data on pollen and orbicules are invaluable for systematic research and enhance our understanding of evolutionary trends within the Polygonoideae.



P25

**Taxonomic study on *Murdannia* spp. (Commelinaceae)  
in Cambodia and Laos**

Chaeyoung Lee<sup>p</sup>, Hyosig Won

Department of Biological Science, Daegu University, Gyungnsan, South Korea

This study focuses on the taxonomic identification and classification of *Murdannia* species collected from Cambodia and Laos using DNA barcoding and morphological analyses. Between 2010 and 2014, we collected 64 *Murdannia* specimens, 39 from Cambodia and 25 from Laos. DNA barcoding was performed on 37 of these collections, with chloroplast *rbcL* and *matK* genes, and nuclear rITS regions amplified and sequenced for molecular phylogenetic analyses. Preliminary molecular phylogenetic analyses revealed approximately 14 clades within *Murdannia*, corresponding to *M. japonica*, *M. bacteata*, *M. gigantea*, *M. simplex*, *M. nudiflora*, *M. pauciflora*, *M. edulis*, *M. spectabilis*, and six other taxa requiring further identification and clarification. Ongoing comparative morphological studies and detailed illustration are being conducted to enhance identification and classification of *Murdannia* species in the region.

P26

섬썩기풀(*Urtica laetevirens* var. *robusta*)의 분류학적 실체

임윤진<sup>p</sup>, 유기억<sup>c</sup>

강원대학교 자연과학대학 생명과학과, 춘천시

썩기풀과(Urticaceae) 썩기풀속(*Urtica* L.)에 속하는 섬썩기풀(*U. laetevirens* var. *robusta* F.Maek.)은 애기썩기풀(*U. laetevirens* Maxim.)에 비해 잎과 잎자루가 길고 엽저가 심장저인 특징으로 기재된 우리나라 고유종이다. 그러나, 특산식물임에도 불구하고 처음 기록된 이후 추가적인 연구는 수행되지 않았으며, 분류학적 위치에 대한 학자들간의 이견도 존재한다. 본 연구에서는 섬썩기풀의 실체를 확인하고, 분류학적 위치를 규명하고자 외부형태학적, 미세형태학적, 해부학적, 분자계통학적 연구를 수행하였다. 그 결과, 울릉도 성인봉과 깃대봉, 태하리 부근에서 개체를 확인하였으며, 원기재문에 언급된 형질 외에도 거치의 개수 및 크기, 수꽃과 암꽃의 길이, 종자의 크기와 모양, 잎과 꽃의 미세구조, 엽병과 잎의 횡단면 등의 형질이 모종과 뚜렷하게 다른 것을 확인하였다. nrDNA의 ITS와 cpDNA의 *matK*, *rbcl*, *trnS-G* 유전자 지역 염기서열을 분석한 계통수에서도 독립적인 분계조를 형성하였다. 따라서 섬썩기풀은 분포역이 섬으로 한정되어 있고, 다양한 분류학적 연구결과 모종과 뚜렷하게 구별되므로 분류계급을 변종에서 독립된 종으로 승격시키는 것이 타당하다고 생각된다.

P27

## 국내 외래식물의 분류와 현황

강은수<sup>P</sup>, 장주은, 손동찬

국립수목원 산림생물다양성연구과, 포천

외래식물의 범주는 연구자에 따라 다르게 해석될 수 있으나, IUCN 전문가 그룹에 의해 외래식물의 정의가 보다 명확해졌고, 이를 바탕으로 산림청 국립수목원은 국내에서 사용되고 있는 외래식물 관련 용어를 표준화함으로써 체계적이고 효율적인 외래식물의 관리 기반을 구축하고 있다. 본 연구에서 외래식물은 국내 유입시 비의도적으로 유입된 식물과, 의도적으로 도입된 식물이나 인간의 관리 지역에서 이탈하여 야생화된 식물을 포함한 광의의 개념으로 재정리하였다. 그 결과 국내 분포하는 외래식물은 122 과, 488 속, 805 종, 15 아종, 25 변종, 4 품종, 14 잡종의 총 863 분류군으로 나타났다. 이들을 재배현황을 고려하여 일차적으로 분류했을 때, CP (Cultivated plant, 재배식물) 440 분류군, NCP (Non-cultivated plant, 비재배식물) 423분류군이었고, NCP 내에서는 정착기간 및 개체유지에 따라 다시 분류하여 NP (Naturalized plant, 귀화식물) 277분류군, CAP (Casual alien plant, 임시정착식물) 146 분류군으로 분류되었다. CP 분류군들의 경우 국내 분포정보 기반으 로한 확산등급 평가 결과, 우려되는 확산을 보이는 외래식물(Con., Concerned plant)이 13 분류군 이었다. NCP에서는 NP 중 생태계 교란을 일으키는 것으로 판단되어 환경부에서 관리 필요종으로 지정한 외래식물(Inv., Invasive plant)이 17 분류군, CAP 중 최근 10년간 관찰되지 않아 국내 분 포여부가 불확실한 외래식물(Unc., Uncertained plant)은 37분류군이었다. CAP (Unc.)는 현재 국 내 분포가 확인되지 않더라도 추가적인 유입으로 다시 출현할 수 있는 외래식물 특성을 고려하여 목록에 포함시켰다. 외래식물의 국내 도입시기와 관련하여 170분류군(Archaeophyte)은 개항 시작 (1876년) 이전에, 나머지 693 분류군(Neophyte)은 이후에 도입된 것으로 추정된다. 우리나라 외래 식물은 비의도적으로 도입되는 경우보다 재배되던 식물이 야생화되는 경우가 더 많은 것으로 판단되 며, 따라서 재배식물의 잠재적인 확산 및 생태계 침입 가능성에 대비하여 이들의 관리에 주의가 필 요할 것으로 보인다.

P28

**Comparative studies on Mericarp Morphology Among 19 Groups of Six *Peucedanum* Species (Apiaceae, *Peucedanum*) in Korea**

Yeon-Ji Lee<sup>p</sup>, Ye-Rim Choi, Ara Cho, Seong-Hyeon Yong, Mi-Jin Jeong

Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum, Pocheon 11186

The genus *Peucedanum* comprises 100-120 species distributed across Europe, Asia, tropical regions, and southern Africa. In Korea, 11 taxa, including five endemic species, have been reported. Many plants in this genus share similar morphological traits and exhibit complex morphological variations, making them a primary subject of phylogenetic research. Although taxonomic studies on this genus, such as karyotaxonomic studies (Solov'eva et al., 1985), external morphological studies (Kim et al., 2019), and phylogenetic studies (Liu et al., 2022), have been conducted, mericarp morphological studies, however, remain insufficient. Therefore, in this study, we aimed to characterize the mericarp morphology of *Peucedanum* plants to determine the taxonomic delimitation and utility. For this study, mericarps from 19 groups of six species of the genus *Peucedanum* were selected, and their characteristics were measured and observed, Kruskal-Wallis tests and PCA were performed. As a result, the mericarps of *P. japonicum* were the largest, with a length of  $4.73 \pm 0.55$ mm and a width of  $3.09 \pm 0.57$ mm, while *P. tongkangense* exhibited the most elongated mericarp shape, with a length/width ratio of  $2.44 \pm 0.31$ mm. According to the PCA analysis, *P. japonicum* and *P. terebinthaceum* were clearly distinguished. There were no differences in 1,000 grain weight, percent of filled mericarp based on the period and region of collection for each species. This study, provides basic morphological information on mericarps of the genus *Peucedanum* and further research on collection period, maturity, germination characteristics is needed for future regeneration and conservation of available mericarps.

This research was supported by Scientific Research Grants (KNA 1-2-41-22-1) of the Korea National Arboretum.

P29

Clarifying the distribution of Korean *Indigofera kirilowii* and *Indigofera koreana* (Fabaceae)

Su-Jang Kim<sup>p</sup>, In-Su Choi<sup>c</sup>

Department of Biological Science and Biotechnology, Hannam University, Daejeon

Among the four *Indigofera* species native to Korea, *Indigofera koreana* is an endemic species and morphologically similar to *Indigofera kirilowii*, leading to confusion in their distribution range. To clarify the geographic distribution of *I. kirilowii* and *I. koreana* in Korea, nationwide field surveys and specimen investigations were conducted to obtain detailed distribution data. High-resolution distribution maps were generated using QGIS software to identify the overall distribution patterns of the two species. *Indigofera kirilowii* is primarily distributed in the northeastern region of Korea, while *I. koreana* is mainly found in the southwestern region. The distribution boundary of the two species was identified in areas including Chungcheongbuk-do, Chungcheongnam-do, Daegu, Daejeon, Gyeongsangbuk-do, and Gyeongsangnam-do. Co-distribution areas were identified as Mt. Baebang in Asan-si, Chungcheongnam-do, and Mt. Gyejok in Daedeok-gu, Daejeon. Additionally, the presence of *I. koreana*, primarily known to occur in the southwestern region, was confirmed in Sokcho-si and Yangyang-gun, Gangwon-do, suggesting these areas as its putative northernmost distribution. These results indicate that environmental preferences have a greater impact on the distribution of the two *Indigofera* species than geographical barriers, highlighting the need for further phylogeographic studies to confirm the northernmost distribution of *I. koreana*.

P30

### 외부형태 형질에 기초한 제비꽃속 *Rostratae*아절 식물의 주성분분석

고아름<sup>p</sup>, 유기억

강원대학교 자연과학대학 생명과학과, 춘천

제비꽃속 *Rostratae*아절의 종간 유연관계를 알아보기 위하여 26분류군 329점을 대상으로 외부형태 형질을 측정하고, 분산분석을 통해 확인된 유의 형질 23개를 기초로 주성분 분석(PCA)을 실시하였다. 그 결과, 주성분 1-3의 누적 기여율은 63.75%로 나타났다. 주성분 1은 전체 분산의 38.25%를 설명하였으며, 화피 측판의 길이, 화피 상판의 길이, 하판 꽃받침과 꽃받침 부속체의 길이 비 순으로 높은 상관관계를 나타냈다. 주성분 2의 기여율은 15.42%로 탁엽이 길이, 화경과 포의 길이 비 등의 형질이 주로 관여하였다. 주성분 3의 기여율은 10.08%로 잎의 전체 길이, 포의 길이 등의 형질이 기여도가 높았다. 주성분 1과 2를 축으로 하여 산점도를 나타낸 결과, 기존에 알려진 4개의 계열 (sers. *Mirabiles*, *Arosulatae*, *Rosulatae*, *Repentes*) 중 *Repentes*계열만이 독립적으로 유집되었고, 나머지 3개 계열은 서로 중첩되어 구별이 불가능하였다. 한편 *Arosulatae*계열에 속하는 *V. jordani*가 독립적으로 유집되어 새로운 계열에 포함될 가능성을 보였다. 최근 *Rostratae*아절에 포함된 *V. umbraticola*, *V. huidobri*, *V. papuana*는 *Rosulatae*계열과 가장 가깝게 나타났다. 이상의 결과에서 *Rostratae*아절 식물의 절 내 분류체계나 종간 유연관계 파악을 위해서는 화분학적, 해부학적, 미세형태학적, 그리고 DNA에 기초한 분자계통학적 연구 등 다양한 접근을 통한 종합적인 연구가 수행되어야 할 것으로 판단된다.

P31

### 처녀이끼과 누운괴불이끼속 미기록 잡종 분류군 보고

박상희<sup>p1</sup>, 김정성<sup>c1</sup>, 김형태<sup>c2</sup>

<sup>1</sup>충북대학교 산림학과, 청주 28644; <sup>2</sup>경북대학교 식물자원학과, 상주 37224

누운괴불이끼속 (*Vandenboschia* Copel.)은 처녀이끼과 (Hymenophyllaceae Link.)에 속하는 분류군으로 약 15종 이상이 열대지역에서 북반구 온대지역에 걸쳐 분포한다고 알려져 있다. 누운괴불이끼속은 속 내 분류군 간 빈번한 잡종화 및 배수화 현상으로 인해 분류군을 인식하는 데 어려움이 있다. 이러한 문제를 해결하고자 CAPS marker의 개발을 통해 각 분류군에 대한 nuclear genotype을 구분하였고, 염색체 관찰 및 flow cytometry를 이용한 배수성 확인을 통해 국내 자생하는 누운괴불이끼속 분류군들의 실체를 확인하였다. 이 과정 중 기존에 국내에 자생한다고 알려져 있던 4 분류군 외에 1개의 잡종 분류군이 더 자생하고 있는 것이 확인되었다. 해당 분류군은 누운괴불이끼속의 세 원종-누운괴불이끼 (*V. kalamocarpa* (Hayata) Ebihara), 난장이이끼 (*V. nipponica* (Nakai) Ebihara), *V. striata* (D.Don) Ebihara의 잡종으로, 배수성은 3배체와 4배체로 제주도의 두 지역에서 발견되었다. 또 다른 자생지인 일본에서는 본 잡종 분류군이 불임성으로 알려져 있으나, 국내 개체들의 포자를 관찰한 결과 엽록소를 포함한 정상적인 포자의 형태를 가지는 것으로 확인되어, 임성 여부에 관한 추가적인 연구가 필요할 것으로 생각된다.

\* 본 연구는 한국연구재단의 지원 (2020R1I1A2053517, 2021R1I1A3A04037448, RS-2023-00275971)을 받아 수행되었습니다.

P32

**New Chromosome Counts in *Epilobium* section *Epilobium* (Onagraceae Juss.) Taxa from Korea**

Young-Min Choi<sup>1</sup>, Hye-Rin Kim<sup>2</sup>, Kweon Heo<sup>2</sup>, Ki-Oug Yoo<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Biological Sciences, Kangwon National University, Chuncheon, Korea;

<sup>2</sup>Department of Applied Plant Science, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University, Chuncheon, Korea

Chromosome numbers and basic chromosome numbers in angiosperms provides crucial information to understand angiosperm evolution and relationships among closely related taxa. The basic chromosome number of sect. *Epilobium* is known to be  $x=18$ , and this section possesses the smallest chromosome sizes within the family Onagraceae. The main goals of this study are to investigate the chromosome numbers of Korean species within sect. *Epilobium* using the DAPI staining method. Chromosome numbers of all five taxa (*E. amurense* subsp. *cephalostigma*, *E. hirsutum*, *E. parviflorum*, *E. pyrriholophum* and *E. ulleungensis*) were confirmed as diploid ( $2n=36$ ). Chromosome numbers of four taxa (*E. amurense* subsp. *cephalostigma*, *E. hirsutum*, *E. parviflorum* and *E. pyrriholophum*) were consistent with previous studies. However, *E. ulleungensis* was confirmed for the first time in this study to have a diploid chromosome number ( $2n=36$ ).



P33

## 개도독놈의갈고리와 종내분류군의 외부형태 및 주성분분석

한상진<sup>P</sup>, 유기억

강원대학교 자연과학대학, 춘천시

개도독놈의갈고리와 종내분류군(긴도독놈의갈고리, 도독놈의갈고리, 애기도독놈의갈고리)은 4종류로 구성되어 있으나 분류계급의 타당성에 대해서는 학자들마다 이견이 있다. 본 연구에서는 4종류에 대한 외부형태를 분석하고 이를 기초로 주성분분석을 실시하여 종간 또는 종내분류군간 구별이 가능한가를 알아보고자 하였다. 외부형태는 식별형질로 유용하지 않은 꽃을 제외한 줄기, 잎, 열매 등을 대상으로 20개의 양적형질과 34개의 질적형질을 관찰 및 측정하여 비교하였다. 주성분분석은 양적형질을 기초로 분산분석을 통해 p-value가 0.05 이상인 형질을 선별하여 사용했으며, 분석 후 주성분 1과 2를 2차원에 도식화하였다. 외부형태형질 비교 결과 개도독놈의갈고리는 정소엽과 측소엽의 넓이와 형태, 식물체 전체에 털이 많은 점으로 다른 종류와 구별이 가능했고, 긴도독놈의갈고리와 애기도독놈의갈고리는 잎이 줄기에 모여난다는 공통적인 특징이 있으나, 긴도독놈의갈고리는 식물체 전체에 털이 많고, 과병의 길이가 평균 7.67mm 인데 비해 애기도독놈의갈고리는 식물체 전체에 털이 적고, 과병의 길이가 평균 3.93mm 로 짧아 구별되었다. 도독놈의갈고리는 줄기에 잎이 퍼져달리는 특징으로 구별되었지만, 잎과 열매 형질에서는 다른 개체와 뚜렷한 차이를 보이지 않았다. 분산분석 결과 20개의 양적형질 중 12개 형질이 p-value가 0.05 이상으로 나타났으며, 이를 토대로 주성분분석을 실시한 결과 주성분 1-3의 누적 분산값은 72.8%였고, 주성분 1은 34.1%, 2는 28.1%, 3은 10.6%였다. 주성분 1에서 기여도가 높은 형질은 측소엽의 넓이, 정소엽의 넓이, 정소엽병의 길이 순이었으며, 2에서는 측소엽의 길이와 넓이비, 부속체 상부의 길이, 부속체의 수직 길이 순으로 나타났다. 주성분 3에서는 식물체의 길이, 부속체 바깥쪽 각도, 부속체 하부의 길이 순으로 기여도가 높았다. 주성분 1과 2를 2차원에 도식화한 결과 개도독놈의갈고리는 다른 분류군과 구별이 되었지만, 나머지는 구별이 불가능하였다. 이상의 결과에서 개도독놈의갈고리는 다른 분류군들과 뚜렷히 구별되었다. 하지만 나머지 3종류는 주성분분석에서 서로 중첩된 모습으로 나타났기에 구별이 불가능하였다. 따라서 이 종류들의 정확한 유연관계 파악을 위해서는 외부형태형질 이외에 화분학적, 세포학적, 해부학적 그리고 DNA분석 등 종합적인 연구가 진행되어야 할 것으로 생각된다.

## Spore Morphology of Lycophytes and Pteridophytes in Island and Coastal Areas (1)

Min-Ju Park<sup>1</sup>, In Chun Hwang<sup>2</sup>, Myung-Ok Moon<sup>3</sup>, Narae Yun<sup>p1</sup>

<sup>1</sup>Division of Botany, Honam National Institute of Biological Resources, Mokpo, 58762,

Korea; <sup>2</sup>Department of Biology, Jeonbuk National University, Jeonju 34520, Korea;

<sup>3</sup>Research Institute of Basic Sciences, Jeju National University, Jeju 63243, Korea

The spore morphology of indigenous ferns from island, coastal, and inland regions was analyzed using light microscopy (LM) and field-emission scanning electron microscopy (FE-SEM), providing a taxonomic key for the identified genera. Due to the microscopic dimensions of fern spores, their visual identification poses challenges, necessitating advanced microscopy techniques for detailed examination. A total of 14 families 27 genera and 40 taxa were observed and described. Spores were categorized into trilete and monolete types. Trilete spores, observed in the Lycopodiaceae, Marsileaceae and Dryopteridaceae, exhibited dull triangular forms with a perispore wall featuring reticulate, foveolate and tuberculate structures predominantly along the equatorial axis. Monolete spores, primarily identified in the Aspleniaceae, Athyriaceae and Polypodiaceae, had long-elliptic shapes with distinct perispore structures such as psilate and rugulate patterns. The Polypodiaceae demonstrated significant variability in perispore structure, facilitating genus differentiation. The arrangement and structural variations in sporangia also exhibited taxonomic significance. In the Blechnaceae, sporangia were aligned in a single row without indusia, whereas in the Adiantaceae, they were located along laminar margins and covered by false indusia. This study elucidates the diversity of spore morphology and sporangial morphology in ferns, providing essential insights for taxonomic studies, the scientific conservation of biological resources and biodiversity management strategies specific to island and coastal ecosystems.

This study was supported by a grant from the Honam National Institute of Biological Resources(HNIBR), funded by the Ministry of Environment(MOE) of the Republic of Korea(Grant No. HNIBR202401107).

P35

### Taxonomic study on *Begonia* spp. (Begoniaceae) in Laos and Cambodia by morphology and DNA barcoding

Neang Som<sup>P</sup>, Hyosig Won<sup>P</sup>

Department of Biological Science, Daegu University, Gyungsan, South Korea

The Indochinese Peninsula is home to approximately 50 *Begonia* species, including 7 in Cambodia and 16 in Laos. In this study, *Begonia* species were classified primarily through morphological comparisons, complemented by DNA barcoding. Morphological analyses focused on growth habits, stem features, leaf structures, flowers, capsules, seeds, distribution, and phenology. Molecular systematic analyses utilized four DNA barcode markers from chloroplast and nuclear regions- cp *rbcL*, *matK*, *trnL* intron/*trnL-trnF* IGS and nu *rITS*. Between 2011 and 2024, 63 *Begonia* collections were made from Laos and Cambodia, consisting of 51 collections from Laos and 12 from Cambodia. Among these, 41 collections (38 from Laos and 3 from Cambodia) were selected for DNA barcoding. Additionally three collections are currently undergoing sequencing. As a result, 25 *Begonia* species were recognized based on morphological characteristics and DNA barcoding: *Begonia hatacoa* Buch.-Ham., *B. laciniata* Roxb., *B. demissa* Craib, *B. viriditenebris* Lanors. & Souvann., *B. tenuifolia* Dryand., *B. longifolia* Blume, *B. labordei* H. Lév., *B. gesneriifolia* Aver., *B. martabanica* A. DC., *B. lanxangensis* Souvann. & Aver, *B. aff. modestiflora* Kurz. Additionally, 13 species are considered potentially new and require further study to confirmation of their identity.

P36

### eDNA를 이용한 온대 습지의 과거 식물상 변화 연구

김정아<sup>P</sup>, 홍윤지, 전해숙, 임채은

국립생물자원관, 인천광역시

본 연구는 환경유전자(eDNA) 분석을 활용하여 기후 변화에 따른 생물상의 장기적 변화를 파악하고 미래 예측을 수행하는 데 목적이 있다. 2023년에는 국내 습지와 분지의 토양 퇴적층 시료를 분석하여 과거 식물상의 변화를 확인하고 최적의 분석 방법을 도출하였다. 2024년에는 NGS 기반 DNA 분석을 통해 기후와 생태 변화 간의 상관관계를 연구하였다. 이를 바탕으로 AI 모델을 개발하여 생태계 변화를 복원하고 미래 생물다양성을 예측하였다. 심층 토양시료를 활용한 연구에서는 토평천과 우포늪에서 DNA를 추출하여 NGS 및 ASV 분석을 수행하였다. 분석 결과, 속씨식물과 현화식물이 주요 검출 종으로 나타났으며, 심도별 생물 다양성 차이가 확인되었다. 토평천에서는 건조와 습지화의 반복적 양상이, 우포늪에서는 중앙부와 가장자리 간의 생물다양성 차이가 과거의 환경 변화와 농업 활동을 반영하는 것으로 분석되었다. 토평천 데이터를 기반으로 식물종 출현 예측 모델을 구축하였으며, 데이터 불균형 문제 해결을 위해 SMOTE 기법을 적용하였다. 로지스틱 회귀를 통한 모델 평가 결과, *Pinus*속, *Larix*속, *Quercus*속의 출현 변화를 예측할 수 있었다. AI 기반 미래 예측 연구에서는 과거 및 현재 데이터를 통합 분석하여 기후 변수와 식생 변화 간의 상관관계를 확인하였다. 나이트 및 화분 데이터를 활용한 온도와 강수량 복원 모델을 개발하였으며, 딥러닝과 다항회귀 모델을 적용하였다. CMIP6 시나리오에 따른 미래 기후 조건 분석 결과, 온도 및 강수량 증가로 인해 주요 식물 종의 출현율이 점진적으로 감소하는 경향을 보였다. 특히, *Larix*속의 출현율 감소가 두드러져 기후 민감성이 높은 것으로 평가되었다. 본 연구는 eDNA 분석과 AI 모델을 결합하여 기후 변화에 따른 생물다양성 변화를 체계적으로 분석할 수 있는 기반을 마련하였다.

P37

**Floristic study of Noryeokdo Island in Jangheung-gun, Jeollanam-do**

Iseon Kim<sup>1</sup>, Yongsung Kim<sup>1</sup>, Bo-Mi Nam<sup>1</sup>, Jung Min Bong<sup>2</sup>, Narae Yun<sup>1</sup>,  
Chang Seok Kim<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Division of Botany, Honam National Institute of Biological Resources, Mokpo, Korea;

<sup>2</sup>Institute for Future Environmental Ecology, Korea

The purpose of this study is to systematically manage species by collecting specimens and establishing a species list of native plants distributed on Noryeokdo Island. This island is located in Jangheung-gun, Jeollanam-do and connected to the mainland by a bridge. Field surveys conducted from March to October 2024 identified 335 taxa from 83 families and 234 genera, with 696 voucher specimens collected in Noryeokdo Island. One taxa, *Forsythia koreana*, was endemic to Korea. Sixteen taxa were identified as Climate-sensitive Biological Indicator Species. Additionally, 56 taxa were identified as alien plants, and three taxa were classified as ecosystem-disturbing plants. Alien species accounted for 16.8% of the total species on Noryeokdo Island. This study reports 272 taxa for the first time, including 41 newly discovered alien plants. The naturalization rate of invasive plant species on Noryeondo was found to be significantly higher (16.8%) compared to the surrounding islands within a 20km radius (5-10%). The establishment of a land connection to the mainland in 2005 and a ferry route to Jeju in 2010 is believed to have facilitated an increase in tourism, leading to the introduction of these non-native species. As alien plants can disrupt ecosystems, and reduce biodiversity, they need to be managed. This study offers essential baseline data for future ecological research and the development of effective conservation strategies.

This study was supported by a grant from the Honam National Institute of Biological Resources (HNIBR), funded by the Ministry of Environment (MOE) of the Republic of Korea (Grant No. HNIBR202101107).

P38

### 덕산도립공원(예산, 충청남도)의 관속식물상

최재은<sup>P</sup>, 강하람, 곽호권, 박지은, 김혜연, 천경식

상지대학교 생명환경대학 생명과학과, 원주

충청남도 예산군 덕산면에 위치하며, 주봉인 가야산(678m)과 덕송산(495m)을 포함하는 전체면적이 19.859km<sup>2</sup>에 달하는 덕산도립공원은 충청남도의 대표적인 자연경관 지역 중 하나로, 생물다양성이 풍부하여 생태적으로도 가치가 높은 것으로 알려져 있다. 하지만 본 지역의 식물상에 대한 연구는 대부분 단편적인 조사에 그쳐 매우 미흡한 실정이다. 이에 본 연구는 덕산도립공원의 관속식물상을 체계적으로 조사하여 향후 식물자원의 보전과 활용에 대한 기초자료를 제공하고자 본 연구를 수행하였다. 본 조사는 2024년 3월부터 10월까지 총 6회에 걸쳐 수행하였으며, 그 결과 덕산도립공원에 분포하는 관속식물은 107과 271속 402종 4아종 29변종 2품종 등 총 437분류군, 가야산지구는 379분류군, 덕송산지구는 307분류군으로 정리되었다. 총 437분류군 중 국가적색목록에 해당하는 종류는 총 5분류군[위기(EN) 1분류군, 관심대상(LC) 2분류군, 미평가(NE) 2분류군], 한국특산식물은 15분류군, 식물구계학적특정식물은 IV등급에 3분류군, III등급에 11분류군, II등급에 14분류군, I등급에 24분류군으로 총 52분류군, 국외반출승인대상식물은 161분류군, 국가기후변화지표식물은 후보종 3분류군을 포함한 12분류군이 포함되었다. 또한 외래식물은 34분류군으로 이에 따른 도시화지수는 9.3%, 귀화율은 7.8%으로 산출되었으며, 생태계교란야생식물은 2분류군이 조사되었다. 본 연구 결과는 덕산도립공원에 분포하는 식물자원의 보전 및 관리를 위한 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 기대된다.

P39

**Predicting the potential geographic distribution of an endemic species  
(*Stellaria pulvinata*) distributed in the Altai mountains using climate  
change scenarios**

Zagarjav Tsegmed<sup>P</sup>, Shukherdorj Baasanmunkh, Hyeok Jae Choi

Department of Biology and Microbiology, Changwon National University, Changwon,  
Korea

*Stellaria pulvinata* Grubov (Stitchwort polster) is an endemic species in the Altai Mountain Country (AMC), and it occurs in small geographic areas at elevations between 2500 to 3800 meters. This species plays an important role in both the vegetation cover and the cryophytic cushion plant communities in AMC. However, the current distribution range of this species is decreasing due to global warming, climate change, and overgrazing. Therefore, we used the MaxEnt model to simulate the habitat suitability of *S. pulvinata* and analyze key environmental factors influencing its distribution. Considering the sensitivity of *S. pulvinata* habitats to climate change, we estimated shifts in the distribution centroid and changes in suitable habitat under different climate scenarios (SSP2-4.5 and SSP5-8.5) for the 2050s and 2090s. Our findings provided that elevation, temperature seasonality (Bio 4), and precipitation seasonality (Bio 15) are main environmental factors. Under the current climate, the total suitable habitat area of *S. pulvinata* is approximately 169,659 km<sup>2</sup>, accounting for 25.86% of the total area of AMC. The total suitable area of *S. pulvinata* will be expected to decrease by 135,071×10<sup>4</sup> km<sup>2</sup> in 2050 and 125,931×10<sup>4</sup> km<sup>2</sup> in 2090 under the SSP2-4.5 climate scenario. The center of suitable habitat for *S. pulvinata* tends to shift along the latitude across AMC. We used a one-way analysis of variance (ANOVA) to compare elevation values from different years under the SSP2-4.5 and SSP5-8.5 climate scenarios for the current, 2050, and 2090. Additionally, our analysis revealed significant differences in mean elevation (in meters) for *S. pulvinata* compared to the current, 2050s, and 2090s. Finally, we found that only 31.73% of total area is located within protected areas, implying that a large conservation gap remains. Therefore, we propose an integrative conservation approach including both in situ and ex situ management to preserve *S. pulvinata*.

\*This study was supported by the National Research Foundation of Korea (Grant No. RS-2022-NR068406) and Korea Basic Science Institute (National Research Facilities and Equipment Center) granted by the Ministry of Education (Grant No. 2023R1A6C101B022).

### 북한산국립공원의 관속식물상

소순구<sup>1</sup>, 이용순<sup>2</sup>, 권오정<sup>3</sup>, 최종욱<sup>4</sup>

<sup>1</sup>국립공원공단 국립공원연구원; <sup>2</sup>공주대학교 생물교육과; <sup>3</sup>동국대학교 바이오환경과학과;

<sup>4</sup>국립공원공단 계룡산국립공원사무소

북한산국립공원의 관속식물상을 파악하여 중요 생물자원의 현황을 파악하고 결과의 분석·평가를 통해 생태계 보전 및 공원관리 기초자료를 제공하고자 수행되었다. 조사는 2024년 4월부터 10월까지 서식지 유형별 지점 11개(산림생태계 9지점, 습지생태계 2지점)를 포함하여 전체 공원구역이 포함되도록 조사를 수행하였으며 증거표본과 사진을 바탕으로 작성한 북한산국립공원의 소산 관속식물은 총 123과 364속 602종 12아종 34변종 16품종 등 총 664분류군으로 확인되었다. 멸종위기 야생생물(식물)은 확인되지 않았고, 국가적색목록종은 취약종(VU)인 미선나무(식재) 1분류군, 준위협종(NT)은 산개나리, 목련, 개느삼(식재), 향나무(식재) 4분류군, 최소관심종(LC)은 가침박달, 범부채(식재), 산들개, 이팝나무, 창포 5분류군으로 확인되었다. 한국특산식물은 개나리, 금마타리, 노각나무, 매자나무, 백운산원추리, 벌개미취, 병꽃나무, 분취, 서울제비꽃, 해변싸리, 장억새, 은평의다리 등 20분류군으로 확인되었다. 식물구계학적 특정종은 총 85분류군이며 V~III등급에 해당하는 식물은 총 28분류군으로 확인되었다. 외래식물은 총 60분류군이 확인되어 귀화율은 9.0%로 나타났으며 식생의 교란 정도는 도심권 국립공원의 특성상 타 국립공원보다는 다소 높은 수준인 것으로 확인되었다. 또한, 생태계교란 생물(식물)은 가시박, 단풍잎돼지풀, 서양등골나물, 가시박 등 7분류군이 확인되었다. 서식지 유형별 지점의 평균 종수는 108종이며 W2(울대습지)가 192분류군으로 가장 많았고, F2(도봉지구) 및 F9(원도봉지구)지점이 각 54분류군으로 가장 낮았다. 또한, 북한산 내 습지 조사를 통해 진관습지(W1)는 총 158분류군이 출현하고 그 중 외래식물은 24종으로 귀화율은 15.2%로 비교적 높았고, 울대습지는 총 192분류군이 출현하고 그 중 외래식물은 9종으로 귀화율은 4.7%로 비교적 낮았다. 북한산국립공원은 우리나라의 대표적인 도심권 국립공원으로 많은 탐방객으로 인해 탐방압이 높고 공원 경계지역을 중심으로 외래식물의 출현 등 식생의 교란이 많이 일어나는 특성을 보이고 있다. 따라서 지속적인 모니터링을 통해 공원 내 외래식물의 침입을 방지하기 위한 노력과 생태계 교란생물(식물)의 제거를 통해 서식지를 관리하기 위한 방안마련이 필요하다.

사사: 본 연구는 국립공원연구원의 '2024년 북한산국립공원 공원자원조사' 사업비로 수행되었습니다.



P41

### 볼음도, 아차도, 주문도(인천광역시 강화군 서도면) 식물상

나누리<sup>1</sup>, 이지훈<sup>1</sup>, 박병준<sup>1</sup>, 조승주<sup>1</sup>, 조형복<sup>1</sup>, 곽수빈<sup>1</sup>, 윤정원<sup>2</sup>, 정재상<sup>3</sup>, 박범균<sup>1</sup>, 조용찬<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>국립수목원 DMZ산림생물자원연구과, 양구; <sup>2</sup>국립수목원 전시교육과, 포천; <sup>3</sup>서울대학교 대학원  
농림생물자원학, 서울

볼음도, 아차도, 주문도는 인천광역시 강화군 서도면에 속하며, 이 중 아차도는 2000년대 이후 식물상 조사 기록이 없는 지역이다. 본 조사는 2024년 3월부터 11월까지 총 12일간 수행되었으며, 수집된 건조표본과 화상자료를 바탕으로 식물 목록을 작성하였다. 조사 결과 103과 302속 470종 11아종 32변종 3품종 총 516분류군의 관속식물이 확인되었으며, 볼음도에서는 89과 236속 332종 6아종 24변종 2품종 총 364분류군, 아차도에서는 76과 176속 215종 5아종 17변종 총 237분류군, 주문도에서는 84과 205속 284종 6아종 16변종 2품종 309분류군이 각각 조사되었다. 특산식물은 백운산원추리, 오동나무, 외대으아리 등 5분류군, 산림청 지정 희귀식물은 위협(EN) 범주 작약 1분류군, 취약(VU) 범주 측백나무 1분류군, 준위협(NT) 범주 솔밭꽃 1분류군 등이 관찰되었다. 식물구계학적 특정식물은 V등급 솔밭꽃 1분류군, IV등급 측백나무, 산복사나무 등 6분류군 III등급 병아리꽃나무, 모감주나무 등 7분류군 II등급 17분류군, I등급 24분류군 총 55분류군이 확인되었다. 외래식물은 83분류군이 출현하였으며, 사전귀화식물 한련초 등 11분류군, 잠재침입식물 앵도나무 등 11분류군, 침입외래식물 선개불알풀, 방가지뚱 등 61분류군으로 구분되었다. 본 연구는 볼음도, 아차도, 주문도의 식물상을 체계적으로 조사하여 2000년대 이후 조사 기록이 없던 아차도의 관속식물상을 새롭게 확인하였으며, 북방한계선(NLL) 인근 지역의 생물다양성 보전과 생태계 관리에 필요한 기초자료를 제공하였다는 점에 의의가 있다.

P42

## 특산식물 대구으아리의 보전 전략 수립을 위한 자생지 유형 및 생태적 특성 연구

변성엽<sup>P</sup>, 피정훈, 정금선, 진동필, 박다운, 권용진\*

한국수목원정원관리원 국립세종수목원 도시생물보전실

미나리아재비과 대구으아리(*Clematis taeguensis* Y.N.Lee)는 한국 특산식물로 분류학 및 분포에 대한 연구는 수행된 바 있으나, 보전 측면에서의 생육환경과 특성에 대한 연구는 부족한 실정이다. 본 연구는 한국 특산식물인 대구으아리의 자생지 내 식물종 구성 정보 및 환경요인 등 생태적 정보를 분석함으로써 실질적 보전전략을 제시하고자 수행하였다. 평창, 횡성 일대에 위치하고 있는 대구으아리 자생지를 대상으로 2024년 7월부터 8월까지 총 15개소를 설치하여 식생조사를 실시하였다. 종 조성에 따른 유형분류 결과, 총 3개의 식생단위와 5개의 종군유형으로 분류되었다. 최상위 단위에서 광대싸리군락군으로 분류되었으며, 광대싸리군락군은 신갈나무군락과 붉나무군락으로 분류되었다. 군단위에서 신갈나무군락은 개암나무군과 꿩의다리군으로 분류되었으며, 붉나무군락은 세분되지 않았다. 교목층과 아교목층의 경우 식생단위 1과 2는 신갈나무, 소나무의 순으로 높은 점유정도를 나타낸 반면, 식생단위 3은 교목층은 붉나무, 환삼덩굴, 산뽕나무 순으로 아교목층은 신나무가 높은 점유정도를 나타내 교목층의 상층을 덩굴성식물이 피압하고 있는 구조를 나타내었다. 관목층의 경우 식생단위 1, 2, 3 모두 광대싸리가 가장 높은 점유정도를 보였다. 연구대상종인 대구으아리는 관목층 이하에서 높은 점유정도를 보였으며, 식생단위 3에서 47.2로 식생단위 1(14.3)과 식생단위 2(20.3)에 비해 상당히 높은 점유정도를 보였다. 다른 식생단위에 비해 교목층과 아교목층의 수고가 낮았던 식생단위 3의 경우 환삼덩굴과 다래가 상층을 덮고 있는 구조로 하층에 광량 유입을 차단하는 구조로 나타났다. 과거 대구으아리가 최초 발견된 대구의 자생지의 경우 그 분포 면적이 축소되고 있는 것으로 확인되고 있어 현지외 보전을 위한 방안의 중요성이 강조되고 있다. 식생단위 3의 자생지 또한 낮은 유입광량으로 인한 대구으아리 개체군 쇠퇴가 예상되므로 충분한 광량 확보를 통해 개체의 지속적인 갱신을 유도해야 할 것으로 판단된다.

P43

**Genetic differentiation and marker development in East Asian *Calystegia soldanella* (L.) R.Br. populations**

Tae-Hee Kim<sup>P</sup>, Ju Eun Jang, Ara Cho, Ye-Rim Choi, Joonhyung Jung, Hee-Young Gil<sup>C</sup>

Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum, Pocheon 11186

*Calystegia soldanella* (L.) R.Br. (Convolvulaceae) is a characteristic dune plant in temperate and subtropical coastal sandy areas of the Pacific Ocean, including Korea. Due to habitat specialization in dunes, *C. soldanella* occupies a crucial ecological niche in coastal ecosystems, and its genomic, genetic diversity and phylogenetic data are essential for developing effective conservation strategies for dune plants. In this study, we constructed a draft genome of *C. soldanella* and analyzed genetic diversity on individuals from both domestic and overseas populations. The draft genome comprised 641.2 Mb across 425 contigs, with an N50 contig length of 45.8 Mb. We conducted 3-enzyme restriction site associated DNA (3RAD) sequencing on 103 individuals of *C. soldanella* from 16 populations in Korea and Taiwan, identifying 7,657 single nucleotide polymorphisms (SNPs) and analyzing their genetic diversity and population structure. The results demonstrated a clear genetic distinction between Korean and Taiwanese populations. Notably, the Geoje population in Korea exhibited the highest level of genetic divergence among the domestic populations. To preserve the unique genotypes of Korean populations, 18 SNPs were selected to distinguish domestic individuals from Taiwanese, resulting in the development of seven final molecular markers. The results of this study will contribute to establishing conservation strategies for *C. soldanella*.

This research was funded by Scientific Research Grants (KNA 1-2-41-22-1) of the Korea National Arboretum.

P44

### 3D RAD-seq 기법을 이용한 한반도 고유종 봉래꼬리풀 개체군의 집단유전학적 연구

곽호권<sup>P</sup>, 박유정, 강하람, 이하림, 박지은, 김혜연, 최재은, 천경식

상지대학교 생명환경대학 생명과학과, 원주

현삼과(Scrophulariaceae Juss.), 꼬리풀속 [*Pseudolysimachion* (W.D.J. Koch) Poiz]에 속하는 봉래꼬리풀 [*Pseudolysimachion kiusianum* var. *diamantiacum* (Nakai) T. Yamaz.]은 다년생 초본으로 강원도 금강산, 설악산의 고산 지역에만 국한되어 분포한다. 본 종은 한반도 고유종이며, 환경부 적색목록자료집 취약(VU)등급 및 산림청 적색목록의 멸종위기(CR)등급으로 평가될 정도로 보전가치가 높은 종이지만 이를 위한 연구는 전무한 실정이다. 이에 본 연구는 차세대 염기서열 분석법(NGS) 기반의 3D RAD-seq 기법을 이용하여 봉래꼬리풀의 유전적 다양성과 개체군의 구조를 파악하여 보전을 위한 기초자료를 제공하고자 하였다. 6개 집단 93개체에서 얻어진 총 1,362개의 SNPs을 이용하여 분석한 결과, 평균 대립유전자 수( $N_a$ )는 1.641개, 유효 대립유전자 수( $N_e$ ) 1.276개로 확인되었으며, 관측 이형접합도( $H_o$ ), 기대 이형접합도( $H_e$ )의 평균은 각각 0.187, 0.174이었다. 근교계수( $F_{IS}$ )는 0에 근사하거나 그 이하였으며, 집단 간 유전적 분화도( $F_{ST}$ )는 0.110로 중간 수준으로 확인되었다. AMOVA 결과, Within individuals가 77%로 동일 집단 내 서로 다른 개체들 간에 높은 유전적 다름을 보이는 것으로 확인되었다. PCoA에서는 SI, WA 집단을 제외한 나머지 집단들이 독립적으로 유집되었다. 또한 UPGMA 분석에서는 크게 clade 1 (SI, WA), clade 2 (HR), clade 3 (KK, JH, SB) 세 개 그룹으로 구분되었다. STRUCTURE 분석은  $\Delta K$ 는  $K = 6$ 일 때 가장 높은 것으로 확인되었으며, 봉래꼬리풀 각 집단이 명확하게 구분되는 것을 확인하였다. 해당 결과로 볼 때 단순 증식방안으로 인한 무분별한 유전형의 혼합은 각 집단의 고유한 유전형을 희석할 수 있어 보전 및 관리방안 수립 시 지양해야 할 것으로 판단된다.

\* 본 논문은 정부(환경부)의 재원으로 국립생물자원관의 지원을 받아 수행하였습니다 (NIBR202405202).

P45

## 한반도 특산식물인 꽃잔대(*Adenophora koreana* Kitam.)의 국내 분포 및 계통유연관계

김혜연<sup>1</sup>, 박유정, 강하람, 이하림, 곽호권, 천경식

상지대학교 생명환경대학 생명과학과, 원주

잔대속(*Adenophora* Fisch.), 층층잔대절(Sect. *Platyphylla*)에 속하며 꽃받침에 결각이 있는 종류는 잔대(*Adenophora triphylla* var. *japonica*)와 꽃잔대(*Adenophora koreana* Kitam.) 2분류군이며, 이 중 꽃잔대는 한반도 특산식물로 북한에만 자생하는 것으로 알려져 있다. 이러한 기록에 의해 국내에서 확인되는 꽃받침에 결각이 있는 층층잔대절 식물은 대부분 잔대(*A. triphylla* var. *japonica*)로 동정되고 있다. 본 연구는 국내 표본관에 소장되어 있는 잔대의 석엽표본을 관찰하던 중 일본에 분포하는 잔대와 형태적으로 다름이 인지되어 해당 분류군의 실체를 확인하기 위해 수행되었다. 이를 위해 해당 분류군을 포함한 잔대속 8분류군의 엽록체 게놈 내 모든 단백질 코딩 유전자(protein coding genes, PCGs)를 이용한 계통분석을 실시하였다. 그 결과 해당 분류군은 NJ tree에서는 외대잔대(*A. racemosa*)와, ML tree에서는 가야산잔대(*A. kayasanensis*)와 하나의 clade를 형성하였으며, 두 개의 tree 모두에서 잔대의 모종인 층층잔대(*A. triphylla*)와는 비교적 먼 유연관계를 보였다. 따라서, 해당 분류군은 잔대(*A. triphylla* var. *japonica*)가 아닌 것으로 추정되었으며, 잎이 윤생하고, 깔대기형인 화관을 가지는 특징 등으로 미루어 볼 때 북한에만 분포하는 것으로 알려져 있는 꽃잔대로 추정되었다. 따라서 꽃잔대는 국내에서도 분포하며, 현장 조사 및 석엽표본 등의 자료 등을 종합해 볼 때 국내에서의 분포역은 주로 강원도와 충청북도 이북의 비교적 높은 지역으로 판단되었다.

\* 본 논문은 2024년도 정부(교육부)의 재원으로 한국연구재단의 지원을 받아 수행된 기초연구사업입니다(RS-2023-00243708).

P46

**The complete chloroplast genome of *Apocynum lancifolium* (Apocynaceae)**

Sunhee Sim<sup>p</sup>, Ae-Ra Moon, Yoonkyung Lee, Eunsil Lee, JinHee Kim, Minha Kim<sup>c</sup>

Biodiversity Research Department Species Diversity Research Division, National Institute of Biological Resources, Incheon, Korea

*Apocynum lancifolium*, a perennial plant belonging to the Apocynaceae family, has gained attention as a potential source for pharmaceutical and cosmetic ingredients due to its reported antioxidant and anti-inflammatory properties. In South Korea, it was considered a rare species until the 1970s, with only a few specimens collected from Pyeongtaek-si, Yeosu-si, and Danyang-gun regions. Consequently, it was classified as Vulnerable (VU) in the Korean Red List of Threatened Species by the Ministry of Environment. Following the discovery of a native habitat in Siheung, Gyeonggi Province in 2005, subsequent surveys revealed over 14 new distribution sites, including areas in Baengnyeongdo and Deokjeokgundo of Incheon Metropolitan City, and Buan-gun in Jeonbuk-do. To analyze the genetic diversity of native *A. lancifolium* populations in Korea, chloroplast genome analysis was conducted using specimens from the Siheung region as a reference. The analysis revealed that the chloroplast genome of *A. lancifolium* is 150,856 bp in length with a GC content of 36.2%. The genome structure consists of a large single-copy (LSC) region, a small single-copy (SSC) region, and two inverted repeat (IR) regions. It was determined to contain 130 genes in total.

\* This work was supported by National Institute of Biological Resources(NIBR) grant(NIBR202405103, NIBR202402101) funded by the Ministry of Environment (MOE) of the Republic of Korea

P47

## ribosomal DNA를 이용한 한국 자생 국화속 집단의 세포유전학적 연구

문미정<sup>P</sup>, 김정성

충북대학교 산림학과, 청주

국내에 자생하는 국화속 (*Chrysanthemum* L.)은 한반도 전역에 분포하며, 대부분 산 정상 혹은 능선부에서 서식하고 있다. 우리나라를 포함하여 중국, 일본 등 동아시아를 중심으로 약 41개의 종을 포함하는 것으로 알려져 있으나, 최근 국내에서는 자생 국화속이 광범위한 변이를 포함하는 종복합체 (species complex)를 형성하는 것으로 접근하고 있다. 실제로 국화속의 경우 해부학적, 유전학적, 핵형학적 연구를 통해 분류군 내에 다양한 변이가 있음이 보고되어왔다. 그러나 2배체( $2n = 18$ )부터 10배체( $2n = 90$ )까지 다양한 배수성이 보고된 자생 국화속에 대한 종 내 혹은 종 간의 세포유전학적 연구는 아직 미흡한 수준이다. 본 연구에서는 국내에 자생하는 국화속의 4배체 집단을 대상으로 집단 및 종간 세포유전학적 다양성을 분석하는 것을 목적으로 수행하였다. 배수화 과정에서 보존적인 염기서열(rDNA)의 변화를 확인하고자 수행되었다. 국내 전역에 분포하는 국화속 식물을 대상으로 41개 집단을 수집하여 flow-cytometry (기기명, 제조사명)를 이용하여 1차적으로 배수성을 판정하여 4배체에 해당하는 genome size를 가지는 것을 확인하였다. 이들 4배체 집단은 형태학적으로 구절초 무리 (*C. zawadskii* complex)와 감국 무리 (*C. indicum* complex)에 해당하였다. 이 중 15개 집단을 대상으로 5S 및 18S ribosomal DNAs를 이용하여 FISH(Fluorescence *in situ* hybridization) 분석을 시도하였다. FISH 실험을 수행한 결과, 15개 집단 모두  $2n = 36$ 의 염색체를 가지며, 4개의 5S rDNA signal이 발현됨을 확인하였다. 반면에 18s rDNA는 7~10개의 signal이 관찰되었으며 서로 다른 종에 따른 규칙적인 발현 패턴은 발견하지 못하였다. 본 연구를 통해 5S rDNA가 배수성에 따른 세포유전학적 마커임을 확인하였으며, 보다 다양한 집단을 이용하여 개체수준에서의 분석을 통해 향후 국화속 식물의 세포유전학적 다양성과 종 간의 유연관계를 규명할 필요가 있다고 판단된다.

\* 본 연구는 한국연구재단의 지원 (2017R1D1A1A0201857, 2020R1I1A2053517)을 받아 수행되었습니다.

P48

### Structural genomic evolution of Macaronesian *Echium* (Boraginaceae)

Ji-Hyeon Jeon<sup>D1#</sup>, Ui-Chan Jung<sup>1#</sup>, J. Alfredo Reyes-Betancort<sup>2</sup>, Arnoldo Santos-Guerra<sup>3</sup>,  
Seung-Chul Kim<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University, Suwon, Korea;

<sup>2</sup>Jardín de Aclimatación de La Orotava, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias (ICIA), Puerto de la Cruz, Tenerife, Spain; <sup>3</sup>Calle Guaidil 16, Tegueste, Tenerife, Spain

<sup>#</sup>These authors contributed equally to this study

Oceanic islands are considered natural laboratories of evolution, with various adaptive evolution in their diverse and isolated environments resulting in a high level of endemism and biodiversity. Macaronesia includes four volcanic archipelagos in the North Atlantic Ocean, renowned for the divergence, diversification and adaptive evolution of endemic plants. Particularly, the Canary Islands of Macaronesia represent a high level of endemism (ca. 40%) stemming from their geological age range (1-21 Myr) and geographical proximity to Africa. Comparative genomic studies of Canarian endemic plant species can unravel the genetic mechanism of rapid adaptive evolution of endemic plants to oceanic islands. The genus *Echium* (Boraginaceae) includes 28 Macaronesian species, representing spectacular variation in their phenotypes, ecologies, plant habits and duration shaped by adaptive radiation. To understand the influence of structural genomic variation on the rapid evolution and diversification of Macaronesian *Echium*, we sequenced, assembled, and annotated draft genomes of four phenotypically and ecologically distinct *Echium* species endemic to the Canary Islands: herbaceous annual-biennial *E. bonnetii*, subalpine candelabra tree *E. gentianooides*, lowland candelabra tree *E. hierrense*, and rosette-forming and monocarpic *E. wildpretii*. Their genomic synteny identified outstanding genomic rearrangements and genomic segmental duplications within the genomes of the four Canarian *Echium* species, which have possibly facilitated their rapid diversification, phenotypic changes, and adaptive evolution. This first comparative genomic study of Macaronesian *Echium* will pave the way for further understandings of unique adaptive evolution of *Echium* species on Macaronesia, including insular woodiness.



P49

### A genome-level analysis of genetic variation reveals a distinct separation of *Lysimachia leucantha* (Primulaceae) populations in Jeju Island

JunHyun Hur<sup>p1</sup>, DoHyeon Kwag<sup>2</sup>, SeoHyeon Kim<sup>3</sup>, Sang-Tae Kim<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Department of Life Sciences, Graduate School, The Catholic University of Korea, Bucheon, Republic of Korea; <sup>2</sup>Department of Biotechnology, The Catholic University of Korea, Bucheon, Republic of Korea; <sup>3</sup>Department of Medical and Biological Sciences, The Catholic University of Korea, Bucheon, Republic of Korea

*Lysimachia leucantha* Maxim., a perennial herbaceous plant in the family Primulaceae, has been known to inhabit only the southern wetland regions in South Korea. We have intensively explored substantial populations of the species and found only several populations only in Jeju Island. In order to access the genetic variability of each population and diversification among populations of *L. leucantha* from Jeju Island, we obtained genome level of sequencing data with 67 individual plants from 4 populations via the double digestion restriction associated DNA tag sequencing method (ddRAD-seq). A total of 12,463 high-quality genome-wide SNPs were obtained and analyzed to investigate genetic diversity and differentiation within and among populations. Also, we accessed the genetic clustering and admixtures among populations using PCoA and STRUCTURE analyses. Our results indicated significant genetic differentiations among populations and a distinct separation between eastern and western populations. Our study might provide fundamental data for effective managements and conservation policies with Korean *L. leucantha*, currently designated as a vulnerable (VU) species in the National Red List of the National Institute of Biological Resources.

**Keywords:** *Lysimachia leucantha*, Jeju Island, ddRAD, GBS, genetic diversity, population genetics, STRUCTURE

P50

The complete chloroplast genome of *Persicaria pensylvanica*:  
A comparative phylogenetic analyses of the genus *Persicaria*

JunHyun Hur<sup>p1</sup>, Sang-Tae Kim<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Department of Life Sciences, Graduate School, The Catholic University of Korea, Bucheon, Republic of Korea; <sup>2</sup>Department of Medical and Biological Sciences, The Catholic University of Korea, Bucheon, Republic of Korea

*Persicaria pensylvanica* (L.) M.Gómez (= *Polygonum pensylvanicum* L.), commonly known as Pennsylvania smartweed or pinkweed, is a species of flowering plant in the buckwheat family (Polygonaceae). This annual herb exhibits remarkable adaptability to various soil types, thriving in all drainage classes except extremely drought-prone soils. Its seeds serve as an excellent food source for wildlife, particularly waterfowls. In this study, we present the complete chloroplast genome of *Persicaria pensylvanica* using a plant collected from Southborough, MA, USA in July 2023. DNA sequences from the whole genome sequencing via Illumina platform were used for *de novo* assembly using various analytic tools. The complete chloroplast genome was identified with the length of 159,036 bp, including two inverted repeat (IR) regions of 31,141 bp each, a large single-copy (LSC) region of 83,604 bp, and a small single-copy (SSC) region of 13,150 bp. Genome annotation revealed a total of 132 unique genes, including 87 protein-coding genes (CDS), 37 transfer RNA (tRNA) genes, and 8 ribosomal RNA (rRNA) genes, with 19 genes duplicated in the IR regions. The phylogenetic relationship of the genus using known CP genomes and *P. pensylvanica* was analyzed using the Maximum Likelihood (ML) method. Our results suggested that *P. pensylvanica* is most closely related to *P. maculosa* and provided the taxonomic insight to the sectional level of relationship in the genus *Persicaria*.

**Keywords:** *Persicaria pensylvanica*, Chloroplast genome, Polygonaceae, Phylogenetic analysis

P51

Comparative phylogeography of two endemic *Tulipa* species in Central Asia: *T. korolkowii* and *T. greigii*

Hyeon Jin Jeong<sup>1</sup>, Young-Ho Ha<sup>1</sup>, Ju Eun Jang<sup>1</sup>, Aleksey L. Kim<sup>1</sup>, Komiljon Sh. Tojibaev<sup>2</sup>, Georgii A. Lazkov<sup>3</sup>, Chang-Gee Jang<sup>4</sup>, Hyeok Jae Choi<sup>5</sup>, Hee-Young Gil<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum, Pocheon, Korea; <sup>2</sup>Institute of Botany, Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan, Tashkent, Uzbekistan; <sup>3</sup>Institute of Biology, National Academy of Sciences, Bishkek, Kyrgyzstan; <sup>4</sup>Department of Biology Education, Kongju University, Gongju, Korea; <sup>5</sup>Department of Biology and Chemistry, Changwon National University, Changwon, Korea

A phylogeographic study was conducted on two *Tulipa* species endemic to Central Asia, a region recognized as a center of tulip diversity. The region's high mountain ranges are thought to have driven the diversification of *Tulipa*, highlighting the importance of understanding their genetic characteristics. Using multiplexed phylogenetic marker sequencing (MPM-seq), haplotype networks for both species were constructed, complemented by phylogenetic analysis of the ITS region and divergence time estimation using three chloroplast DNA regions. The results revealed significant differences in the haplotype network patterns of the two species. *Tulipa korolkowii* exhibited three distinct haplotype groups, whereas *T. greigii* showed a single dominant haplotype with minor variations forming peripheral haplotypes. The contrasting genetic patterns could be explained by differences in the species' distributions and reproductive traits. *Tulipa korolkowii* is reported to have a broad extent of occurrence but a much narrow area of occupancy, likely contributing to greater isolation among its populations. In contrast, *T. greigii* is found in significantly higher numbers of individuals in its habitat, likely resulting in less isolation. Moreover, while *Tulipa* species can propagate via bulbs, *T. greigii* primarily reproduces through seeds, observed in less dense patches. This reproductive strategy likely enhances genetic connectivity among its populations. By comparing the haplotype networks of these two *Tulipa* species, this study provides insights into the evolutionary and ecological factors shaping their genetic characteristics.

\*This research was supported by "Central Asia Green Road Project III. Research of Central Asia origin cultivated plants" (KNA1-2-49-25-2) from the Korea National Arboretum.

P52

Genetic diversity and population structure of endangered species  
*Juniperus chinensis* var. *sargentii* (Cupressaceae)  
using genotyping-by-sequencing

Sung Kyung Han<sup>p</sup>, Sung-Hyuk Park, Dong-Hyoung Lee, Sung-Mo An, Jeongsuk Kang,  
Jun-Gi Byeon, Sang-Hyun Lee<sup>c</sup>

Baekdudaegan Conservation Division, Baekdudaegan National Arboretum, Bonghwa, Korea

*Juniperus chinensis* var. *sargentii*, a prostrate evergreen shrub, is distributed in Northeast Asia and the subalpine regions of Korea. In Korea, this species is classified as endangered (VU) due to its limited distribution and declining population, necessitating urgent conservation strategies. In this study, we employed genotyping-by-sequencing (GBS) to analyze the genetic diversity and population structure of *J. chinensis* var. *sargentii*. After filtering, 13,373 SNPs were detected from 96 individuals representing 8 populations. Mean nucleotide diversity was 0.215, with a range from 0.175 (BD) to 0.252 (PH). Observed heterozygosity ( $H_o$ ) was 0.252, expected heterozygosity ( $H_e$ ) was 0.204, and  $F_{IS}$  was -0.046. PCA, DAPC, and population structure analyses revealed distinct genetic clades among populations in DSB, BD, SA, and PH, supported by phylogenetic analysis confirming the monophyly of major populations. Populations from PH, DSB, and BD, which exhibit scale leaves similar to those of *J. chinensis* var. *sargentii*, were initially included in the analysis. However, genetic analysis revealed that these populations are genetically distinct from *J. chinensis* var. *sargentii*, despite their morphological similarity. The *J. chinensis* var. *sargentii* populations in Korea were divided into the Jeju group (SP, YS) and the Peninsula group (GT, GA, and JR). These results will provide important information for the conservation and management of the endangered *J. chinensis* var. *sargentii*.

P53

**Comparative analysis of the complete plastomes of three *Cardamine* in Korea and phylogenomic study of *Cardamine* (Brassicaceae, Brassicales)**

Sangjin Jo<sup>P</sup>, Changyoung Lee, Sangho Choi, Soo-Yong Kim

International Biological Material Research Center (IBMRC), Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), Daejeon 34141, Republic of Korea

In this study, we report the complete plastome sequences of three *Cardamine* species (NCBI acc. nos. PP780910-PP780912). They show typical quadripartite structure, which consists of large single copy (LSC), small single-copy (SSC), and two inverted repeat (IR) regions. The plastome sizes ranged from 154,449 to 155,160 bp. They contain 112 genes, including 78 protein-coding, 30 tRNA, and four rRNA genes. The *infA* gene is pseudogenized. Sixteen genes contain one intron and two genes (*clpP* and *ycf3*) have two introns. To identify regions of high divergence, we calculated nucleotide diversity ( $P_i$ ) values across 27 *Cardamine* complete plastomes. Our result showed four regions with notably high divergence ( $P_i > 0.03$ ) (Figure 2); *rp32-trnL-UAG* (0.03438), *ycf1* (0.03282), *ndhF-rp32* (0.0318), and *ndhC-trnV-UAC* (0.03118). The phylogenomic trees show that the genus *Cardamine* is divided into three clades, with *C. komarovii* and *C. scutata* located in clade I, and *C. leucantha* in clade II. In order to elucidate the interrelationship among the three clades, it is imperative to conduct additional investigations by augmenting the number of *Cardamine* samples.

P54

**Genetic diversity and evolution of the plastomes in *Lactoris fernandeziana* (Lactoridaceae) endemic to the Juan Fernández Islands, Chile**

Myong-Suk Cho<sup>P1</sup>, Daniel J. Crawford<sup>2</sup>, Tod F. Stuessy<sup>3</sup>, Patricio López-Sepúlveda<sup>4</sup>,  
Seung-Chul Kim<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University, Suwon, Korea:

<sup>2</sup>Department of Ecology and Evolutionary Biology and the Biodiversity Institute, University of Kansas, Lawrence, KS 60045, USA: <sup>3</sup>Department of Evolution, Ecology, and Organismal

Biology, The Ohio State University, Columbus, OH 43212, USA: <sup>4</sup>Departamento de Botánica, Universidad de Concepción, Concepción, Chile

*Lactoris fernandeziana* endemic to Robinson Crusoe Island of the Juan Fernández Archipelago is known as the single remaining species of Lactoridaceae that is a relic of early angiosperm ('a paleoherb'). Interest in its rarity and potentially basal position in angiosperms has stimulated various studies attempting to determine its origin and relationship, however, the placement of *Lactoris* remains to be uncertain. APG classification (2016) once included Lactoridaceae into Aristolochiaceae, but later studies proposed to restore its familial status. In this study, we assembled seven complete plastome sequences of *L. fernandeziana* and carried out phylogenetic and phylogenomic analyses to better understand the plastome evolution and genetic diversity of this peculiar species. Plastomes of *L. fernandeziana* showed the typical quadripartite structure consisting of LSC, SSC and two copies of IR, but their IR was considerably expanded including seven additional full-length genes, which are found in the LSC of Aristolochiaceae, supporting former study. Plastome-based ML phylogeny including *L. fernandeziana* and its closely related species of Aristolochiaceae and Asaraceae confirmed the monophyly of *Lactoris*. Within Robinson Crusoe Island, *L. fernandeziana* exhibited some geographical genetic structure in concord with TCS haplotype network. Phylogenomic analyses revealed 18 mutations within the plastomes of *L. fernandeziana*, however, their genetic diversity is much lower than *Dendroseris* or *Robinsonia* species that are endemic to same island, but diverged to several species through adaptive radiation on the Islands.

P55

### 별개풀(*Dracocephalum rupestre* Hance)의 집단유전체학적 연구과 보전 전략

임지은<sup>1</sup>, Homervergel G. Ong<sup>1</sup>, 이정훈<sup>2</sup>, 정의권<sup>1</sup>, 김우호<sup>1</sup>, 김승휘<sup>1</sup>, 송수연<sup>1</sup>, 김영동<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>한림대학교 자연과학대학 생명과학과, 춘천; <sup>2</sup>온생물자원연구소(OBRRI), 춘천

별개풀(*D. rupestre*)은 꿀풀과(Lamiaceae Martinov) 용머리속(*Dracocephalum* L.)의 다년생 초본으로, 동아시아에 분포하며 국내에서는 강원도 석회암 지대 바위틈에 제한적으로 분포한다. 본 종은 환경부 국가생물적색자료집 기준 준위협(NT) 등급과 산림청 적색목록 취약(VU) 등급으로 평가되고 있으며, 채석장 운영 등 광산 개발에 의한 생육지 면적 및 범위의 쇠퇴가 우려된다. 본 연구는 별개풀의 자생지 현황 파악 및 집단유전체학 연구를 통해 효율적인 보전 전략을 수립하고자 수행되었다. 강원도 지역 5개 집단 83개체를 대상으로 GBS 분석을 수행하여 4,873개의 SNP를 확보하였다. 분석 결과, 평균 예측 이형접합도( $He$ )는 0.231이었으며, 동일 기법으로 연구된 근연종 *D. ruyschiana* ( $He = 0.270$ )보다 다소 낮은 수준이었다. 한편 석빙산과 덕향산 집단에서는 근교계수( $F$ )가 양의 값을 보여 근친교배의 가능성이 제시되었다. AMOVA 분석 결과, 전체 변이의 75%가 개체 내 변이로 확인되었으며, 집단 간 유전적 분화도( $F_{ST}$ )는 0.115로 확인되었다. PCoA와 STRUCTURE 분석에서는 석빙산과 미인폭포 집단이 뚜렷하게 분리되었고, 특히 각희산과 미인폭포 집단 간에는 가장 높은 유전적 분화도( $F_{ST} = 0.150$ )를 보였다. 이러한 유전적 분화 및 구조는 산맥과 협곡이라는 지리적 장벽에 기인한 것으로 판단되었다. 본 연구를 통해 확보한 국내 별개풀 집단의 유전적 기초 자료와 집단별 생태적 특성은 정기적 모니터링, 서식지 보호 조치, 인공 서식지 조성, 유전자은행 구축 등을 통한 종 보존 전략 수립에 활용할 수 있을 것으로 기대한다.

\* 본 연구는 환경부의 재원으로 국립생물자원관의 지원을 받아 수행하였습니다(NIBR 202405202).

P56

## Phylogenomics of genus *Ceratophyllum* L.

KyoungSu Choi<sup>P</sup>

Department of Biology, Kyungpook National University, Daegu, Korea

*Ceratophyllum* L., the monotypic genus of the family Ceratophyllaceae, consists of perennial submerged aquatic herbs distributed throughout the world. The taxonomy of the genus is challenging, and it is widely accepted that the fruit provides the most important characters for distinguishing different taxa within the genus *Ceratophyllum*. In Korea, two *Ceratophyllum* taxa (*C. demersum* var. *demersum* and *C. demersum* var. *quadrispnium*) have been recognized. Recently, an unrecorded species (*C. demersum* var. *inerme*) was reported in addition to these two species. *C. demersum* and *C. demersum* var. *quadrispnium* share two basal spines on the fruit. However, the fruit of *C. demersum* var. *inerme* does not have basal spines. This study aims to (1) compare the cp genomes within *Ceratophyllum* species, (2) identify divergent hotspot regions in the cp genomes among *Ceratophyllum* species, (3) perform phylogenomics within *Ceratophyllum* species. Three *Ceratophyllum* chloroplast genomes range from 156,104bp to 156,174bp and exhibit a typical quadripartite structure, including a large single copy region (86,544-86,616bp), a small single copy region (18,912-19,005 bp), and a pair of inverted repeats (25,317-25,324bp). The average GC content of the CP genomes was 38.2% and a total of 129 genes were detected. Phylogenetic analysis based on the cp genome sequences showed that *Ceratophyllum* species were clustered into a single clade. We evaluated the identification efficiency of highly variable region fragments. These results will provide the valuable information to better understand the phylogeny and molecular markers of *Ceratophyllum*.



P57

**Polyploidization in *Carex siderosticta*,  
a holocentric chromosome possessing taxon (Cyperaceae)**

정경숙<sup>P</sup>, 박승민, 김의영

중원대학교 식품제약학과

*Carex siderosticta* Hance is characterized with long rhizomes, broad leaves, androgynous spikes (male flowers on the top), 3-stigmas, and trigonous perigynia. It occurs widely in East Asia, including China, Japan, Korea, and Russia (Far East). Various levels of ploidy have been reported for the species: diploids ( $2n = 2x = 12$ ), triploids ( $2n = 3x = 18$ ), and tetraploids ( $2n = 4x = 24$ ). The genus *Carex* is the most species-rich group in temperate zones characterized with holocentric chromosomes (diffuse centromeres and/or kinetochores). Continuous variations in chromosome numbers, from  $n = 6$  to  $n = 48$  ( $n = 6 \sim 66$  in *Carex*), are observed, suggesting intense aneuploidy (cf., agmatoploidy and/or symploidy). *C. siderosticta* exhibits exceptionally distinct polyploidy in the genus. Furthermore, various karyotypes have been detected in the species. Nuclear DNA markers (ITS, ETS, GZF, *Chis*, *CatP*, and G3PDH) were analyzed to clarify genetic diversity and phylogenetic relationships among polyploids. The DNA data indicate deletion and/or insertion events and non-monophyly. Based on nDNA data and diffuse centromere chromosome features, potential scenarios for various ploidy levels and karyotypes are hypothesized. Understanding cytogenetic diversity in *C. siderosticta*, a basal lineage in *Carex*, is crucial to uncover the dynamic chromosomal speciation in the genus.

\* This research was supported by the Basic Science Research Program through the National Research Foundation of Korea (NRF) funded by the Ministry of Education (NRF-2021R111A3060260).

P58

Population genomics of *Tofieldia yoshiiana* var. *koreana* using GBS

Woo-Ho Kim<sup>p1</sup>, Jung-Hoon Lee<sup>2</sup>, Eui-Kwon Jung<sup>1</sup>, Homervergel G. Ong<sup>1</sup>, Ji-Eun Lim<sup>1</sup>,  
Tae-Hun Kim<sup>1</sup>, Min-Jea Kang<sup>1</sup>, Seung-Hwi Kim<sup>1</sup>, Young-Dong Kim<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>Department of Life Sciences, Hallym University, Chuncheon; <sup>2</sup>On Biological Resource  
Research Institute (OBRRI), Chuncheon

*Tofieldia yoshiiana* var. *koreana* is a perennial herb in the Tofieldiaceae and is a rare plant species in Korea. Its IUCN Red List status is Vulnerable (VU) according to the Korea Ministry of Environment, and Endangered (EN) based on the Korea National Arboretum. Despite these, and to our knowledge, no genetic research at the population level has so far been conducted for its conservation. Here, we present our population genetic analysis findings based on genome-wide SNPs as markers, to provide useful information for establishing conservation strategies for *T. yoshiiana* var. *koreana*, including for the more recently described endemic *T. ulleungensis* and the more widespread *T. coccinea* var. *coccinea*. Our results showed that all three species have low levels of genetic diversity (He). The PCoA and STRUCTURE analyses indicated that *T. yoshiiana* var. *koreana* formed a single cluster, while *T. coccinea* var. *coccinea* and *T. ulleungensis* were grouped into another cluster. Within the *T. yoshiiana* var. *koreana* populations, the PCoA showed that the three populations each formed distinct clusters, whereas the STRUCTURE indicated that the CW population formed one group, and the HC and YG populations were grouped into another cluster. The AMOVA showed that 55% of the genetic variation in the *T. yoshiiana* var. *koreana* populations resulted from within-individual genetic variation. The results of this study are expected to provide important data for the conservation of *T. yoshiiana* var. *koreana* populations.

This work was supported by a grant from the National Institute of Biological Resources (NIBR), funded by the Ministry of Environment (MOE) of the Republic of Korea(NIBR202405202).

P59

### Complete chloroplast genomes of *Miscanthus* species(Poaceae) and phylogenetic analysis within the genus

Ji Eun Kim<sup>1</sup>, Yang Su Kim<sup>2</sup>, Gyu Young Chung<sup>3</sup>, Chae Sun Na<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Division of Wild Plant and Seeds; <sup>2</sup>Departement of General Affairs General affairs team, Gangeung-Wonju National University, Gangneoung, Korea; <sup>3</sup>Department of Forest Science, Andong National University, Andong, Korea

Crop Wild Relatives(CWRs) are wild plants closely related to crops and serve as wild ancestors of cultivated species. Research on CWRs is essential to uncover genetic resources for enhancing crop genetic diversity. *Miscanthus* Andersson is a perennial grass belonging to the Poaceae family, widely distributed in Asia and the Pacific. It is known for its high biomass yield and adaptability, making it ideal for biomass energy and industrial applications. In this study, we sequenced the complete chloroplast genomes of 7 *Miscanthus* species distributed in Korea, including *M. sacchariflorus*, *M. sinensis* var. *purpurascens*, *M. sinensis*, *M. sinensis* var. *albiflorus*, *M. sinensis* var. *gracillimus*, *M. sinensis* f. *chejuensis* and *M. × longiberbis*. Additionally, phylogenetic analysis was performed to identify their closely related crop species. The chloroplast genomes ranged in length from 141,313 bp to 141,372 bp, and consisted of a large single copy(LSC)(83,116 to 83,182 bp), two inverted repeats(IRs)(22,798 to 22,799 bp), and a small single copy(SSC)(12,557 to 12,69bp). Overall, the genomes were annotated with 113 genes, comprising 79 protein-coding genes, 30 tRNA genes, and 4 rRNA genes. Phylogenetic analysis revealed that 4 species, including 3 landraces and one modern cultivar, are closely related to *M. sacchariflorus* and *M. sinensis* var. *purpurascens*, *M. × longiberbis*.

This study was carried out with the support of 'R&D Program for Forest Science Technology (Project No. 2021400B10-2525-CA02)' provided by Korea Forest Service(Korea Forestry Promotion Institute).

P60

**Patters of variation in *Viburnum carlesii* (Adoxaceae) inferred from GBS  
and morphology**

Yun-Gyeong Choi<sup>1</sup>, Watanabe Yoichi<sup>2</sup>, Sang-Hun Oh<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, Daejeon University, Daejeon, Korea; <sup>2</sup>Graduate School of Horticulture, Chiba University, Matsudo, Chiba, Japan

*Viburnum* L. (Adoxaceae) is a genus consisting of approximately 163 species of shrubs and small trees, and known for their showy inflorescences and fruits. This genus is highly valued in horticulture due to its ability to select individuals with excellent traits and the successful development of hybrid cultivars. The *V. carlesii* species is found in low hills of central and southern Korea and the western part of Japan, exhibiting wide range of morphological variation. However, the identity of the recognized varieties remains unclear, leading to taxonomic confusion. To investigate the morphological variation and genetic differentiation patterns, we investigated 14 populations of *V. carlesii*, using 11 morphological traits and 77,462 SNP loci obtained from the GBS method. The results of our analyses show that there are two genetically and morphologically distinct groups: (1) a group found in the inland regions of the Korean Peninsula (*V. carlesii* var. *bitchiuense*), and (2) a group found along the western coast of Korea, Ulleung Island, and Tsushima Island in Japan (*V. carlesii* var. *carlesii*). Interestingly, the Samcheok and Ulsan populations, located near the East Sea, exhibited intermediate characteristics of the two varieties, suggesting the possibility of hybridization. Further research, including the samples of the inland Japanese population, particularly the holotype locality of *V. carlesii* var. *bitchiuense*, and *V. × juddii* an artificial hybrid between the two varieties, will be needed to establish clear taxonomic species boundaries within *V. carlesii* and to understand the evolution of biogeography.

P61

**Fruiting traits and genetic variation in *Viburnum opulus* (Adoxaceae)**Hyun Jun Kang<sup>P</sup>, Yun Gyeong Choi, Sang-Hun Oh

Department of Biology, Daejeon University, Daejeon 34520

The relationship between the Seed Dispersal Syndrome (SDH) and genetic and geographical variation within plant species is largely unknown. For plant species interacted with avian seed dispersers, specific behavior of fruit maturation may have resulted in different patterns of variation across species. Species of *Viburnum* L. (Adoxaceae) are well-known examples dispersed by birds. For Korean *Viburnum*, the fruits are classified into two maturation types: (1) synchronous maturity fruits, which mature to red in color at the same time, and (2) sequential maturity fruits, which change to red in color as an intermediate stage and turn into black in maturity. *Viburnum opulus* var. *calvescens* (Rehder) H. Hara is widely distributed in East Asia and has synchronous maturity fruits. To study the genetic variation of the species with synchronous maturity fruits, whole-genome SNP data were generated from 14 populations of Korea and northern China. A total of 30,312 SNP loci were identified using the GBS (Genotyping-by-Sequencing) method. The results of the ML tree and PCA analysis showed no significant geographical structure and differentiation except for weakly separating of southeastern populations of Mungyeong, Daegu, and Uiryeong. This suggests that there are frequent gene flows among the populations. The red fruits of *V. opulus* var. *calvescens* remain on the plant for several months without falling off, which may provide extended time frames for birds to disperse seeds. Further studies are needed on other taxa of *Viburnum* L. that possess sequential maturity fruits.

P62

### 한반도 싸리속 2종(*Lespedeza pilosa*, *L. tomentosa*)의 엽록체 유전체 보고

박종원<sup>1</sup>, 진동필<sup>2</sup>, 김원희<sup>1</sup>

<sup>1</sup>국립생물자원관 생물소재활용과, 인천; <sup>2</sup>국립세종수목원 도시생물보전실, 세종

콩과(Fabaceae) 싸리속(*Lespedeza* Michx)은 동아시아 및 북아메리카 동부에 분포하며, 약 40종이 있는 것으로 알려져 있다. 종 내 큰 폭의 형태적 변이로 인해 종간 식별이 어려운 경우가 종종 있다. 이 중국에서는 좀싸리[*Lespedeza virgata* (Thunb.) DC.]와 분홍싸리(*L. floribunda* Bunge)를 비롯한 싸리속의 많은 종이 전통 의약재로서 많이 사용된다. 그에 비해 한국에서 전통약재로서 싸리속 식물에 대한 활용은 비수리[*L. cuneata* (Dum. Cours.) G. Don], 싸리(*L. bicolor* Trucz.)를 제외하고는 찾아보기 어렵다. 본 연구는 싸리속의 활용 가능성을 높이고자 그동안 분석되지 않은 싸리속 땅비수리절(*Juncea* (Maxim.) H. Ohashi & T. Nemoto)의 팽이싸리[*Lespedeza pilosa* (Thunb.) Siebold & Zucc.]와 개싸리[*L. tomentosa* (Thunb.) Siebold ex Maxim.]의 엽록체 유전체 분석을 실시하였다. 해당 엽록체들의 총길이는 149,056 - 149,065 bp였고, large single-copy (LSC)구간은 82,460 - 82,495 bp이며, small single-copy (SSC)구간은 18,912 - 18,932 bp이고, inverted repeat (IR)구간은 각각 23,829 - 23,832 bp 길이를 보였다. 전체 엽록체 유전체에서 protein-coding gene 83개, transfer RNA gene 37개, and ribosomal RNA gene이 8개로 총 128개였다. 해당 유전체는 *infA* 및 *rpl22* 결실, *rpl2* 및 *rps12* 인트론 결실, *trnD-Y-E* 역위 등 싸리속의 공통적인 특징을 보인다. 67개 protein coding gene을 이용한 계통학적 분석에서 땅비수리절은 3개의 분기군을 포함하는 단계통군으로 지지되었다. 첫번째 분기군은 팽이싸리가 먼저 분지되었고, 두 번째 분기군은 호비수리[*L. davurica* (Laxm.) Schindl.] 및 분홍싸리가 포함되었다. 마지막 분기군은 개싸리와 비수리, 청비수리[*L. inschanica* (Maxim.) Schindl.], 땅비수리[*L. juncea* (L. f.) Pers.]로 구성되었다. 본 연구는 싸리속의 활용 연구에 기초 정보를 제공할 것이다.

P63

## Complete Chloroplast of *Juncus* L. in Korea and Insights into the Molecular Phylogeny

Yu Gyeom Kim<sup>P</sup>, Joonhyung Jung, Hye One Kim, Joo-Hwan Kim

Department of Life Science, Gachon University, Seongnam, 13120, Korea

Juncaceae Juss. (1789), is a worldwide family that belongs to the Cyperid clade of Poales, together with Cyperaceae and Thurniaceae (APG IV). The genus *Juncus* L. is largest genera and has global economic and ethnobotanical significance, and it is frequently a keystone species in wetlands around the world, with a cosmopolitan occurrence in temperate and polar regions of both hemispheres. The genus *Juncus* comprises approximately 300 species that are notoriously challenging to identify due to subtle morphological differences. In this study, we present the construction and analysis of complete chloroplast genomes from three *Juncus* species in Korea (*Juncus decipiens* Nakai, *Juncus gracillimus* V.I.Krecz. & Gontsch., and *Juncus papillosus* Franch. & Sav.), which have been used as traditional medicinal resources, using Next-Generation Sequencing. Our analysis reveals significant variation in the size and structure of chloroplast genomes within the genus, ranging from 147,183 to 196,852 base pairs. The chloroplast genomes comprise a large single copy (LSC) region, a small single copy (SSC) region, and two inverted repeat (IR) regions. Notably, the SSC region exhibits substantial size reduction (1,960–7,567 bp), while the IR regions are exceptionally large (27,391–53,003 bp). Additionally, we conducted molecular phylogenetic analyses using protein coding gene from previously published *Juncus* chloroplast genomes. Phylogenetic trees were constructed using 77 protein coding genes through Maximum Parsimony (MP), Maximum Likelihood (ML), and Bayesian Inference (BI) methods, providing valuable insights into the evolutionary relationships within the genus *Juncus*.

\* This research was supported by a grant of the Korea Health Technology R&D Project through the Korea Health Industry Development Institute (KHIDI), funded by the Ministry of Health & Welfare, Republic of Korea (RS-2023-KH139419).

P64

국립공원 내 희귀 새우난초속(*Calanthe*)  
6종(신안새우난초, 금새우난초, 다도새우난초, 새우난초, 한라새우난초,  
여름새우난초)의 보전생태학적 연구

박승빈<sup>1</sup>, 소순구<sup>1</sup>, 장태수<sup>2</sup>, 최보경<sup>2</sup>, 명현호<sup>1</sup>, 박홍철<sup>1</sup>, 김진원<sup>1</sup>, 윤형진<sup>1</sup>, 최대훈<sup>1</sup>, 전청옥<sup>1</sup>, 이재창<sup>1</sup>

<sup>1</sup>국립공원공단 국립공원연구원; <sup>2</sup>충남대학교

본 연구는 국립공원 자생식물 보전 종합계획에 의거 국립공원 내 보전가치가 매우 높은 자생식물의 생육지를 체계적으로 보전·관리하기 위하여 새우난초속 6종(신안새우난초, 금새우난초, 다도새우난초, 새우난초, 한라새우난초, 여름새우난초)을 대상으로 104개의 위치 좌표를 수집하고 총 36개 지점에서 생육지조사 및 토양이화학 특성 분석을 통해 생육환경 조건을 확인하고 근연종과의 계통학적 분석을 수행하였다. 새우난초속의 경우 태안해안국립공원, 변산반도국립공원, 다도해해상국립공원, 한려해상국립공원과 울릉도, 제주도 등 해안성 기후대에 주로 분포하는 특성을 보였고, 주로 반그늘에 습도가 높은 지역을 선호하지만 배수가 잘되는 곳에 생육하였다. 토양이화학 분석 결과, pH 4.92~5.96으로 약산성이며, 질소함량은 0.42%~1.06%으로 높게 나타났고, 유기물함량은 21.13%~42.87%로 높게 분석되었다. 핵 DNA ITS구간에 대한 염기서열을 근거로 계통유전학적 분석을 실시한 결과, 6종 중 여름새우난초가 가장 유전적 거리가 멀고 나머지 5종은 유전적으로 가까운 것으로 나타났으며, 유전적 데이터를 근거로 볼 때, 한라새우난초와 다도새우난초는 잡종기원을 통해 형성된 종으로 판단되었다. 또한 신안새우난초는 홍도와 가거도는 지역간 유전적 차이가 뚜렷하게 나타났다. 다도해해상국립공원에 생육하는 신안새우난초, 다도새우난초와 제주도에 생육하는 여름새우난초는 자생지가 제한적으로 분포하고 있었다. 특히 멸종위기야생생물Ⅱ급에 해당하는 신안새우난초는 심미적 가치가 높아 남획 등으로 인해 생육지 내 개체수가 감소에 따라 유전적 다양성 증진을 위한 노력과 지속적인 모니터링 및 자생지 보호가 필요한 실정이다. 본 연구 결과를 통해 국립공원을 포함한 한반도 내 멸종위기에 처한 식물의 보전전략 수립을 위한 방향성을 제시하고자 한다.



P65

## Complete Chloroplast Genomes of *Erythronium* L.: Insights into Molecular Phylogeny and Evolutionary Relationships

Yu Gyeom Kim<sup>P</sup>, Joo-Hwan Kim

Department of Life Science, Gachon University, Seongnam, 13120, Korea

*Erythronium* L., a genus within the family Liliaceae Juss. is renowned for its striking flowers with six petals, which exhibit various forms and are admired by many despite their brief flowering period. The bulb of these plants are rich in starch, edible and historically served as a food source in Japan and Korea. Members of the genus are commonly distributed across the Northern Hemisphere, thriving in temperate forest and grassland. Currently, 33 species of *Erythronium* are recognized, with the majority occurring in western North America. In this study, we constructed and analyzed the complete chloroplast genomes of ten *Erythronium* species using next-generation sequencing (NGS). The chloroplast genome sizes range from 150,647 to 151,827 base pairs (bp) and consist of the three typical regions found in chloroplast genomes: a large single copy (LSC) region of 81,833-82,457 bp, a small single copy (SSC) region of 17,184-17,557 bp, and a pair of inverted repeats (IR) regions measuring 25,677-26,015 bp each. Additionally, we identified the *infA* gene as pseudogenized within the genus. For phylogenetic analysis, we included 50 species and 78 protein-coding genes. The total data matrix, spanning 70,436 bp, was subjected to maximum parsimony (MP), maximum likelihood (ML), and Bayesian inference (BI) methods to infer evolutionary relationships. The molecular phylogenetic tree results confirmed the division of the genus *Erythronium* into three distinct clades: Eurasian, Eastern North American, and Western North American. In addition, the genus *Amana* emerged as a *Erythronium* strong supportive bootstrap sister group.

\* This research was supported by a grant of the National Research Foundation of Korea (NRF), funded by (NRF-2017R1D1A1B06029326).

P66

### 울릉도 나리분지 표토층 eDNA 분석

유수창<sup>1</sup>, 최윤경, 강현준, 박종선, 오상훈

Department of Biology, Daejeon University, Daejeon 34520, Korea

eDNA는 환경 시료로부터 추출된 DNA로 일반적인 생물상 조사 방법을 보완하고 생물 다양성의 이해를 넓혀주는 기초 자료를 제공할 수 있다. eDNA에서 특정 유전자 구간을 선택하여 PCR 후 증폭된 산물을 이용하는 amplicon sequencing 방법과 전체 eDNA에서 de novo assemble된 유전체 조각을 이용하여 종을 검색하는 whole genome sequencing 방법이 있다. Amplicon sequencing 방법은 whole genome sequencing 방법에 비해 데이터 처리 시간 및 비용이 절감되는 장점이 있으나 eDNA 내 여러 분류군의 DNA가 균일하지 않아 eDNA 안에 있는 모든 분류군을 검출할 수 없다는 단점이 있다. 식물상이 잘 밝혀져 있고 독특한 특성을 지니는 울릉도 나리분지에서의 amplicon sequencing과 whole genome sequencing의 활용성을 검증하기 위해, 울릉도 나리분지에 있는 3개 지역 7 지점의 표토층 시료 eDNA 샘플을 대상으로 식물 ITS 및 *rbcL*의 amplicon을 PCR 증폭하여 종 다양성을 조사하였다. Whole genome sequencing은 3개 지역 3지점의 표토층 시료 eDNA 샘플을 대상으로 Illumina sequencing 후 확보한 raw data를 활용하여 de novo assembly 후 엽록체 조각을 이용하여 BLAST를 통해 종 판별을 수행하였다. 표토층 eDNA의 amplicon ASV 분석 결과 ITS 구간과 *rbcL* 두 구간은 서로 상보적인 결과를 나타냈다. 신령수 약수터의 1번, 2번 지역은 너도밤나무와 양치식물이 분포하는 반면 3번 지역은 다소 노출된 공간으로 너도밤나무와 양치식물이 없고 말오줌나무, 섬제비꽃, 멸가치 등이 자라고 있는 식물상을 amplicon sequencing 방법은 잘 반영해주었다. 반면, Whole genome sequencing으로 분석한 결과는 amplicon ASV 분석에서 검출된 결과와 일치하지 않았다. 이러한 연구 결과는 amplicon sequencing 방법이 조각난 DNA가 소량으로 남아있는 토양 eDNA 분석에 합당한 것으로 판단되며, 본 연구에서 개발한 식물 ITS 및 *rbcL* amplicon 증폭을 위한 마커는 현생 생태계의 토양 시료를 이용한 식물상 모니터링에 활용할 수 있음을 보여준다.

\*본 연구는 국립생물자원관의 지원으로 수행되었음

P67

**Chloroplast genome sequencing and phylogenetic analysis  
of *Brassica tournefortii* Gouan (Brassicaceae)**

Eun Su Kang<sup>P</sup>, Dong Chan Son, Sang-Chul Kim

Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum, Pocheon, Korea

This study analyzed and determined the chloroplast genome of *Brassica tournefortii* Gouan (Brassicaceae), an alien plant in the Republic of Korea and a known invasive weed, particularly in Australia and the United States. The chloroplast genome was sequenced and found to have a total length of 153,167 bp, including a large single copy (LSC) region of 83,247 bp, a small single copy (SSC) region of 17,816 bp, and two inverted repeat (IR) regions of 26,052 bp, with a GC content of 36.3 %. The genome contains 130 genes, comprising 85 coding sequences (CDSs), 37 tRNAs, and 8 rRNAs. Among these, 17 genes are located within the IR regions, comprising 6 CDSs (*ndhB*, *rpl2*, *rpl23*, *rps7*, *rps12* and *ycf2*), 7 tRNAs (*trnA-UGC*, *trnI-CAU*, *trnI-GAU*, *trnL-CAA*, *trnN-GUU*, *trnR-ACG* and *trnV-GAC*), and 4 rRNAs (*rrn4.5*, *rrn5*, *rrn16* and *rrn23*). To investigate its phylogenetic relationships, a maximum likelihood (ML) analysis was performed based on 78 CDSs, revealing that *B. tournefortii* is closely related to *B. carinata* and *B. nigra*. These findings provide essential chloroplast genome data for *B. tournefortii*, offering a foundation for research in species identification, evolutionary studies, and understanding the mechanisms driving species invasions.

P68

**Chloroplast genome sequencing and phylogenetic analysis  
of *Cyperus eragrostis* Lam. (Cyperaceae)**

Eun Su Kang<sup>P</sup>, Sang-Chul Kim, Dong Chan Son

Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum, Pocheon, Korea

This study determined the chloroplast genome sequence of *Cyperus eragrostis* Lam. (accession no. PQ874698), a well-known ornamental plant and a common weed in introduced regions. The chloroplast genome is 184,646 bp in total length with GC content of 33.3 %, and features a quadripartite structure comprising a large single-copy (LSC) region (101,639 bp), a small single-copy (SSC) region (11,231 bp), and two inverted repeat (IR) regions (35,888 bp each). The genome includes 132 genes, consisting of 87 coding sequences (CDSs), 37 tRNAs, and eight rRNAs. Among the genes, 24 were located in the IR, including 12 CDS (*ndhA*, *ndhB*, *ndhG*, *ndhH*, *ndhI*, *rpl2*, *rpl22*, *rps12*, *rps15*, *rps19*, *rps3*, and *rps7*), 8 tRNA genes (*trnA-UGC*, *trnM-CAU*, *trnH-GUG*, *trnI-CAU*, *trnI-GAU*, *trnL-CAA*, *trnN-GUU*, and *trnR-ACG*), and 4 rRNA (*rrn4.5*, *rrn5*, *rrn16*, and *rrn23*) genes. Maximum likelihood (ML) analysis was conducted using 75 CDSs extracted from the chloroplast genomes of 20 species. The analysis revealed that *C. eragrostis* was most closely related to *C. difformis*. This study provides chloroplast data of *C. eragrostis*, and these findings will serve as an fundamental resource for phylogenetic and evolutionary studies of the *Cyperus* genus, as well as for various research areas such as studies on species invasion and conservation biology.

P69

**Comparative plastome analysis of seven Mongolian *Iris* species (Iridiaceae)**

Jong-Ho Park<sup>P1</sup>, Jae-Chul Jeong<sup>1</sup>, Shukherdorj Baasanmunkh<sup>1</sup>, Keum-Seon Jeong<sup>2</sup>,  
Hyeok-Jae Choi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology and Microbiology, Changwon National University, Changwon 51140, Korea; <sup>2</sup>Urban biodiversity department, Sejong national arboretum, 30106, Korea

The genus *Iris* L., the largest and most diverse in the Iridaceae family, is widely distributed throughout the Northern Hemisphere and extensively used for landscaping and medicinal purposes. It includes approximately 260 species, though the number of taxa remains debatable due to various taxonomic issues. A total of 21 *Iris* taxa of 20 species and one subspecies are known to be distributed in Mongolia. In this study, seven *Iris* species were collected and analyzed for phylogenetic study. We newly sequenced and analyzed the complete chloroplast (cp) genomes of *Iris bungei*, *I. humilis*, *I. potaninii*, *I. sibirica*, *I. tenuifolia*, *I. tigridia*, and *I. ventricosa*. Cp genomes of the seven *Iris* species exhibited a circular quadripartite structure with similar lengths, GC contents, and codon usages. The genome sizes ranged from 150,704 bp to 153,284 bp, exhibiting a conserved quadripartite structure highly similar to other chloroplast genomes within Iridaceae, confirming their high level of conservation. Comparative analyses of the cp genomes based on mVISTA and nucleotide diversity (Pi) revealed four highly variable regions (*rps16-trnQ*, *rps12-clpP1*, *rps15-ycf1*). Phylogenetic analyses based on the complete cp genomes showed that *I. bungei* and *I. ventricosa* formed a monophyletic group with a sister relationship to *I. tenuifolia*. *I. sibirica* was found to be monophyletic with *I. sanguinea*, providing evidence supporting the argument that these two species are conspecific. Additionally, *I. humilis*, *I. tigridia* and *I. potaninii* were grouped as closely related species within another clade. This study provides fundamental information for the development of molecular markers targeting the genus *Iris* and lays the groundwork for further phylogenomic researches.

\*This research was funded by the Sejong National Arboretum of Korea (Grant No. 2024-KS-OB-1-1-1-16).

**Genetic Diversity Assessment and MassARRAY-SNP Typing Marker  
Development of *Ligustrum japonicum* Thunb.**

Ye-Rim Choi<sup>P</sup>, Ara Cho, Ju Eun Jang, Tae-Hee Kim, Mi Jin Jeong, Hee-Young Gil

Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum, Pocheon 11186

*Ligustrum japonicum* Thunb., belongs to the family Oleaceae, is native to Korea, Taiwan, and Central-Southern Japan. *L. japonicum*, shrub or small tree growing to a height 3-5 meters, exhibits notable tolerance to salinity and pollution, making it widely used as an ornamental plant and in medicinal applications. In this study, we newly assembled the draft whole genome of *L. japonicum* using PacBio and Illumina sequencing data. The assembly yielded 322 contigs, resulting in a genome size of 1.22 Gb with a contig N50 length of 30.77 Mb. A total of 36,320 protein-coding genes were predicted and annotated. Through this, we identified 12,128 single nucleotide polymorphisms (SNPs). To evaluate genetic diversity, we employed triple-digest restriction-site associated DNA sequencing (3RAD-seq) on 103 individuals from 13 populations (12 Korean and 1 Taiwan population). Phylogenetic analysis using UPGMA, principal component analysis (PCA), and population differentiation statistic ( $F_{st}$ ) revealed clear clade differentiation between the Korean and Taiwanese populations. This distinction was further supported by analysis of molecular variance (AMOVA), which presented 0.296% of variation among nation, whereas among population showed only 0.043%. Based on these discriminative SNPs, we are currently testing 15 MassARRAY-SNP typing markers. Our study provides comprehensive genomic data for *L. japonicum* native to Korea and elucidates genetic relationships at both inter-national and intra-Korean levels.

This research was supported by Scientific Research Grants (KNA 1-2-41-22-1) of the KNA.

# Index



THE KOREAN SOCIETY OF  
PLANT TAXONOMISTS





저자명 찾아보기

- Ae-Ra Moon P46  
 Ahhyeon Eum P06, P08  
 Aleksey L. Kim P51  
 Ara Cho O06, P28, P43, P70  
 Arnaldo Santos-Guerra P48  
 Bokyoung Choi P14, P15  
 Bombi Jin O07  
 Bo-Mi Nam P37  
 Bushra Munir O02  
 Chae Eun Lim P06  
 Chae Sun Na P59  
 Chaeyoung Lee P25  
 Chang Seok Kim P37  
 Chang Shook Lee P04, P23  
 Chang-Gee Jang P51  
 Changyoung Lee P53  
 Daehoon Choi P15  
 Daeun Jung P15  
 Daniel J. Crawford P54  
 DoHyeon Kwag P49  
 Dong Chan Son P12, P67, P68  
 Dong-Hyoung Lee P52  
 Elena Alexandrovna Marchuk O02  
 Eui-Kwon Jung P58  
 Eun Su Kang P67, P68  
 Eunsil Lee P46  
 Georgii A. Lazkov P51  
 Gihong Lee P11  
 Gyu Young Chung P12, P59  
 Hayoung Lee P11  
 Heewon Ji P06, P07  
 Hee-Young Gil O06, P43, P51, P70  
 Homervergel G. Ong P55, P58  
 Hye One Kim P63  
 Hyeok Jae Choi P12, P39, P51  
 Hyeok-Jae Choi P69  
 Hyeon Jin Jeong P51  
 Hyeon-Ho Myeong P15  
 Hyeonji Moon O04  
 Hyeonjin Kim P15  
 Hye-Rin Kim O05, P32  
 Hyosig Won O07, P12, P25, P35  
 Hyoungseok Lee P23  
 Hyun Jun Kang P61  
 Il-Chan Oh P24  
 In Chun Hwang P34  
 In Kyu Park P12  
 In-Su Choi P29  
 Iseon Kim P37  
 J. Alfredo Reyes-Betancort P48  
 Jae-Chul Jeong P69  
 Jaesung Lee O04  
 Jangseung Rhu P14  
 Jeongsuk Kang P52  
 Ji Eun Kim P59  
 Ji-Eun Lim P58  
 Ji-Hyeon Jeon P48  
 Jimin Lee P11  
 JinHee Kim P46  
 Jin-Hyub Paik P17  
 Jin-Won Kim P15  
 Jong-Ho Park P69  
 Joo-Hwan Kim P63, P65  
 Joonhyung Jung P43, P63  
 Ju Eun Jang P43, P51, P70  
 Jung Min Bong P37  
 Jung-Hoon Lee P58  
 Jun-Gi Byeon P52  
 Jungsim Lee P01, P02  
 Jun-Ho Song P05, P06, P07, P08, P10, P11  
 JunHyun Hur P49, P50  
 Kanghyup Lee P04  
 Keum-Seon Jeong P69  
 Ki-Oug Yoo P32  
 Komiljon Sh. Tojibaev P51  
 Kweon Heo O02, O05, P32  
 Kyong-Sook Chung P04  
 Kyoung Su Choi P56  
 Marco F. Duretto P14  
 Mi Jin Jeong O06, P28, P70  
 Min-Ha Kim P01, P02, P46  
 Min-Jea Kang P58  
 Min-Ju Park P34  
 Min-Jung Kong P24  
 Minkyung Jung O01  
 Min-Su Jo P24  
 Myong-Suk Cho O03, P54  
 Myung-Ok Moon P34  
 Narae Yun P34, P37  
 Neang Som P35  
 Nudkhuu Nyamgerel P12  
 Patricio López-Sepúlveda P54  
 Sang-Chul Kim P67, P68  
 Sangho Choi P17, P53  
 Sang-Hun Oh P60  
 Sang-Hun Oh P61  
 Sang-Hyun Lee P52  
 Sangjin Jo P17, P53  
 Sang-Tae Kim O01, O04, P49, P50  
 Se In Jeong P15  
 SeoHyeon Kim P49  
 Seong-Hyeon Yong P28  
 Seung-Chul Kim O03, P48, P54  
 Seung-Hwi Kim P58  
 Shukherdorj Baasanmunkh P12, P39, P69  
 Soonku So P15  
 Soo-Yong Kim P53  
 Su-Jang Kim P29  
 Su-Jeong Han O04  
 Suk-Pyo Hong P14, P24  
 Sung Kyung Han P52  
 Sung-Hyuk Park P52  
 Sung-Mo An P52  
 Sunhee Sim P46  
 Tae-Hee Kim O06, P43, P70  
 Tae-Hun Kim P58  
 Tae-Soo Jang P14, P15  
 Tod F. Stuessy P54

## 제56회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술발표회

Ui-Chan Jung P48	김정성 P47	이정훈 P13, P55
Watanabe Yoichi P60	김정성 P31	이지훈 P41
Won Seok Lee P12	김정아 P36	이하림 P44, P45
Woo-Ho Kim P58	김진원 P64	이현찬 P13
Yang Su Kim P59	김창균 P09	임동욱 P03
Yanghoon Cho O01	김태훈 P13, P20	임윤진 P26
Yeonchan Kang P06, P10	김한결 P19	임지은 P55
Yeon-Ji Lee P28	김현진 P20, P21, P22	임채은 P36
Ye-Rim Choi O06, P28, P43, P70	김형태 P31	장주은 P18, P27
Yongsung Kim P37	김혜빈 P19	장창기 P20, P21, P22
Yoo Kyung Lee P23	김혜연 P38, P44, P45	장태수 P20, P21, P22, P64
Yoonkyung Lee P46	나누리 P41	전청옥 P64
Yoon-Su Kim P17	남명자 P21	전혜숙 P36
Young Moon Kim P12	류세아 P03	정경숙 P57
Young-Dong Kim P58	명현호 P64	정규영 P16
Young-Ho Ha P51	문미정 P47	정금선 P42
Young-Min Choi P32	박다운 P42	정의권 P13, P55
Youngsim Hwang P23	박범균 P41	정재상 P41
Yowhan Son P23	박병준 P41	조승주 P41
Yu Gyeom Kim P63, P65	박상희 P31	조용찬 P41
Yujin Jeon P05, P06	박성준 P19	조원범 P20
Yun-Chang Jeon P24	박승민 P57	조형복 P41
Yun-Gyeong Choi P60, P61	박승빈 P64	진동필 P42, P62
Zagarjav Tsegmed P39	박유정 P44, P45	천경식 P38, P44, P45
강은수 P27	박종선 P66	최대훈 P64
강하람 P38, P44, P45	박종원 P62	최보경 P20, P64
강현준 P66	박지은 P38, P44	최서연 P03
고아름 P30	박진희 P09	최윤경 P66
곽수빈 P41	박홍철 P64	최재은 P38, P44
곽호권 P38, P44, P45	변성엽 P42	최종욱 P40
구현조 P09	변혜주 P20	최주영 P20, P21, P22
권오정 P40	소순구 P21, P22, P40, P64	피정훈 P42
권용진 P42	손동찬 P18, P27	한상진 P33
김민하 P03	손성원 P19	홍윤지 P36
김승휘 P13, P55	송수연 P13, P55	
김영동 P55	오상훈 P66	
김영동 P13	유기억 P26, P30, P33	
김우호 P55	유수창 P66	
김원희 P62	유정남 P09	
김윤영 P20, P21, P22	윤정원 P41	
김의영 P57	윤종우 P03	
김재영 P16	윤형진 P64	
김정민 P19	이용순 P40	
	이재창 P64	