

2023년도

---

# 제55회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술발표회

---



일시: 2024년 2월 1일(목) ~ 2일(금)

장소: 공주대학교 산학연구관 1층 강당

주최: 사단법인 한국식물분류학회



# 2023년도 제55회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술발표회

일시: 2024년 2월 1일(목) ~ 2일(금)

장소: 공주대학교 산학연구원 1층 강당



THE KOREAN SOCIETY OF  
PLANT TAXONOMISTS



## 제55회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술대회

일시: 2024년 2월 1일(목) ~ 2일(금)

장소: 공주대학교 신관캠퍼스 산학연구관 강당(1층)

2월 1일(목)

일시	발표 내용	좌장/사회
11:00-12:00	<b>정기총회(구 이사회)</b> 장소: 공주대학교 교양관 203호(총회 후 도시락, 12:00-12:30)	천경식 (충무이사)
12:00-13:20	<b>등록</b> 장소: 공주대학교 산학연구관 1층	
한국식물분류학회 정기학술대회 개회식		
13:20-13:40	<b>개회식</b> 개회사: 한국식물분류학회장	천경식 (충무이사)
13:40-14:00	<b>감사패 전달</b> <b>제3회 죽파(竹波)식물분류학상 시상식</b> <b>제1회 한국식물분류학회 학술상 시상식</b>	
제1부 학술발표: 특별강연		
14:00-14:30	<b>1. Taxonomy and molecular approach of Korean Pteridophytes</b> 이창숙(이화여자대학교)	장창기 (공주대학교)
14:30-15:00	<b>2. 고통과 희열의 도감 만들기</b> 이동혁(국립수목원)	
15:00-15:30	<b>3. 기후변화 시나리오에 따른 식물 다양성 핫스팟의 변화 예측</b> 조용찬(국립수목원)	
15:30-16:00	<b>4. 국립공원 아고산대 상록침엽수 생육 취약지구 평가</b> 김진원(국립공원연구원)	
16:00-16:20	휴식 & Coffee break	
제2부 학술발표: 초청강연		
16:20-16:50	<b>1. 한국생명공학연구원 해외생물소재센터의 ‘해외생물소재 확보 및 활용지원 사업’</b> 최상호(한국생명공학연구원)	양선규 (한국한의학연구원)
16:50-17:20	<b>2. 한국수목원정원관리원 소개 및 운영현황</b> 피정훈(국립세종수목원)	
제3부 학술발표: 신진연구자 초청강연		
17:20-17:40	<b>1. The diverse flower of the tiny aquatic plant, <i>Lemna</i> (Araceae, Lemnoideae), and its dispersal in Japan</b> 이유리(니가타대학교)	송준호 (충북대학교)
17:40-18:00	<b>2. Taxonomic study of the genus <i>Silene</i> L. (Caryophyllaceae) in Korea</b> 나누리(국립수목원 DMZ식물원, 공주대학교)	
18:00-18:20	<b>3. Molecular phylogeny of Commelinaceae Mirb. based on maternal inherited genomes data</b> 정준형(가천대학교)	

## 2월 2일(금)

일시	발표 내용	좌장/사회
제4부 학술발표: 구두발표		
09:00-09:20	1. A Cytogenetic Study of Schisandraceae 안세문(강원대학교)	최인수 (한남대학교)
09:20-09:40	2. 식물 목록 생성을 위한 웹 기반 프로그램 개발 양선규(한국한의학연구원)	
09:40-10:00	3. Phylogeographic structure and genetic differentiation of <i>Tulipa korolkowii</i> (Liliaceae), endemic species of Central Asia 정현진(국립수목원)	
10:00-10:20	4. Phylogenomic and morphometric data unravel delimitation of seven taxa in <i>Polygonatum odoratum</i> complex ( <i>Polygonatum</i> , Asparagaceae) 최태영(조선대학교)	
포스터발표		
10:20-11:30	산학연구관 1층 로비	
우수 발표상 시상 및 폐회식		
11:30-11:40	우수 구두 & 포스터 발표상 시상	장창기 (학술위원장)
11:40-12:00	폐회식 폐회사: 한국식물분류학회장	

## ※ 학술대회 안내

- 발표 포스터 제작 및 설치 안내
  - 포스터 제작: 90cm × 120cm 크기로 제작한다.
  - 포스터는 2월 1일 오후 1시부터 2일 오전 10시 20분까지 산학연구원 1층 로비에 설치
- 2월 1일 저녁식사 및 간담회
  - 18:30~ **예가 3층**(공주시 금별로 535, 041-854-7900)
- 비상연락: 천경식 총무(010-4789-4965), 장창기 학술위원장(010-9084-0233),  
유기억 회장(010-5047-5692)
- 찾아오시는 길: 공주대학교 신관캠퍼스 산학연구원 1층 강당  
(충남 공주시 신관동, [https://kko.to/\\_ZonIvYp3d](https://kko.to/_ZonIvYp3d))



## - 행사 세부 일정 -

### 제55회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술대회

2024년 2월 1일 (목요일)

- 11:00-12:00      정기총회 (구 이사회)  
장소 - 공주대학교 교양관 203호  
총회 후 점심식사 (도시락, 12:00-12:30)
- 12:00-13:20      등록 (산학연구관 1층)
- 13:20-13:40      개회식 (사회: 천경식, 총무이사)  
한국식물분류학회장 인사
- 13:40-14:00      감사패 전달  
제3회 죽파(竹波)식물분류학상 시상식  
제1회 한국식물분류학회 학술상 시상식
- 14:00-16:00      제1부 학술발표: 특별강연 세션  
(좌장: 장창기, 공주대학교)
- 14:00-14:30    S01    Taxonomy and molecular approach of Korean Pteridophytes  
이창숙  
(이화여자대학교)
- 14:30-15:00    S02    고통과 희열의 도감 만들기  
이동혁  
(국립수목원)
- 15:00-15:30    S03    기후변화 시나리오에 따른 식물 다양성 핫스팟의 변화 예측  
조용찬  
(국립수목원)
- 15:30-16:00    S04    국립공원 아고산대 상록침엽수의 개체군 동태 및 생육 취약지구 평가 연구  
김진원  
(국립공원연구원 기후변화연구센터)
- 16:00-16:20      휴식 & Coffee break
- 16:20-17:20      제2부 학술발표: 초청강연 세션  
(좌장: 양선규, 한국한의학연구원)

- 16:20-16:50 I01 한국생명공학연구원 해외생물소재센터의 ‘해외생물소재확보 및 활용지원 사업’  
최상호  
(한국생명공학연구원 해외생물소재센터)
- 16:50-17:20 I02 한국수목원정원관리원 소개 및 운영현황  
피정훈  
(국립세종수목원 도시생물다양성실)
- 17:20-18:20 제3부 학술발표: 신진연구자 초청강연 세션  
(좌장: 송준호, 충북대학교)
- 17:20-17:40 S05 The diverse flower of the tiny aquatic plant, *Lemna* (Araceae, Lemnoideae), and its dispersal in Japan  
이유리  
(니가타대학교)
- 17:40-18:00 S06 Taxonomic study of the genus *Silene* L. (Caryophyllaceae) in Korea  
나누리  
(국립수목원 DMZ식물원, 공주대학교)
- 18:00-18:20 S07 Molecular phylogeny of Commelinaceae Mirb. based on maternal inherited genomes data  
정준형  
(가천대학교)
- 18:30- 저녁식사 및 간담회  
(“예가” 3층, 충남 공주시 금벽로 535)

#### 2024년 2월 2일 (금요일)

- 08:30-09:00 등록
- 09:00-10:20 제4부 학술발표: 구두발표 세션  
(좌장: 최인수, 한남대학교)
- 09:00-09:20 O01 A Cytogenetic Study of Schisandraceae  
Se-Moon Ahn<sup>P1</sup>, Kweon Heo<sup>C1,2</sup>  
<sup>1</sup>Department of Interdisciplinary Program in Smart Agriculture, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University; <sup>2</sup>Department of Applied Plant science, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University
- 09:20-09:40 O02 식물 목록 생성을 위한 웹 기반 프로그램 개발  
양선규<sup>P1</sup>, 송준호<sup>2</sup>, 남보미<sup>3</sup>, 정경숙<sup>4</sup>, 최고야<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>한국한의학연구원 한약자원연구센터; <sup>2</sup>충북대학교 생물학과;  
<sup>3</sup>국립호남권생물자원관 식물자원연구부; <sup>4</sup>중원대학교 식품제약학과



- 09:40-10:00 O03 **Phylogeographic structure and genetic differentiation of *Tulipa korolkowii* (Liliaceae), endemic species of Central Asia**  
**Hyeon Jin Jeong<sup>1,P</sup>**, Young-Ho Ha<sup>1</sup>, Ju Eun Jang<sup>1</sup>, Aleksey L. Kim<sup>1</sup>,  
 Ye-Rim Choi<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
- 10:00-10:20 O04 **Phylogenomic and morphometric data unravel delimitation of seven  
 taxa in *Polygonatum odoratum* complex (*Polygonatum*, Asparagaceae)**  
**Tae-Young Choi<sup>1P</sup>**, Hyo-Sik Won<sup>2</sup> and Soo-Rang Lee<sup>1\*</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biology Education, Chosun University;  
<sup>2</sup>Department of Biology, Daegu University
- 10:20-11:30        **포스터발표 (산학연구관 1층 로비)**
- 11:30-12:00        **우수 구두 발표상 & 포스터 발표상 시상 및 폐회식**
- 12:00-                **점심식사**  
                           **(공주대학교 교내식당)**

## 포스터 발표

## [[ Taxonomy ]]

- P01 한반도 식물 이름의 기준 “국가표준식물목록”  
손동찬<sup>P</sup>, 신현탁, 김혁진  
국립수목원 산림생물다양성연구과
- P02 Systematic implications of the genome size and leaf micromorphological variations in Korean *Veratrum* L. taxa (Melanthiaceae)  
Hyeonjin Kim<sup>P</sup>, Bokyung Choi, Tae-Soo Jang\*  
Department of Biological Science, Chungnam National University
- P03 한국산 차나무과(Theaceae)의 형태학적 특성 및 분포  
조형준<sup>P</sup>, 박범균, 이세령, 손동찬  
국립수목원 산림생물다양성연구과
- P04 한국산 모시풀속 수과의 형태 및 해부학적 형질 비교를 통한 분류학적 유용성 검토  
조형준<sup>P1</sup>, 김성현<sup>2</sup>, 김태웅<sup>2</sup>, 정규영<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>국립수목원 산림생물다양성연구과;  
<sup>2</sup>안동대학교
- P05 국내 유입 외래식물 현황 정보에 대한 모든 것  
강은수<sup>P1</sup>, 이강협<sup>1</sup>, 정수영<sup>2</sup>, 장계선<sup>3</sup>, 손동찬<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>국립수목원 산림생물다양성연구과;  
<sup>2</sup>국립수목원 연구기획팀;  
<sup>3</sup>국립수목원 DMZ산림생물자원보전과
- P06 국내에서 발견한 9종 미기록 외래식물의 보고  
강은수<sup>P1</sup>, 김진숙<sup>2</sup>, 이만규<sup>2</sup>, 이성권<sup>2</sup>, 이성원<sup>2</sup> 송명준<sup>3</sup>, 손동찬<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>국립수목원 산림생물다양성연구과;  
<sup>2</sup>한국 양치식물연구회;  
<sup>3</sup>(주)넵프
- P07 Micromorphological study of the *Lepidium virginicum* L. (Brassicaceae) using the light microscope and the field emission-scanning electron microscope  
Yeonchan Kang<sup>P</sup>, Jun-Ho Song  
Department of Biology, Chungbuk National University
- P08 Karyotype evolution and genome size variation in *Hosta* species  
Da-Eun Jung<sup>P1</sup>, Bokyung Choi<sup>1</sup>, Hyeok Jae Choi<sup>2\*</sup>, Tae-Soo Jang<sup>1\*</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biological Science, Chungnam National University;  
<sup>2</sup>Department of Biology and Chemistry, Changwon National University

- P09 부추(*Allium*)속 종자의 형태학적 특성 분류  
조민수<sup>p</sup>, 추예린, 나채선  
국립백두대간수목원 야생식물종자실
- P10 Micromorphology of *Potentilla discolor* (Rosaceae) using field-emission scanning electron microscopy  
Heewon Ji<sup>p</sup>, Jun-Ho Song  
Department of Biology, Chungbuk National University
- P11 개미취속(*Aster* L. *sensu lato*)의 수과 해부학적 특징  
김재영<sup>p1</sup>, 정규영<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>국립산림품종관리센터 품종심사과;  
<sup>2</sup>안동대학교 산림과학과
- P12 국립생물자원관 소장 고 이영노 교수 기증 표본  
류세아<sup>p1</sup>, 은보라<sup>2</sup>, 임세윤<sup>3</sup>, 이상준<sup>1</sup>, 김민하<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>국립생물자원관 생물종다양성연구과;  
<sup>2</sup>성신여자대학교 바이오생명공학과;  
<sup>3</sup>중앙대학교 생명과학과
- P13 한국산 기장아과 바랭이속(*Digitaria*)의 재검토  
심선희<sup>p</sup>, 이은실, 류세아, 김민하, 이상준  
국립생물자원관 생물종다양성연구과
- P14 생태복원을 위한 자생식물 분류연구의 중요성: 국립수목원 산림생태 복원 연구를 사례로  
장계선<sup>p1</sup>, 김상준<sup>1</sup>, 김혁진<sup>2</sup>, 정미진<sup>2</sup>, 길희영<sup>2</sup>, 손동찬<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>국립수목원 DMZ산림생물자원보전과;  
<sup>2</sup>국립수목원 산림생물다양성연구과
- P15 Development of an automatic herbarium image identification system based on the convolutional neural network: a preliminary study on Korean Violaceae  
Hyeonji Moon<sup>p1</sup>, Bora Eun<sup>2</sup>, Hankyu Moon<sup>3</sup>, Jaesung Lee<sup>4</sup>, and Sangtae Kim<sup>1,2,\*</sup>  
<sup>1</sup>Sungshin Women's University;  
<sup>2</sup>Department of Biotechnology, Sungshin Women's University;  
<sup>3</sup>Samsung SDS Research America;  
<sup>4</sup>Department of Artificial Intelligence, Chung-Ang University
- P16 Variation in guard cell and genome size among Korean *Hemerocallis* species  
Yu-Eun Ahn<sup>p</sup>, Bokyoung Choi\*, Tae-Soo Jang\*  
Department of Biological Science, Chungnam National University

- P17 꼬리고사리와 미기록 잡종 보고—반들깃고사리와 개차고사리의 불임성 잡종 분류군  
박상희<sup>P1</sup>, 김정성<sup>1</sup>, 김형태<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>충북대학교 산림학과;  
<sup>2</sup>경북대학교 식물자원학과
- P18 Taxonomic identity of *Senecio nemorensis* L. on Jeju island  
Iseon Kim<sup>P1</sup>, Changkyun Kim<sup>2</sup>, Attila Mesterházy<sup>2</sup>, Yongsung Kim<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Division of Botany, Honam National Institute of Biological Resources;  
<sup>2</sup>Wetland Ecology Research Group, Institute of Aquatic Ecology, HUN-REN Centre for Ecological Research
- P19 A new Rubiaceae genus from Kachin State, Myanmar  
Eui-Kwon Jung<sup>P1</sup>, Jung-Hoon Lee<sup>2</sup>, Homervergel G. Ong<sup>3</sup>, Dae-Hyun Kang<sup>4</sup>, HyeWoo Shin<sup>5,6</sup>, Khoon Meng Wong<sup>7</sup>, Zaw Naing Tun<sup>8</sup>, Young-Dong Kim<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Life Science, Hallym University;  
<sup>2</sup>On Biological Resource Research Institute;  
<sup>3</sup>Multidisciplinary Genome Institute, Hallym University;  
<sup>4</sup>Korea National Park Research Institute;  
<sup>5</sup>Research Institute of EcoScience, Ewha Womeans University;  
<sup>6</sup>Molecular Ecology, Smithsonian Environmental Research Center;  
<sup>7</sup>Singapore Botanic Gardens;  
<sup>8</sup>Hkakaborazi National Park Putao

## [[ Floristic Research ]]

- P20 한반도 주요 수목 자생지의 식생학적 특성 조사  
손동찬<sup>p1</sup>, 박범균<sup>1</sup>, 조현제<sup>2</sup>, 조용찬<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>국립수목원 산림생물다양성연구과;  
<sup>2</sup>(주)자연과숲연구소
- P21 대구·경북권역 내륙습지 유형별 습지식물 분포 특성  
한상옥<sup>p1</sup>, 정규영<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>국립생태원 습지연구팀;  
<sup>2</sup>안동대학교 산림과학과
- P22 소백산국립공원 단양지역 희귀식물 11종의 분포 특성  
조효원<sup>p1</sup>, 정선<sup>2</sup>, 김재영<sup>3</sup>, 조형준<sup>4</sup>, 정규영<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>국립공원공단 소백산국립공원사무소;  
<sup>2</sup>국립안동대학교 산림과학과;  
<sup>3</sup>국립산림품종관리센터 출원심사팀;  
<sup>4</sup>국립수목원 산림생물다양성연구과
- P23 경상남도 거제시 동부면, 삼거동 일대의 산림 식물 분포현황  
곽수빈<sup>p1</sup>, 정재상<sup>1</sup>, 김동학<sup>1</sup>, 이종원<sup>2</sup>, 안종빈<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>국립수목원 DMZ산림생물자원보전과;  
<sup>2</sup>한국산지보전협회 산림생태복원센터
- P24 인천 세어도의 식물상  
문애라<sup>p</sup>, 류세아, 심선희, 이예은, 이윤경, 이은실, 김민하  
국립생물자원관 생물종다양성연구과
- P25 인천 옹진군 4개 섬의 관속식물상  
정재상<sup>p</sup>, 곽수빈, 조승주, 김동학, 김영은, 변경열, 조형복, 김상준  
국립수목원 DMZ산림생물자원보전과
- P26 덕산도립공원(충청남도)의 관속식물상  
임민영<sup>p1</sup>, 백동열<sup>2</sup>, 지성진<sup>1</sup>, 김동희<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>국립중앙과학관;  
<sup>2</sup>충청남도 산림자원연구소
- P27 염생식물의 서식처 환경정보(토양, 기후) 구축  
이재경<sup>p</sup>, 남보미, 김용성, 박승진, 윤나래, 한세희, 박민주, 김나리, 배푸리, 박신연, 박종수\*  
국립호남권생물자원관 식물자원연구부

- P28** Bryophyte flora of Weolchulsan National Park in Korea  
 Hyun Min Bum<sup>p1</sup>, Su Jeong Lee<sup>1</sup>, I Na Yu<sup>1</sup>, Seung Jin Park<sup>2</sup>, Soon Ku So<sup>3</sup>, Seung Se Choi<sup>c4</sup>  
<sup>1</sup>Division of Life Sciences, Jeonbuk National University;  
<sup>2</sup>Honam National Institute of Biological Resources;  
<sup>3</sup>Korea National Park Research Institute, Korea National Park Service;  
<sup>4</sup>National Institute of Ecology
- P29** Status and characteristic of flora in The 5th National Ecosystem Survey (2019-2023)  
 Yu Cheol Park, Jun Seok Lee, Seung Se Choi<sup>c</sup>  
 National Institute of Ecology
- P30** eDNA를 통한 과거 식물상 변화 연구: 국내 습지 토양 퇴적층을 대상으로  
 임채은<sup>p</sup>, 홍윤지, 김정아, 전해숙, 서재화  
 국립생물자원관
- P31** 이해를 돕는 식물학 학술용어 정비와 향후 과제  
 문혜경  
 경희대학교 생물학과
- P32** A checklist of ferns and lycophytes of Cambodia  
 In Chun Hwang<sup>2</sup>, Myung-Ok Moon<sup>3</sup>, Min-ju Park<sup>1</sup>, Jae-Kyeong Lee<sup>1</sup> and 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
- P33** Report of flowering plants new to Lao PDR (1)  
 Hyosig Won<sup>p1</sup>, Joo Hwan Kim<sup>2</sup>, Junhyung Jang<sup>2</sup>, and Veosavanh Saysavanh<sup>3</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biological Science and Institute of Natural Sciences, Daegu University;  
<sup>2</sup>Maru Biological Resource Research Institute Co., Ltd.;  
<sup>3</sup>Protected Area Management Division, Department of Forestry, Ministry of Agriculture and Forestry
- P34** Comparative analyses and phylogenetic relationships of the twelve *Boehmeria* species (Urticaceae) inferred from complete chloroplast genomes  
 Hyeong Jun Jo<sup>p1</sup>, Sang-Chul Kim<sup>1</sup>, Dong Chan Son<sup>1</sup>, Gyu Young Chung<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum;  
<sup>2</sup>Department of Forest Science, Andong National University

## [[ Phylogeny, Genetics ]]

- P35** The complete chloroplast genome assembly of *Solidago altissima* L. (Astereae; Asteraceae)  
Eun Su Kang<sup>P</sup>, Dong Chan Son, Sang-Chul Kim  
Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum
- P36** Phylogenetic relationships of tribe Ophiopogoneae and molecular identification of Korean Ophiopogoneae species in Asparagaceae  
Jong-Soo Kang<sup>P</sup>, Jaejoon Lee, Jee Young Park, Tae-Jin Yang  
Department of Agriculture, Forestry and Bioresources, Plant Genomics & Breeding Institute, Research Institute of Agriculture and Life Sciences, College of Agriculture & Life Sciences, Seoul National University
- P37** 태백산국립공원 내 희귀식물 꼬인용담(*Gentianopsis contorta* (Royle) Ma)의 서식지 보전 연구  
소순구<sup>p1</sup>, 장태수<sup>2</sup>, 최보경<sup>2</sup>, 홍문표<sup>3</sup>, 임치홍<sup>4</sup>, 최대훈<sup>1</sup>, 명현호<sup>c1</sup>  
<sup>1</sup>국립공원공단 국립공원연구원;  
<sup>2</sup>충남대학교 생물학과;  
<sup>3</sup>강릉원주대학교;  
<sup>4</sup>서울여자대학교 생명환경공학과
- P38** The complete plastid genome of two Korean endemic *Hemerocallis* L. (Asphodelaceae): comparative genomic and phylogenetic analyses  
Tae-Hee Kim<sup>P</sup>, Sang-Chul Kim, Young-Ho Ha, Hyuk-Jin Kim  
Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum
- P39** Comparison of chloroplast genome structures in four *Carex* species: Repeat sequences provide insight into chloroplast structural changes  
Sang-Chul Kim<sup>P</sup>, Ye-Rim Choi, Young-Ho Ha, Tae-HeeKim, and Hyuk-Jin Kim<sup>c</sup>  
Forest Biodiversity Division, Korea National Arboretum
- P40** Genetic Diversity and Structure of Endangered species *Cicuta virosa* L. (Apiaceae) in Korea using Genotyping by Sequencing  
KyoungSu Choi<sup>p1</sup>, Seongjun Park<sup>2</sup>, Yong Hwang<sup>3</sup>, Jeong-Ki Hong<sup>4</sup>  
and Sung Hyeon Lee<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Diversity Forecast & Evaluation Division, Diversity Conservation Research Department, Nakdonggang National Institute of Biological Resources;  
<sup>2</sup>Institute of National Science, Yeungnam University;  
<sup>3</sup>Biological Specimen Conservation Division, Diversity Conservation Research Department, Nakdonggang National Institute of Biological Resources;  
<sup>4</sup>Facilities & Safety Management Division, Administrative Management Office, Nakdonggang National Institute of Biological Resources

- P41** Complete chloroplast genomes of *Vitis* species (Vitaceae) and phylogenetic analysis within the genus  
 Ji Eun Kim<sup>P1</sup>, Keyong Min Kim<sup>2</sup>, Yang Su Kim<sup>3</sup>, Gyu Young Chung<sup>4</sup>, Chae Sun Na<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Division of Wild Plant and Seeds;  
<sup>2</sup>Division of Gardens and Collections Management, Baekdudaegan National Arboretum;  
<sup>3</sup>Departement of General Affairs General affairs team, Gangeung-Wonju National University;  
<sup>4</sup>Division of Horticulture and medicinal Plant, Andong National University
- P42** Characterization of complete chloroplast genomes from nine *Euphorbia* species: Comparative, phylogenetic analyses and intraspecific variation  
 Ami Oh<sup>P1</sup>, Dong-Chan Son<sup>2</sup>, Hyeon-Soo Jang<sup>1</sup>, Jun-Ha Bu<sup>1</sup>, Soo-Rang Lee<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biology Education, College of Education, Chosun University;  
<sup>2</sup>Division of Forest Biodiversity and Herbarium, Korea National Arboretum
- P43** The complete chloroplast genome sequence of *Mertensia simplicissima* (Ledeb.) G. Don (Boraginaceae)  
 Sung Kyung Han<sup>P</sup>, Tae-Im Heo<sup>C</sup>, Byeong-Joo Park, Sang-Yong Lee, Chang-Seok Jang  
 Baekdudaegan Conservation Division, Baekdudaegan National Arboretum, Korea arboreta and Gardens Institute
- P44** Identifying Molecular Markers for the Medicinal Species *Ficus erecta* Thunb. Based on Complete Plastome Sequences of Korean Figs (*Ficus* L., Moraceae)  
 Joonhyung Jung<sup>P1</sup>, Tae-Hee Kim<sup>2</sup>, Seog Woo Kwon<sup>1</sup>, Hyun Ji Park<sup>3</sup>, In Suk Choi<sup>4</sup> and Joo-Hwan Kim<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Life Sciences, Gachon University;  
<sup>2</sup>Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum;  
<sup>3</sup>Center for Consumer Health 1 Research, CHA Advanced Research Institute;  
<sup>4</sup>The 2nd Research Institute, CMG Pharmaceutical Co. LTD.
- P45** The Completion and Comparative Analysis of Chloroplast Genomes in Four *Typha* Genus Plants Used as Herbal Medicines in Korea  
 Woojong Jang<sup>P</sup>, Wook Jin Kim, Sumin Noh, Sungyu Yang, Goya Choi, Kyeonghee Kim, and Byeong Cheol Moon\*  
 Herbal Medicine Resources Research Center, Korea Institute of Oriental Medicine
- P46** 한반도 고유종을 포함한 한국산 *Sasa* 속의 분류학적 재검토  
 이예은<sup>P</sup>, 류세아, 이상준  
 국립생물자원관 생물종다양성연구과
- P47** Genotyping-by-sequencing을 활용한 갯취의 집단유전학적 연구  
 박유정<sup>P</sup>, 강하람, 이하림, 박지은, 김혜연, 천경식<sup>C</sup>  
 상지대학교 생명환경융합대학 생명과학과



- P48 Genotyping-by-sequencing 기법을 이용한 국내 붉나무 개체군의 집단유전학적 연구  
이하림<sup>p</sup>, 강하람, 박유정, 김재형, 천경식<sup>c</sup>  
상지대학교 생명환경융합대학 생명과학과
- P49 국내 꼬리진달래 개체군의 유전적다양성 및 집단구조  
강하람<sup>p</sup>, 박유정, 이하림, 곽호권, 천경식<sup>c</sup>  
상지대학교 생명환경융합대학 생명과학과
- P50 한국산 땅비싸리속 (*Indigofera*) 3종에 대한 분류학적 연구  
김수장<sup>p</sup>, 변혜주, 최인수<sup>c</sup>  
한남대학교 생명시스템과학과
- P51 Genome size variation in *Zanthoxylum* L. (Rutaceae) species in Korea  
Bokyung Choi<sup>p\*</sup>, Tae-Soo Jang<sup>\*</sup>  
Department of Biological Science, Chungnam National University
- P52 Population genetic studies of *Mankyua chejuense* using genotyping-by-sequencing provide guides to conserve clonally reproduction plants  
Jae-Seo Shin<sup>p1</sup>, Myung-Ok Moon<sup>2</sup>, Byung-Yun Sun<sup>2</sup>, Ji-Eun Lim<sup>1</sup> and Young-Dong Kim<sup>c1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Life Sciences, Hallym University;  
<sup>2</sup>Research Institute for Basic Sciences, Jeju National University;  
<sup>3</sup>Division of Biological Sciences, Jeonbuk National University
- P53 Comparative analysis of the chloroplast genome sequence in seven varieties and wild *Zanthoxylum schinifolium* from Korea  
Mi-Jung Choi<sup>p</sup>, Won-Bum Cho, Hwan Su Hwang, Tae Hoon Kim  
Department of variety examination, National Forest Seed & Variety Center
- P54 Exploring the mitogenomic landscape: characterization and significance of the complete mitogenome of *Hydrangea serrata* (Thunb.) Ser. from the family Hydrangeaceae  
Seongjun Park<sup>p1</sup>, SeonJoo Park<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>Institute of Natural Science, Yeungnam University;  
<sup>2</sup>Department of Life Sciences, Yeungnam University
- P55 Phylotranscriptomic exploration of tribe Delphinieae (Ranunculaceae): Revealing discordant lineages and reticulate evolution  
Seongjun Park<sup>p1</sup>, SeonJoo Park<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>Institute of Natural Science, Yeungnam University;  
<sup>2</sup>Department of Life Sciences, Yeungnam University

- P56 해변식물 변행초의 기원  
최윤경<sup>p</sup>, 박근모, 오상훈  
대전대학교 혜화리버럴아츠칼리지 생명과학전공
- P57 캄보디아산 난초식물의 DNA 바코드 연구  
유수창<sup>p1</sup>, 서화정<sup>1</sup>, 서선원<sup>1</sup>, 조성현<sup>2</sup>, 오상훈<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>대전대학교 혜화리버럴아츠칼리지 생명과학전공;  
<sup>2</sup>국립생물자원관
- P58 Transcriptome-Scale insights into the phylogenetic puzzle of *Salix blinii*:  
Unraveling evolutionary relationships in the genus *Salix*  
Seongjun Park<sup>p1</sup>, Ji-Young Jung<sup>2</sup>, Han-Gyeol Kim<sup>3</sup>, Sungwon Son<sup>3</sup>  
<sup>1</sup>Institute of Natural Science, Yeungnam University;  
<sup>2</sup>Garden and Plant Resources Division, Korea National Arboretum;  
<sup>3</sup>Conservation Center for Gwangneung Forest, Korea National Arboretum
- P59 Uncovering the endemic plants of Ulleung Island: Genomic clues in the  
preliminary study of *Adenophora erecta* and its evolutionary companions  
Sungwon Son<sup>p1</sup>, Han-Gyeol Kim<sup>1</sup>, Minkyung Jung<sup>1</sup>, Dong-Hyuk Lee<sup>1</sup>, Seongjun Park<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>Conservation Center for Gwangneung Forest, Korea National Arboretum;  
<sup>2</sup>Institute of Natural Science, Yeungnam University
- P60 Exploring genome sizes in *Carex*: updated data on Korean species  
Se-eun Jung<sup>p1</sup>, Yanghoon Cho<sup>2</sup> and Sangtae Kim<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biology, Sungshin Women's University;  
<sup>2</sup>Uri Plant Research Institute
- P61 Comparative analysis of chloroplast genomes in carnivorous *Utricularia* species  
and its related taxa in the family Lentibulariaceae  
Kyu Tae Park<sup>p</sup> and Seonjoo Park  
Department of Life Sciences, Yeungnam University
- P62 Bottleneck events and changes in effective population size in *Abeliophyllum*  
*distichum* (Oleaceae) genetic lineages  
Homervergel G. Ong<sup>p1</sup>, Eui-Kwon Jung<sup>2</sup>, Yong-In Kim<sup>3</sup>, Jung-Hoon Lee<sup>3</sup>, Bo-Yun  
Kim<sup>4</sup>, Young-Dong Kim<sup>1,2\*</sup>  
<sup>1</sup>Multidisciplinary Genome Institute, Hallym University;  
<sup>2</sup>Department of Life Science, Hallym University;  
<sup>3</sup>On Biological Resource Research Institute (OBRRRI);  
<sup>4</sup>National Institute of Biological Resources (NIBR)

- P63** Phylogenetic position and Population genetics of *Deutzia paniculata* Nakai  
 Ji-Eun Lim<sup>P1</sup>, Jung-Hoon Lee<sup>2</sup>, Eui-Kwon Jung<sup>1</sup>, Homervergel G. Ong<sup>3</sup>, Yong-In Kim<sup>2</sup>, Min-Jea Kang<sup>1</sup>, Woo-Ho Kim<sup>1</sup>, Tae-Hun Kim<sup>1</sup>, Young-Dong Kim<sup>1,3\*</sup>  
<sup>1</sup>Department of Life Sciences, Hallym University;  
<sup>2</sup>On Biological Resource Research Institute (OBRRI);  
<sup>3</sup>Multidisciplinary Genome Institute, Life Science Hall, Hallym University
- P64** 국내 국화속 식물의 종자 발아특성 비교  
 박진병<sup>P</sup>, 구본석, 김정성  
 충북대학교 산림학과
- P65** A novel insight to the taxonomic question in Korean *Lysimachia fortunei* (Primulaceae) from population genomic analysis  
 Geonha Hwang<sup>P</sup> and Sang-Tae Kim  
 Department of Life Sciences, The Catholic University of Korea
- P66** The phylogeography of *Illicium anisatum* in East Asia's land-bridge island system based on chloroplast multi-locus sequences  
 Hyo-Jin JEONG<sup>P1</sup>, Eun-Do LEE<sup>1</sup>, Young-Jong JANG<sup>1</sup>, Soonku SO<sup>2</sup>, Amarsanaa GANTSETSEG<sup>1</sup>, Eun-Kyeong HAN<sup>1</sup>, Jung-Hyun LEE<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Department of Biological Sciences and Biotechnology, Chonnam National University;  
<sup>2</sup>Korea National Park Research Institute, Korea National Park Service
- P67** 한국산 닭의장풀과 (Commelinaceae) 식물에 대한 DNA barcode 염기서열 분석  
 원효식<sup>P</sup>, 이채영  
 대구대학교 대학원 생명과학과 및 기초과학연구소
- P68** 핵 *XDH*, *TOPO6* 유전자의 진화와 계통: 한국산 배추과 쑥부지깻이속(*Erysimum* L., Brassicaceae) 식물을 대상으로 한 시범 연구  
 최선아<sup>P</sup>, 원효식  
 대구대학교 대학원 생명과학과 및 기초과학연구소



# 제1부

## 특별강연

1. 이창숙
2. 이동혁
3. 조용찬
4. 김진원





## Taxonomy and molecular approach of Korean Pteridophytes

Chang Shook Lee<sup>P</sup>

Before, Department of Science Education, Ewha Woman's University;

Present: Freelancers, Seoul, Korea

In Korea, Pteridophytes are represented by 33 families, 72 genera, 298 taxa (Lee and Lee, 2018). The Phylogeny of ferns has been disputed and modified by many scholars as the field has evolved. Recently, the phylogeny of ferns has been studied molecularly using DNA sequences analysis. The phylogenetic tree proposed by Smith et al. (2006) has been widely accepted until now. However, tracheophyte phylogeny, depicting relationships among lycophyte and fern families recognized in Pteridophyte Phylogeny Group, PPG I classifications (Schuettpelz et al., 2016). This classification was further updated by Nitta et al. (2022), presenting a fern tree which all families are shown to be monophyletic groups. Lee and Lee (2018) adopted the taxonomy of Smith (2006), and also, developed a key and phylogenetic tree based on the analysis of 23 morphological characters. We are currently preparing a third edition based on Nitta's taxonomy. Although the most Pteridophytes reproduce sexually, some ferns exhibit asexual reproduction, through apomixis in arid environments as like deserts or naked cliff. About 75% of apomictic ferns are triploids, resulting in sterile spores and the inability to reproduce sexually. Some taxa adapt to cool, harsh, and dry habitats by producing gemmae breeding, or by developing independent gametophytes without sporophytes. In some ferns, polyploidy and hybridization contribute to the creation of new genes and forms. This study presents to identify three types of fern independent gametophytes (one filamentous and two ribbon-like) found in colonies from Gangwon-do, Gyeonggi-do, Geongsang-do, Jeju-do, using morphological and molecular approach. The analysis includes the *rps4* gene and *rps4-trnS* IGS, and *rbcL* regions of cpDNA. We also infer the distribution routes of the independent gametophytes globally. Additionally, natural hybrids of *Asplenium* found in Korean fields are examined. The study explores hybridization relationships between some hybrids and related taxa based on morphological and molecular approach, including cpDNA and flow cytometry. Particularly, it focuses on the molecular aspects of the reticulate evolution of the *Asplenium anogrammoides* complex (4x and 6x).

## 고통과 희열의 도감 만들기

Dong-Hyuk Lee<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Conservation Center for Gwangneung Forest, Korea National Arboretum

식물도감을 만드는 일은 누구나 할 수 있지만 아무나 할 수 있는 일이 아니다. 그에 맞는 적합한 성격의 소유자여야 한다. 대가(代價)를 치르지 않으면 대가(大家)가 될 수 없는 법! 혹사의 대가로 골병드는 자신을 보면서 열정 빼면 시체라서 그럴것거니 하고 웃어넘기는 사람이어야 한다. 식물도감을 만들려면 화상자료, 즉 식물 사진을 확보해야 한다. 좋은 사진을 얻기 위한 공부가 그래서 필요하다. 도감용 사진은 명징해야 하므로 되도록 순광에 놓인 피사체를 찍는 것이 좋다. 해당 식물의 분류학적 형질이나 형태학적 특징이 잘 나타나도록 찍는 것은 기본이다. 동굴레속 식물처럼 단면 사진을 찍어두어야 하는 예도 있다. 노출은 나중에 얼마든지 조정할 수 있지만, 흔들린 사진은 보정하기 어려우므로 떨사에 울지 않으려면 좋아하는 속도 끊어야 한다. 사진은 렌즈 싸움이기도 하다. 전쟁터에서 다양한 무기를 갖춘 쪽이 이길 확률이 높듯이 다양한 렌즈를 갖춰야 다양한 표현으로 승리(?)할 수 있다. 작은 식물체나 종자 사진에는 접사렌즈를, 자생지 환경이나 군락 또는 큰 나무를 찍는다면 표준렌즈나 광각렌즈를, 접근하기 어려운 곳의 식물이나 나무에 달린 열매를 찍는다면 준망원렌즈나 망원렌즈로 조준해야 한다. 하지만 그 많은 렌즈를 다 짊어지고 다니면 짐이 되므로 평소 자기 몸 또는 짐꾼을 잘 가스라이팅해둬야 한다. 열매와 종자 사진의 확보는 생각보다 어렵다. 열매 사진은 갔던 데 또 가서 찍는 수고를 해야 얻어지고, 종자 사진은 말끔하게 과육 제거한 후 찍어야 하기 때문이다. 집필은 매우 고통스럽고 장기간이 소요되는 일이다. 작업하는 동안 식물용어의 문제라든가 팩트 확인에 있어 원치 않은 공부를 많이 하게 된다. 고생스럽게 집필한 책이 세상 밖으로 나오면 그동안의 고통이 상쇄되는 듯한 희열이 찾아온다. 하지만 그것도 잠시! 기대한 만큼 크게 달라지는 것은 없으며, 투자한 시간과 경비가 그만큼 채워지는 것도 아니라는 사실을 깨닫고 나면 회의가 밀려오기도 한다. 그 공허함을 채울 길 없어 방황하다 보면 알게 된다. 내가 도감을 만드는 동안 도감이 나를 만들고 있었다는 사실을!



## 기후변화 시나리오에 따른 식물 다양성 핫스팟의 변화 예측

설재원<sup>1</sup>, 정성희<sup>2</sup>, 이동혁<sup>1</sup>, 조용찬<sup>P,1</sup>

<sup>1</sup>국립수목원 산림생물다양성연구과, 포천

<sup>2</sup>국립수목원 전시교육연구과, 포천

종분포모델링을 활용하여 기후변화 시나리오(SSP1, SSP3, SSP5)에 따른 북부식물 93종과 남부식물 90종의 반응을 토대로 다양성 핫스팟을 예측하고, 지위 중첩 분석을 통해 생물 상호작용의 변화를 예측하였다. 이러한 다수 생물종에 대한 모델링은 특히 종풍부도가 감소되는 다양성 취약지의 식별, 그리고 지역 단위 보전 전략 수립에 매우 유용한 접근 방법이다. 지속 가능한 성장 시나리오인 SSP1에서는 2011년부터 2040년 사이에 급격한 환경 변화가 진행될 것으로 분석되었다. 북부식물의 핫스팟은 주로 한반도 중부 지역(경기, 강원)을 비롯하여 태백산맥, 소백산맥과 같은 식생이 풍부한 지역이었고, 남부식물은 제주도와 남해 연안이 중심지였다. 북부식물과 달리 남부식물은 모든 시나리오에서 뚜렷한 위도 및 해발고도 변화를 보여 한반도 식물 다양성 분포 변화에 큰 영향을 미칠 것으로 분석되었다. 동해와 남해 연안은 북부식물의 다양성 손실이 크게 발생하는 취약지역으로 추출되었다. 기후변화에 따라 북부와 남부식물 간 지위 중첩 강도를 증가하였다. 우리나라의 반도 지형은 저위도, 또는 온난 지역의 생물종의 이입을 매우 제한하는 지리 조건이며, 특히 기후변화에 따른 생물다양성 분포 변화의 취약성을 잘 나타낸다. 종합적으로, 동해와 남해 연안의 기후변화 취약성을 정밀하게 평가할 필요가 있다. 북부식물에 대한 현지외 보전을 강화하고, 실제 식물종의 이동과 세력 변화 자료를 생산하는 협력망이 필요하다.

## 국립공원 아고산대 상록침엽수의 개체군 동태 및 생육 취약지구 평가 연구

김진원<sup>P1</sup>, 명현호<sup>1</sup>, 박홍철<sup>1</sup>, 전영문<sup>2</sup>, 이호영<sup>3</sup>, 서정옥<sup>4</sup>, 조형진<sup>5</sup>

<sup>1</sup>기후변화연구센터, 국립공원연구원, 원주, <sup>2</sup>송광생태연구소, 순천, <sup>3</sup>한길숲연구소, 강릉,  
<sup>4</sup>목재·종이과학과, 충북대학교, 청주, <sup>5</sup>(주)에코엔지오, 인천

전세계적으로 침엽수는 약 800여 분류군이 있으며, 이 중 약 70%가 보전적인 관심이 필요하거나 멸종위기종에 해당한다. 또한 최근 전세계적으로 가뭄, 병해충 등으로 인한 침엽수 쇠퇴 현상이 관찰되고 있는 가운데 우리나라에서는 고지대를 중심으로 구상나무, 분비나무, 가문비나무 등 상록침엽수가 쇠퇴 경향을 보이고 있어, 생육 현황 파악과 더불어 보전 노력이 필요한 상황이다. 국내에서는 구상나무와 분비나무를 중심으로 개체군 동태 및 군락 구조의 변화를 파악한 연구가 다수 수행되었으나, 군락을 이루는 대표적인 지역만을 대상으로 하여 분포 전역에 대한 생육현황 파악을 하지 못한 한계가 있었다. 이에 따라 본 연구는 아고산대 상록침엽수 분포 전역을 대상으로 생육상태를 정밀 진단하고 향후 보전 및 복원 노력이 필요한 우선지역들을 파악하고자 하였다. 이를 위하여 구상나무와 분비나무를 중심으로 아고산대 상록침엽수가 국내에서 넓게 분포하고 있는 지리산과 설악산을 대상으로 연구를 수행하였다. 상록침엽수 개체군 쇠퇴 및 갱신 등을 결정짓는 주요 요인인 생육목, 고사목, 후계목, 영급 현황에 대한 원격 및 현장조사를 수행하였고, 이를 종합적으로 분석하여 상록침엽수 생육상태를 ha당 면적에 따라 매우양호, 양호, 보통, 취약, 매우취약 5등급으로 구분하였다. 본 연구 결과를 통하여 지리산과 설악산 내 아고산대 상록침엽수 분포 전역에 대한 생육상태를 정밀 진단할 수 있었으며, 향후 보전 및 복원이 필요할 것으로 예상되는 우선지역이 파악되었다. 아고산대는 척박한 토양과 기상 조건으로 한번 훼손이 이루어지면 회복이 어렵기 때문에 아고산대 대표 식생을 이루는 상록침엽수의 쇠퇴로 인한 생물다양성 감소 및 생태계 기능 저하에 대한 예측 및 보전 노력이 필요하다. 이에 따라 앞으로도 일정 주기에 따라 아고산대 상록침엽수 분포 전역에 대한 생육 상태를 파악할 필요가 있으며, 변화 양상, 쇠퇴 속도 등에 기반하여 복원 필요성을 공론화하고 일부 지역에서는 현지 복원 및 적응 실험 등이 수행될 필요가 있을 것으로 예상된다.

# 제2부

## 초청강연

1. 최상호
2. 피정훈



THE KOREAN SOCIETY OF  
PLANT TAXONOMISTS



## 한국생명공학연구원 해외생물소재센터의 ‘해외생물소재 확보 및 활용지원 사업’

최상호<sup>p)</sup>, 백진협, 김수용, 이창영, 조상진, 박민수  
한국생명공학연구원 해외생물소재센터

한국생명공학연구원 해외생물소재센터는 2006년부터 해외생물자원의 중요성에 주목하여 차세대 국가 핵심 전략 BT산업의 필수 원자재인 생물소재의 범지구적 확보, 보존, 관리 및 활용지원 사업을 수행해 오고 있다. 해외생물소재센터의 임무는 다양한 해외 바이오 소재 공급을 통해 국내 산학연 연구진이 지속 가능한 바이오경제 기반을 구축할 수 있도록 지원하는 것이다. 중국(2007), 코스타리카(2008), 인도네시아(2009), 베트남(2013)에 해외 4개 거점 센터를 설치하여 주변국과의 공동연구 및 국제협력 네트워크를 구축하고 효과적인 소재 확보 및 관리를 도모하고 있다(누적 39개국 53개 협력 기관). 이를 통해 국내 연구자들에게 전통 지식을 포함한 다양한 소재를 제공하여, 천연의약품, 건강기능식품, 화장품 등 상업적으로 중요한 천연물 개발을 지원하는 국가 핵심 인프라 역할을 수행하고 있다. 현재까지 해외 식물 소재는 총 40,000여 종 확보되었으며, 이를 활용한 수백 편의 논문과 유망 특허를 취득하였으며, 산업계에 중대형 기술이전을 진행하였다. 해외생물소재센터는 나고야 의정서에 따라 자원 제공국과 상호 협정에 따라 이익을 공유하고, 해외 파트너 국가와의 적극적인 협력을 통해 역량 강화 및 국제협력 확대를 위해 노력하고 있다.

## 한국수목원정원관리원 소개 및 운영현황

피정훈

한국수목원정원관리원 국립세종수목원 도시생물다양성실장

한국수목원정원관리원은 「수목원·정원의 조성 및 진흥에 관한 법률」에 따라 국가가 기후 및 식생대별로 조성한 국립수목원을 운영관리하고 정원산업 진흥 및 정원문화 활성화를 전담하는 산림청 산하 기타공공기관입니다. 기관 설립은 국제사회에서는 생물다양성 감소와 기후위기에 대응하기 위해 국가별 생물다양성 보전 강화 정책 이행을 촉구하고 있어, 이에 국가에서는 기후 식생대별 국가수목원 확충을 통해 생물다양성 보전의 국가안전망 구축과 활용을 촉진하고 더 나아가 국민의 자연과 조화로운 지속가능한 삶을 위한 정원문화 활성화와 정원산업 진흥을 위해 2017년 5월 한국수목원정원관리원을 설립하게 되었습니다.

기관 연혁은 2018년도 경북 봉화에 국립백두대간수목원 개원을 시작으로 국민에게 서비스가 시작되었고, 2020년에는 기타 공공기관에서 준정부기관으로 승격되었고 그해 10월 도심형 수목원인 국립세종수목원이 개원하게 되었습니다. 2021년에는 법률 개정으로 업무 영역이 수목원을 넘어 정원까지 확장되었으며, 기관 명칭도 한국수목원관리원에서 한국수목원정원관리원으로 변경되었습니다. 또한 7월에는 민간이 설립하여 운영하던 강원도 평창 한국자생식물원을 국가 기부를 통해 국가 관리체제로 편입하여 국립한국자생식물원으로 새롭게 출범시켰습니다. 조직은 1본부 3수목원을 운영하고 있으며 정원은 452명이고 예산은 947억원입니다. 향후 조직이 확대되는 구조로 수목원분야에서는 '27년 전북 김제에 국립새만금수목원을 시작으로 '30년 전남 완도에 국립난대수목원이 조성됨에 따라 기후식생대별 식물보전의 국가 안전망이 완성됩니다. 정원분야에서도 '24년 전남 담양의 한국정원문화원, 강원 춘천의 정원소재 실용화센터 '30년에 경남 거제의 한아세안 국가정원이 완성되어 운영될 예정입니다.

주요사업은 먼저 생물다양성보전사업으로 보전분야는 희귀·특산, 멸종위기 식물의 조사·수집·보전 활동을 강화하고 정밀조사를 통해 기후변화 취약 고산지역 침엽수종(7종)의 쇠퇴원인 등을 규명하고 백두대간 중정보전종의 보전등급 평가하고 있습니다. 복원분야는 자생식물 복원소재 공급센터를 운영하여 생산·공급기반을 마련하고 복원 소재별 특성을 고려한 자생식물 종자이동구역 연구, 백두대간 산림훼손지 진단평가 및 복원계획 수립으로 산림생태 복원 정책 지원하고 있습니다. 또한 시드볼트기반 국내·외 협력 네트워크 확대를 통해 야생식물의 종자 보전을 강화하고 있습니다.

산림생물자원 활용사업으로 산림자원 활용 산업화 소재를 개발하고 대량공급 체계 구축을 통해 자생식물 증식 기술보급 확대 및 수입대체 소재를 발굴합니다. 또한 산림 내 분포 작물재래원종의 목록화 및 산업적 활용기반을 마련하고 바이오창업지원센터 신규 운영으로 산·학·연 지원을 강화하고 있습니다. 정원소재의 다양화를 위한 K-테스트베드 운영을 통해 실증분야 확대, 품평회 및 비즈니스데이 운영과 자생식물 발굴과 보급·활용 확대로 K-가든 산업을 활성화하고, 정원 탄소흡수 관련연구 및 대상지 확대로 생활권 탄소중립에 기여하고 있습니다.

마지막으로 수목원·정원 서비스사업으로 기관별 특성에 맞춘 전시·관람 서비스 강화로 고객 만족도 향상하기 위해 대국민 소통 기반 고품질의 수목원 전시·관람서비스를 제공과 생애주기별 맞춤형 수목원 교육 개발·운영을 확대하고, 수목원정원 분야 미래 인재 양성 교육을 추진하고 있습니다. 이러한 사업을 통하여 한국수목원정원관리원은 최고의 수목원·정원서비스로 국민의 삶에 행복과 미래를 드리겠습니다.

# 제3부

## 신진연구자 초청강연

1. 이유리
2. 나누리
3. 정준형







**The diverse flower of the tiny aquatic plant, *Lemna* (Araceae,  
Lemnoideae), and its dispersal in Japan**

Yuri Lee

Graduate School of Science and Technology, Niigata University, Niigata, Japan

The genus *Lemna* (Araceae, Lemnoideae), floating or submerging aquatic plant, is considered as one of the smallest plants in angiosperm family. They usually propagate asexually, the low flowering rate in nature (1.5~48%) have been reported. Furthermore, some of their flowers are still not sufficiently known, the situation caused difficulty to understand their ecology deeply. In this study, various flower and propagation types of Japanese native *Lemna* species were studied. The flowers were induced benzoic acid or salicylic acid under axenic condition. The genetic diversity parameters based on MIG-seq analysis were compared among populations. Genetic diversity within populations of male-sterile, floating species, *L. japonica* was low, it indicates most of Japanese *L. japonica* propagated asexually from extremely few clone. However, the submerging species, *L. trisulca*, had significantly high genetic diversity within populations. The result implied Japan's most *L. trisulca* populations were originated from other individuals but each population is composed of clone. It suggests the possibility that *L. trisulca* is difficult to immigrate to other area as frond due to its low dry resistance.

## Taxonomic study of the genus *Silene* L. (Caryophyllaceae) in Korea

Nuree Na<sup>P1</sup>, Chang-Gee Jang<sup>2</sup>

<sup>1</sup>DMZ Botanic Garden, Yanggu, Korea

<sup>2</sup>Department of Biology Education, Kongju National University, Gongju, Korea

Traditionally, the classification of the genus *Silene* has relied on morphological characters, including inflorescence type, calyx shape, and petal and seed morphology. However, the presence of morphological homoplasy has complicated the establishment of taxonomy within the genus. Thus, this study aims to clarify the relationships and revise the taxonomic treatment of the genus *Silene* in Korea based on both morphological and molecular evidence. In this study, we examined 105 morphological traits and conducted three numerical taxonomic analyses: principal component analysis, hierarchical clustering, and cladistic analysis. The phylogenetic analyses were performed using three regions (nuclear ribosomal DNA ITS region and chloroplast DNA rps16 and matK regions). Our study identified several morphological characters, such as habit, leaf shape, inflorescence type, calyx shape, capsule type, and seed surface, as systematically informative for differentiating *Silene* species. Phylogenetic analyses confirmed two well-supported clades: *S.* subg. *Behenantha* and *S.* subg. *Silene*. Based on these results, we propose a revised taxonomy for *Silene* species on the Korean Peninsula, recognizing two subgenera, five sections, 14 species, and one variety.

## Molecular phylogeny of Commelinaceae Mirb. based on maternal inherited genomes data

Joonhyung Jung<sup>P</sup> and Joo-Hwan Kim

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

Commelinaceae, a pantropical monocot family, comprise approximately 40 genera and 810 species. Due to considerable morphological variation and limited sampling, relationships within this family remain unclear. We assembled 27 plastomes and analysed their structural features, variations, and gene composition. All members of the subfamily Commelinoideae exhibit pseudogenization of the *rpoA* gene and have a shortened *accD* gene, whereas Cartonematoideae maintains intact forms of both genes. Phylogenetic analyses based on 78 plastid protein-coding genes provide much-needed insight into the placement of some key genera that had previously remained unplaced or were erroneously placed elsewhere within the family. To reassess the intrafamilial relationships within Commelinaceae, we reconstructed its phylogeny by analyzing five plastid and two mitochondrial protein-coding genes, covering 39 out of 40 genera and involving a total of 203 taxa. Our findings support a broader circumscription of *Aneilema* ( $\equiv$  *Rhopalephora*), *Murdannia* ( $\equiv$  *Anthericopsis*), *Commelina* ( $\equiv$  *Tapheocarpa*), *Amischotolype* ( $\equiv$  *Porandra*), and *Cyanotis* ( $\equiv$  *Belosynapsis*). The study also confirms the polyphyletic relationship between *Callisia* and *Tripogandra*, and suggests the segregation of certain genera from *Callisia*, supporting a revised taxonomy. The results endorse the recent proposal of recognizing six genera (*Aploleia*, *Brachphyllum*, *Callisia* s.s., *Cuthbertia*, *Hadrodemas*, and *Tripogandra*) within the *Callisia*/*Tripogandra* complex. Our biogeographic analysis indicated that the ancestor of Commelinaceae originated in the Australian region around 103 Mya, thus revealing an East Gondwanan origin. Furthermore, we identified four major dispersal events that have shaped the intercontinental diversification of this family: (1) from the Australian to the Ethiopian region around 83 Mya; (2) from the Ethiopian to the Oriental + Palearctic region around 64 Mya; (3) from the Oriental + Palearctic to the Neotropical region around 56 Mya; and (4) from the Neotropical to the Ethiopian region around 43 Mya.



# 제4부

## 구두발표

1. 안세문
2. 양선규
3. 정현진
4. 최태영





## A Cytogenetic Study of Schisandraceae

Se-Moon Ahn<sup>P1</sup>, Kweon Heo<sup>C1,2</sup>

<sup>1</sup>Department of Interdisciplinary Program in Smart Agriculture, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea;

<sup>2</sup>Department of Applied Plant science, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea

Schisandraceae consists of about 23 species of three genera. *S. chinensis*, *S. repanda*, and *K. japonica* are native to Korea. The fruits of *S. chinensis* and *S. repanda* are used for medicinal purpose, and their natural population is decreasing due to the overexploitation. In addition, many pharmacological studies of *S. chinensis* have been conducted, but cytological studies are insufficient. Therefore, basic cytogenetic studies such as chromosomal shape and location of rDNA were conducted. Chromosome slides were made using the root tips of each plant to observe the number of chromosomes, and FISH was performed using 5S rDNA and 45S rDNA. The number of chromosomes of the *S. chinensis*, *S. repanda*, and *K. japonica* were found to be  $2n = 28$ , respectively. All three species were found to have one pair of 45S rDNA and one pair of 5S rDNA. Unlike *S. chinensis* and *S. repanda*, *K. japonica* has a pair of satellite chromosomes(SAT). The 5S rDNA signal was observed on chromosome 5 of all species, but in *S. chinensis*, 45S was observed on chromosome 7, and in *S. repanda* and *K. japonica*, it was observed on chromosome 12. The presence of SAT chromosome could be distinguished *K. japonica* from *S. chinensis* and *S. repanda*. The position of 45S rDNA in the *S. chinensis* and *S. repanda* different and can be used to distinguish the two species. These results may be used as basic cytogenetic study of Schisandraceae in the future.

## 식물 목록 생성을 위한 웹 기반 프로그램 개발

양선규<sup>P1</sup>, 송준호<sup>2</sup>, 남보미<sup>3</sup>, 정경숙<sup>4</sup>, 최고야<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Herbal Medicine Resources Research Center,  
Korea Institute of Oriental Medicine, Naju, Korea

<sup>2</sup>Department of Biology, Chungbuk National University, Cheongju, Korea

<sup>3</sup>Division of Botany, Honam National Institute of Biological Resources, Mokpo, Korea

<sup>4</sup>Department of Medicinal Plant Science, Jungwon University, Goesan, Korea

본 발표에서는 식물을 연구하는 연구자 및 전문가들이 효율적으로 식물 목록을 생성할 수 있는 새로운 웹 기반 프로그램을 소개합니다. 이 프로그램은 국가표준식물목록과 국가생물종목록을 기반으로 하여 학명과 국명을 포함한 식물 정보를 손쉽게 접근하고 선택할 수 있게 해줍니다. 사용자가 국명으로 된 식물 목록을 입력하면 프로그램은 [학명, 국명, 특산종, 희귀종, 외래종] 등을 포함한 상세 정보를 제공하며 증거표본번호를 함께 입력할 경우, 해당 증거표본 정보도 출력됩니다. 생성된 목록은 APG IV 분류 시스템에 따른 과명 순서로 배열되며, 사용자가 보고서나 연구 자료에 쉽게 삽입할 수 있도록 표 형식으로 변환하는 기능도 포함되어 있습니다. 식물 목록은 식물상 조사 시기의 시공간적 분포 식물의 현황을 반영하기 때문에 정확하게 작성하는 것이 중요하며 이러한 자료가 누적되면 장기적으로 식물 분포의 변화를 모니터링하는 데 매우 유용한 자료로 활용될 수 있습니다. 따라서 이 프로그램은 식물학 연구의 효율성을 높이고, 데이터 관리 및 보고서 작성을 간소화하는 데 크게 기여할 것이며, 누적된 데이터는 환경 변화에 따른 식물상 변동을 파악하는 데에도 중요한 역할을 할 것입니다.

**Acknowledgments:** This research was supported by a grant from the Development of Sustainable Application for Standard Herbal Resources (KSN1823320) from the Korea Institute of Oriental Medicine (KIOM), Republic of Korea.



**Phylogeographic structure and genetic differentiation of  
*Tulipa korolkowii* (Liliaceae), endemic species of Central Asia**

Hyeon Jin Jeong<sup>1,P</sup>, Young-Ho Ha<sup>1</sup>, Ju Eun Jang<sup>1</sup>, Aleksey L. Kim<sup>1</sup>, Ye-Rim Choi<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,  
Durmon yuli str., 32, 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

The genus *Tulipa* L. (Liliaceae) holds significant cultural and economic values and known for various kinds of cultivars. Tulips are mainly distributed from southeast of Europe to Tian-shan and Pamir-Alay mountains of Central Asia, which is the center of diversity. Despite the great value of this genus, the natural habitats of wild tulip species are under threats. *Tulipa korolkowii* Regel, one of very attractive wild Tulips, occurs in Tian-shan and Pamir-Alay mountain regions and has been assessed as a Near Threatened (NT) species in the IUCN Red List. Understanding its genetic structure and evolutionary history is important for its conservation. We have conducted phylogeographic analyses of this species (16 pop., 236 ind., collected from Uzbekistan, Kyrgyzstan, and Tajikistan). Chloroplast variants were analyzed using multiplexed phylogenetic marker sequencing method. The haplotype network showed a total of 20 haplotypes from *T. korolkowii* and a distinct geographical structure into three groups (Western Tian-Shan, Northern, and Western Pamir-Alay). The analysis of molecular variance results indicated that 87.7% of the variation was attributed to differences among the geographically distinct haplotype groups, suggesting significant genetic differentiation among them. Molecular dating estimated that the divergence of *T. korolkowii* from other closely related *Tulipa* species occurred around 6.8 million years ago (stem age). This coincides with the significant uplift phase of the Tian Shan and Pamir-Alay ranges during the Alpine orogeny, suggesting that the uplift might have induced the speciation of this species. Furthermore, genetic differentiation among geographically structured haplotype groups could have been influenced by the Last Glacial Maximum around 2.6 million years ago, during which glaciers in the mountain ranges likely fragmented populations, facilitating the branching of haplotypes.

\*This research was supported by “Central Asia Green Road Project II. Research on Central Asia Plant diversity and Ethnobotanical knowledge” (KNA1-1-26, 20-1) from the Korea National Arboretum.

**Phylogenomic and morphometric data unravel delimitation of seven taxa in *Polygonatum odoratum* complex (*Polygonatum*, Asparagaceae)**

Tae-Young Choi<sup>1P</sup>, Hyo-Sik Won<sup>2</sup> and Soo-Rang Lee<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology Education, Chosun University, Gwangju, Korea

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

Species as a basic unit of evolution is greatly appreciated in many areas of biology, yet the definition has long been puzzling. Identifying and delimiting species is challenging particularly for species complex with a recent diversification history that is often accompanying incomplete lineage sorting and reticulate evolution. *Polygonatum odoratum* complex consisting of seven morphologically similar taxa is a compelling example showing porous taxonomic boundaries. In the present study, we aimed to investigate taxonomic boundaries and delimit species in the complex using Target enrichment method and morphometric analysis. Target capture using 353 universal prob set for angiosperm was employed to analyze 40 accessions of seven taxa in *P. odoratum* complex. We inferred species tree by both coalescent and maximum likelihood approaches with nuclear and plastid genome data. We also examined over 30 morphological characters on 840 herbarium sheets and conducted morphometric analysis using factor analysis of mixed data (FAMD). We successfully isolated over 200 targeted gene and complete chloroplast CDS sequences for the 40 accessions. The phylogenomic results highly supported three monophyletic clades with recent diversification history (~ 8MY). We found inter and intra genomic discordances that are particularly high among the nuclear gene trees. Except for *P. lasianthum*, clear morphological distinction among the rest six taxa was not documented in our analysis. Through the study, we provided the first phylogenomic and morphological data of *P. odoratum* complex to properly delimit species and reconstruct the phylogenetic relationship in the complex. Coupled with the morphology examinations, our extensive molecular data confidently suggested existence of three distinct species instead of the seven previously known taxa. The subtle morphological differences, rampant gene tree conflicts, cytonuclear discordance documented in our integrative analyses demonstrated a complex and fast diversification history in *P. odoratum* complex.

# 포스터발표

10:20-11:30

산학연구관 1층 로비



THE KOREAN SOCIETY OF  
PLANT TAXONOMISTS



## 한반도 식물 이름의 기준 “국가표준식물목록”

손동찬<sup>P</sup>, 신현탁, 김혁진

국립수목원 산림생물다양성연구과, 포천

이름은 정보 소통의 가장 기본적인 요소이다. 그러나 학명은 분류학적 또는 명명학적 연구 결과에 따라 정명이 변경될 수 있다. 따라서 우리나라 식물에 대한 표준화되고 통일된 식물목록의 완성은 체계적인 국가식물자원관리의 필수·불가결한 요소이기도 하다. 이에 산림청 국립수목원은 「수목원·정원의 조성 및 진흥에 관한 법률」에 근거하여 한국식물분류학회, 한국산림과학회 등의 전문가와 유관기관 등으로 구성된 국가수목유전자원목록심의회를 운영하고 있으며, 국가적 차원에서 우리 식물자원의 식물명을 체계적으로 관리하고 있다. 2024년 1월 기준 국가표준식물목록(자생식물, 외래식물)에 구축된 학명은 총 24,599개로 정·이명으로 사용할 수 있는 합법명 22,779개, 비합법명 815개, 서명 742개, 동명 254개, 오적용 9개로 구성되며, 「국가생물종지식정보시스템」과 「국가표준식물목록시스템」에서 누구나 이용 및 확인 가능하도록 서비스 되고 있다. 구축된 한반도 자생식물은 187과 948속 3,949분류군이며, 초본 3,210분류군, 목본 739분류군이다. 이중 남한분포종은 3,226분류군, 북한분포종은 2,452분류군이다. 외래식물은 43과 215속 420분류군이며, 임시정착식물 125분류군, 귀화식물 255분류군, 불확실종 40분류군이다. 앞으로도 산림청 국립수목원은 한반도에 분포하는 모든 식물종에 대한 지속적인 연구·검토를 통해 한반도 식물자원의 관리와 연구를 위한 기준 목록을 제시하고, 더 나아가 지구적 차원의 식물종 보전에 기여할 수 있도록 노력할 것이다.

**Systematic implications of the genome size and leaf  
micromorphological variations in Korean *Veratrum* L. taxa  
(Melanthiaceae)**

Hyeonjin Kim<sup>P</sup>, Bokyung Choi, Tae-Soo Jang\*

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

Department of Biological Science, Chungnam National University, Daejeon 34134,  
Korea

*Veratrum* L. (Melanthiaceae) is a perennial herbaceous genus comprising 26 taxa worldwide, divided into two sections: sect. *Alboveratrum* and sect. *Fuscoveratrum*. The genus is predominantly distributed in the temperate regions of the Northern Hemisphere, with the center of species diversity particularly prominent in East Asia. In Korea, eight *Veratrum* taxa are currently recognized: *V. oxysepalum*, *V. dolichopetalum*, *V. nigrum*, *V. maackii* var. *maackii*, *V. maackii* var. *parviflorum*, *V. versicolor*, and *V. versicolor* f. *viride*. This study estimated genome sizes using the flow cytometric (FCM) analysis and described the foliar epidermal characteristics of Korean *Veratrum* species. The genome size of the studied taxa in sect. *Alboveratrum* ranges from 3.28 pg/1C to 4.11 pg/1C, while in sect. *Fuscoveratrum*, it ranges from 2.10 pg/1C to 2.21 pg/1C, confirming inter-sectional genome size differences. All examined Korean *Veratrum* species exhibit amphistomatic leaves with anomocytic stomatal complexes. The mean size of guard cell length ranges from  $63.09 \pm 7.62$   $\mu$ m in sect. *Alboveratrum* to  $48.86 \pm 4.13$   $\mu$ m in sect. *Fuscoveratrum*. The analysis of genome size and leaf micromorphological features conducted in this study provides valuable insights into unraveling the evolutionary relationships within *Veratrum*.

---

This work was financially supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) funded by the Korea government (NRF-2021R1I1A2045820) to T.-S. Jang.

## 한국산 차나무과(Theaceae)의 형태학적 특성 및 분포

조형준<sup>P</sup>, 박범균, 이세령, 손동찬

산림생물다양성연구과, 국립수목원, 포천

차나무과(Theaceae)는 전 세계적으로 약 19속이 아프리카, 아메리카, 아시아, 태평양 섬의 열대 및 아열대 지역에 분포하며, 꽃의 성, 수술의 수, 약의 부착, 열매의 종류 및 열개 등의 특징으로 Theoideae아과와 Ternstroemioidae아과 2아과로 구분된다. 국내에는 5속 6종 1변종이 알려져 있으며, 이중 특산식물은 노각나무 1종이며, 재배식물은 차나무와 애기동백 2종이 있다. 본 연구에서는 국내에 분포하고 있는 차나무과 식물을 대상으로 기존에 식별형질로 알려진 주요 형질들을 재검토하였으며, 추가로 새롭게 인식된 식별형질을 기반으로 차나무과의 종 검색표를 새로이 제시하였다. 또한, 국립수목원 산림생물표본관(KH)에 소장되어 있는 증거표본의 재동정과 현지조사를 통해 확보한 일차종발생정보를 기반으로 국내 차나무과에 속하는 6분류군들의 지리적 분포 특성에 대해서도 논의하였다.

## 한국산 모시풀속 수과의 형태 및 해부학적 형질 비교를 통한 분류학적 유용성 검토

조형준<sup>P1</sup>, 김성현<sup>2</sup>, 김태웅<sup>2</sup>, 정규영<sup>2</sup>

<sup>1</sup>산림생물다양성연구과, 국립수목원, 포천; <sup>2</sup>산림과학과, 국립안동대학교, 안동

모시풀속(*Boehmeria* Jacq.)은 켄치과(Urticaceae Juss.) 내 큰 속 중 하나이며, 약 120여 종이 열대 및 아열대 지역에 넓게 분포한다. 특히 동북 또는 동남아시아 지역은 모시풀속 식물의 종 다양성 중심지로 약 44~75종이 분포한다. 국내에는 13종이 전국적으로 생육한다. 전통적으로 켄치과의 분류에 있어 수과는 분류학적으로 매우 중요한 형질로 인식되고 있다. 그러나 구대륙에서 모시풀속 식물의 수과에 대한 분류학적 연구는 수행된 바 없다. 본 연구는 한국산 모시풀속 13분류군에 대한 수과의 형태 및 해부학적 형질들을 조사, 비교 분석하여 수과 형질에 대한 분류학적 유용성을 확인하는데 목적이 있다. 그 결과, 형태 및 해부학적 형질에서 집단과서 당 수과의 갯수를 비롯하여 수과의 크기, 형태, 색, 그리고 모양의 유형은 모시풀속을 열(series)로 세분하는 분류체계와 일치하였고, 특히 일부 종을 식별하는데 매우 유용하였다. 또한 수과의 횡단면 형태, 수과 양측에 날개의 유무, 종과피의 형태 및 두께, 내과피의 보강세포 층 수 및 이들의 두께, 그리고 종피의 두께 등이 유용한 형질로 확인되었다.



## 국내 유입 외래식물 현황 정보에 대한 모든 것

강은수<sup>P1</sup>, 이강협<sup>1</sup>, 정수영<sup>2</sup>, 장계선<sup>3</sup>, 손동찬<sup>1</sup>

<sup>1</sup>산림생물다양성연구과, 국립수목원, 포천; <sup>2</sup>연구기획팀, 국립수목원, 포천;

<sup>3</sup>DMZ산림생물자원보전과, 국립수목원, 양구

외래식물은 원래 생육 지역을 벗어나 새로운 지역에서 자라는 식물로 정의되며, 사람들의 생활과 자연생태계의 생물다양성에 긍정 혹은 부정적인 영향을 미칠 수 있는 양면성을 지니고 있다. 2024년 산림청 국립수목원이 운영하는 국가생물종지식정보시스템(<http://www.nature.go.kr>)에서 식물자원의 '외래식물'에 대한 모든 항목이 재구성되었다. 국가표준식물목록 기준 현재까지 보고된 외래식물 총 43과 216속 420분류군에 대한 다양한 정보들이 제공된다. 국내 유입된 외래식물의 전반적인 특성과 현황에 대한 정보뿐만 아니라 지역(도)별 외래식물의 출현종수, 유입시기 및 확산등급에 따른 외래식물의 분류, 종구성 등이 통계자료로 제공된다. 또한 국명, 학명, 분포지역, 생태계교란식물 등 사용자가 직접 다양한 조건을 선택하여 검색토록 하였으며, 이를 이용하여 특정 종목록 생성도 가능하다. 각 분류군에 대한 세부 정보로는 생활형, 원산지, 침입지위, 분포특성, 기재문, 화상자료 등을 확인할 수 있다. 특히 분포정보는 2002년부터 현재까지 국립수목원에서 외래식물 전국조사를 통해 확보한 일차종발생정보(총 54,916지점)를 기반으로 구성되었으며, 각 분류군별 분포자료는 누구나 엑셀파일 형식으로 직접 내려받을 수 있다.

## 국내에서 발견한 9종 미기록 외래식물의 보고

강은수<sup>P1</sup>, 김진숙<sup>2</sup>, 이만규<sup>2</sup>, 이성권<sup>2</sup>, 이성원<sup>2</sup> 송명준<sup>3</sup>, 손동찬<sup>1</sup>

<sup>1</sup>산림생물다양성연구과, 국립수목원, 포천; <sup>2</sup>한국 양치식물연구회, 부산; <sup>3</sup>(주)넵프, 양평

자생지역을 떠나 새로운 지역에 유입된 외래식물은 주변 환경적응에 실패하여 도태되는 경우가 대부분이다. 그러나 일부의 경우, 적응에 성공하여 정착 이후 통제되지 않은 확산으로 사람들의 생활에 불편을 주거나 자연생태계로 침입하여 생물다양성을 낮추는 결과를 초래하기도 한다. 침입외래식물의 효율적인 관리를 위해서는 확산되기 전 이들을 인지하고, 종의 특성을 파악하는 것이 중요하다. 본 연구에서는 국립수목원의 ‘산림침입외래식물의 종분포 및 분류학적 연구’ 일환으로 수행된 2023년 외래식물 전국 분포조사에서 확인된 미기록 외래식물 총 9 분류군[*Anchusa arvensis* (L.) M.Bieb., *Chondrilla juncea* L., *Froelichia gracilis* (Hook.) Moq., *Geranium robertianum* L., *Hedypnois rhagadioloides* (L.) F.W.Schmidt, *Hypochaeris glabra* L., *Leucospora multifida* (Michx.) Nutt., *Polycarpon tetraphyllum* (L.) L., *Solanum scabrum* Mill.]에 대한 발견지 및 형태적 특징을 보고하고자 한다. 이 중, *Froelichia*, *Leucospora*, *Polycarpon*의 3속은 국내 처음 기록되는 속이다. 본 연구 결과는 향후 외래식물의 동정과 이들의 제어 방안을 수립하기 위한 기초자료로 활용되길 기대한다.

**Micromorphological study of the *Lepidium virginicum* L.  
(Brassicaceae) using the light microscope and the field  
emission-scanning electron microscope**

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

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

The *Lepidium virginicum* L. (Korean name: Kong-da-dak-naeng-i) is a member of the family Brassicaceae Burnett (= Cruciferae Juss.). Several studies focused on this species relate to morphological and phytochemical analysis. However, there are few micromorphological studies on this species. This study aimed to analyze and describe the characteristics of epidermal cells from the leaves and flowers using a light and field emission-scanning electron microscope. The leaves of *L. virginicum* were amphistomatic type. The epidermal cells from leaves were irregular and convex, with striations on the surface of the cuticle layer. There were simple unicellular trichomes on the both surfaces of the leaves. The inner side of a sepal was an isodiametric rectangle, whereas the outer side was an irregular cell shape with an undulated anticlinal cell wall. There were unicellular papillose trichomes and stomata-like structures on the outer side of sepals. The epidermal cells from an anther were square or pentagonal, with striations on the surface of the cuticle layer. The petal's epidermis was hexagonal on the proximal surface and conical on the distal surface. The periclinal cell walls of a petal were convex with striations, and the shape of cells was papillose. The *L. virginicum* is similar to the *L. apetalum* Willd. and each is misidentified frequently. These obtained results provide valuable information for the correct identifying of species and present insights into future taxonomic research about the genus *Lepidium* L.

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

## Karyotype evolution and genome size variation in *Hosta* species

Da-Eun Jung<sup>P1</sup>, Bokyoung Choi<sup>1</sup>, Hyeok Jae Choi<sup>2\*</sup>, Tae-Soo Jang<sup>1\*</sup>

\*Correspondence to be sent to: hjchoi1975@changwon.ac.kr & jangts@cnu.ac.kr

<sup>1</sup>Department of Biological Science, Chungnam National University, Daejeon 34134, Korea; <sup>2</sup>Department of Biology and Chemistry, Changwon National University, Changwon 51140, Korea

Karyotype structures and genome size variations have been recognized as crucial factors for the diversification of flowering plants. Although cytological variations, including polyploidization and dysploidization, are relatively common in Angiosperms, detailed karyological investigations to better understand evolutionary contexts are rather limited to several plant groups. The *Hosta* Tratt. genus not only holds significant economic importance in the fields of ethnobotany and horticulture but has also been cultivated specifically for medicinal purposes. To infer cytological evolutionary mechanism of the genus, we analyzed chromosome numbers and karyotypes obtained through classic Feulgen staining, and we measured genome size using flow cytometry. While the chromosome number of all investigated plants was consistently  $2n = 60$ , total haploid chromosome size varied from 55.37  $\mu\text{m}$  in *H. jonesii* to 76.22  $\mu\text{m}$  in *H. yingeri*, including 1.37-fold difference. The largest individual chromosome was found in *H. yingeri* (7.15  $\mu\text{m}$ ), while the smallest was in *H. minor* (0.78  $\mu\text{m}$ ), indicating a bimodal karyotype with small chromosomes and large acrocentric chromosomes. The DNA 1C-value in all examined species was relatively large, ranging from 9.67 pg in *H. clausa* to 10.55 pg in *H. yingeri*, further supporting the evolution of variable genome sizes in *Hosta*. The comprehensive cytological results provide a framework for detailed molecular cytogenetic and phylogenomic analyses, enhancing our understanding of species diversification in *Hosta*, regardless of stable chromosome numbers.

\* This work was financially supported by Korea Basic Science Institute (National Research Facilities and Equipment Center) grant funded by the Ministry of Education (Grant No. 2023R1A6C101B022) and the National Research Foundation of Korea (NRF) funded by the Korea government (NRF-2021R111A2045820) to T.-S. Jang.

## 부추(*Allium*)속 종자의 형태학적 특성 분류

조민수<sup>P</sup>, 추예린, 나채선

야생식물종자실, 국립백두대간수목원, 경상북도 봉화군

본 연구는 재배종인 양파의 야생근연종(Crop Wild Relation: CWR)에 해당하는 부추(*Allium*)속 내 강부추(*A. longistylum* Baker), 두메부추(*A. dumebuchum* H.J.Choi), 부추(*A. tuberosum* Rittler ex Sperng.), 산마늘(*A. microdictylon* Prokh.), 실부추(*A. anisopodium* Ledeb.), 한라부추(*A. taquetii* H.Lév. & Vaniot) 등 6종 8점을 대상으로 종자 형태분석 및 분류학적 의의를 알아보고자 진행되었다. 연구 수행은 국립백두대간수목원의 기기를 이용하였다. 외부형태는 이미지분석기를 이용, 외곽선 및 길이, 폭 등을 분석하였으며, 내부 형태는 고정 후 EtOH 70%에 치환, 절단 후 광디지털현미경으로 촬영하였다. 미세형태는 5mA에서 60s 코팅 후 SEM 가속전압 15kv에서 촬영하였으며, 해부형태는 EMS레진을 이용하여 임베딩 후 Toluidine Blue O 염색된 5 $\mu$ m 절편을 광학현미경으로 촬영하였다. 외부형태학적 형질 분석결과, 색상은 D<sub>65</sub> 광원 기준에서 RHS147A (RGB 232c1b), RHS166A (RGB 3a2521)로 종간 차이가 없는 것으로 확인되었다. 종자의 길이(L; 평균 최댓값 두메부추 3.32 $\pm$ 0.15mm), 폭(W; 평균 최댓값 두메부추 2.31 $\pm$ 0.13mm)과 W/L(평균 최댓값 산마늘 0.90 $\pm$ 0.05)로 측정되었다. 종자 외곽형태의 분석결과 구형(Spherical)으로 나타난 산부추와 이형(Pyriiform)의 실부추를 제외하고 종 간의 차이가 없는 것으로 확인되었다. 미세형태학적 형질 분석결과, 종의 수층벽에서 구조 차이가 존재하였다. 병층벽의 표면에서는 산부추를 제외하고 돌기가 존재하며, 그 크기는 실부추 0.488 $\pm$ 0.116 $\mu$ m ~ 부추 1.341 $\pm$ 0.308 $\mu$ m로 종별로 유의한 차이가 있는 것을 확인하였다. 종자의 배의 형태와 크기는 모든 종에서 선형(Liner)의 배를 갖는 것이 확인되었으나, 종자 내에서의 배의 배치(Liner, Circular) 및 종자 크기 대비 배의 비율(Basal, Peripheral)에서는 아속(Subgenus) 수준에서의 차이가 확인되었다.

\* 본 연구는 산림청 임업진흥원(과제번호:2021400B10-2425-CA02)의 지원을 받아 수행되었습니다.

**Micromorphology of *Potentilla discolor* (Rosaceae)  
using field-emission scanning electron microscopy**

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

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

*Potentilla discolor* Bunge (Rosaceae) is a medicinal plant, a perennial herb distributed in Russia, China, Taiwan, Japan, and Korea. This species can be distinguished from the other *Potentilla* species by spindle-shaped roots and serrated leaf margins. Although this species has been used as an essential folk medicine, it focuses less on its micromorphological features. Thus, in this study, we have analyzed and described the comprehensive micromorphology of vegetative and reproductive structures of the Korean *P. discolor* using a field-emission scanning electron microscope (FE-SEM). Trichomes were distributed on the both surfaces of the leaflets. While curved conical strigose were sparsely distributed on the adaxial surface, crispate and floccose villi were densely distributed on the abaxial surface. Fine epicuticular waxes were observed on the adaxial surface of the leaflets. Tabular rugose and conical papillose cells were verified on their petal's outer and inner epidermis. Especially the conical papillose cells on their inner surface provide indirect evidence of association with insect pollination. Achenes were reniform to an ellipsoidal-shaped outline with a colliculate sculpture. These obtained features provide systematic significance for further phylogenetic studies of the genus *Potentilla* and establish a basis for future taxonomic delimitation of other taxa.

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

## 개미취속(*Aster L. sensu lato*)의 수과 해부학적 특징

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 분포하고, 국내에 개미취속은 23분류군이 분포하는 것으로 알려져 있다. 본 속에 대한 해부학적 연구는 줄기, 잎, 외충포, 자방 등 연구가 이루어져 있었으나, 최근 분포가 확인되거나 추가된 분류군들이 다루어진 바 없으며, 수과 관련 해부학적 연구는 전무한 실정이다. 본 연구는 국내에서 채집된 개미취속 23분류군에 대한 수과의 해부학적 형질을 확인하여 분류학적 유용성을 파악하였다. 그 결과 횡단면의 형태, 측면 날개의 발달 정도, 능각 수, 중과피의 층수, 내과피 보강세포의 두께 등의 차이를 확인할 수 있었으며, 그 중 횡단면의 형태, 측면 날개의 발달 정도는 절을 구분하는데 중요한 형질로 확인되었다. 또한 능각의 수, 중과피의 층 수, 내과피의 보강세포의 두께는 종을 구분하는데 중요한 형질로 관찰되었다. 본 연구의 결과는 한국산 개미취속의 절 및 종을 구분하는데 기초 연구 자료로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

### 국립생물자원관 소장 고 이영노 교수 기증 표본

류세아<sup>p</sup>, 은보라<sup>1</sup>, 임세윤<sup>2</sup>, 이상준, 김민하

생물종다양성연구과, 국립생물자원관, 인천

바이오생명공학과 성신여자대학교, 서울<sup>1</sup>

생명과학과 중앙대학교, 서울<sup>2</sup>

고 이영노 박사(1920~2008)는 한국의 식물상에 대한 광범위한 연구를 통해 새로운 학명 363개를 제안하는 등 한국 식물 분류학 발전에 공로한 바 있다. 그러나 그가 제안한 새로운 학명 중 다수가 기준표본의 미지정 등의 사유로 정당발표되지 않은 것으로 알려져 있어, 관련 분류군의 실제 여부와 관련없이 그 학명의 사용이 불가능한 실정이다. 한편, 사후 그가 소장하고 있었던 표본 약 12,000점이 그의 가족을 통해 국립생물자원관에 기증되었으며, 국립생물자원관에서는 기증표본의 DB화 작업이 진행 중이다. DB화 작업 중 정당 발표되지 않은 학명과 관련된 여러 표본이 발견됨에 따라 본 발표에서는 한라새등지란, 정선헌기, 유성노루귀, 한라감자난초 등 주요 식물에 대한 고 이영노 교수의 표본을 보고하고자 한다. 이들 중 일부는 신종 발표 시 사용되었을 것으로 추정되며, 해당 식물의 분류학적 실체 구명에 큰 기여를 할 것으로 사료된다.



## 한국산 기장아과 바랭이속(*Digitaria*)의 재검토

심선희<sup>p</sup>, 이은실, 류세아, 김민하, 이상준

생물종다양성연구과, 국립생물자원관, 인천

벼과(Poaceae)의 기장아과(Panicoideae)는 소수를 이루는 2개의 소화 중 1개만이 임성을 가지며, 소화축이 뚜렷이 신장하지 않는 특징으로 다른 아과와 구분된다. 이 중 바랭이속(*Digitaria*)은 대표적인 논·밭의 잡초로 알려져 있으나 약용에도 쓰임이 있는 식물로, 열대 및 온대 지역에 전세계 250여 분류군이 알려져 있다. 국내에는 국가생물종목록을 기준으로 4종 3변종이 분포한다고 보고되어 있으나, *D. ischaemum*의 국내 분포에 대해서는 학자간 이견이 있다. 본 연구에서는 국립생물자원관 식물표본관(KB)에 소장되어 있는 한국산 바랭이속의 표본을 이용하여, 형태학적 연구 및 DNA 바코드 구간(*rbcl*, *matK*, ITS)을 이용한 분자생물학적 연구를 수행하였다. 외부 형태학적으로 소화축에 난 돌기의 유무와 호영의 길이, 맥상 돌기 유무 및 털 형태 등이 한반도 바랭이속의 종을 식별하는 유용한 형질임을 확인하였고, 분자생물학적 연구 결과 엽록체 DNA 구간(*rbcl*, *matK*)에 비해 핵 DNA 구간(ITS)이 종을 구분하기에 유용한 것으로 나타났다. 외부 형태 및 분자생물학적 연구를 종합한 결과 한반도 바랭이속은 종 수준에서 *Digitaria ciliaris* (바랭이), *D. radicata* (좀바랭이), *D. ischaemum* (좀민바랭이), *D. villosa* (민바랭이) 4종으로 구별됨을 확인하였다.

## 생태복원을 위한 자생식물 분류연구의 중요성: 국립수목원 산림생태 복원 연구를 사례로

장계선<sup>P1</sup>, 김상준<sup>1</sup>, 김혁진<sup>2</sup>, 정미진<sup>2</sup>, 길희영<sup>2</sup>, 손동찬<sup>2</sup>

<sup>1</sup>산림청 국립수목원 DMZ산림생물자원보전과, 양구군, 대한민국

<sup>2</sup>산림청 국립수목원 산림생물다양성연구과, 포천시, 대한민국

최근 기후위기와 함께 강조되고 있는 생태복원은 식물분류학자의 역할이 요구되는 분야이다. 생태복원에서는 복원 식물의 회복력과 자생력을 통해 복원 후 자연이 스스로 회복하는 과정을 돕기 위해 자생식물의 사용을 강조한다. 이를 위해서는 복원 대상지와 주변 지역, 참조 지역에 대한 식물상과 식생 조사를 통해 복원 대상 식물을 선정하고 복원 가능한 지역 범위에서 수집된 정확히 동정된 식물로부터 수확된 종자나 식물소재가 필수적이다. 국립수목원은 2018년부터 DMZ 복원을 위한 식물의 선정과 증식을 시작으로 생태복원을 위한 연구를 위해 약 10년간 DMZ와 접경지역의 식물상 조사를 통해 지역의 식물상을 정확히 기록하고 식물의 생육 가능지역에 대한 정보를 구축하였다. 또한 자생식물임에도 수입된 종자를 사용하고 있는 포아풀류 등에 대한 수입 소재의 실체를 확인한 결과 다수의 유사 식물분류군이 섞여 있음을 확인할 수 있었다. 따라서 복원소재로 사용되는 수입 자생식과 외래식물을 대체할 수 있는 국산 자생식물 소재 확보를 위해 정확한 동정과 계통학적인 근연 관계에 기반한 대체종의 발굴을 위한 분류학적 연구 결과를 활용할 수 있다. 또한 조(2021)는 생태복원 식물종 사용 실태에 관한 연구에서 도면에 제시된 식물에 대한 식물명이 학명이 아닌 보통명(일반명)을 사용하고 심지어는 목, 과, 속 등 만을 기록함으로써 정확히 요구되는 식물이 식재되지 않을 수 있음을 지적하면서 국가표준식물목록 등에 근거한 정확한 식물학명의 사용이 필요함을 지적하였다. 마지막으로 산림청 국립수목원은 생태복원에 있어 복원 대상지에 적합한 국산 자생식물 종자를 공급하기 위해서 해당 종에 대해 외부형태적 특징에 근거한 동정 및 유전적 특성 분석 데이터에 기반한 국산 진위 여부 등에 활용될 수 있도록 자생식물 인증에 관한 연구를 진행하고 있다. 이렇듯 생태복원을 위한 바탕에는 기본 재료인 식물에 대한 분류학적인 지식과 정보가 무엇보다 필수적이라 하겠다.

## Development of an automatic herbarium image identification system based on the convolutional neural network: a preliminary study on Korean Violaceae

Hyeonji Moon<sup>P1</sup>, Bora Eun<sup>2</sup>, Hankyu Moon<sup>3</sup>, Jaesung Lee<sup>4</sup>, and Sangtae Kim<sup>1,2,\*</sup>

<sup>1</sup>Sungshin Women's University, Seoul 01133, Rep. of Korea;

<sup>2</sup>Department of Biotechnology, Sungshin Women's University, Seoul 01133, Rep. of Korea;

<sup>3</sup>Samsung SDS Research America, 3655 North 1st Street, San Jose, CA 95134, United States;

<sup>4</sup>Department of Artificial Intelligence, Chung-Ang University, Seoul, 06974, Rep. of Korea

Digitized mass specimen images accelerated comprehensive access to species-specific biodiversity information. However, data quality, as represented by correct identification rates, is a key factor in the success of subsequent studies. Large herbaria still hold a large number of misidentified specimens, and their re-identification requires a great deal of time and effort by taxon-specific experts. Our study aims to develop an automated preliminary identification system using the convolutional neural network with a curated data set for fast and efficient re-identification of herbarium data. As a preliminary study for this, we tried an automated identification by the Resnet-based model using transfer learning, focusing on five common species of Korean Violaceae. We obtained more than 2,500 specimen images from major herbaria in Korea to train the model. The model demonstrates an overall accuracy of 89.08%, with a macro average F1-score and weighted average F1-score both 0.89, respectively. The test accuracy for each class is 85.14% for *V. acuminata*, 89.46% for *V. arcuata*, 94.87% for *V. cherophylloides*, 91.74% for *V. mandshurica*, and 82.81% for *V. orientalis*. After adding more species and fine-tuning the model, the system will be an efficient preliminary identification system for the re-identification of pre-deposited herbarium sheets as well as new specimens.

-----  
\* Corresponding author Email: amborella@sungshin.ac.kr

\* This work was supported by a grant from the National Institute of Biological Resource (NIBR), funded by the Ministry of Environment (MOE) of the Republic of Korea (NIBR202333202)

## Variation in guard cell and genome size among Korean *Hemerocallis* species

Yu-Eun Ahn<sup>P</sup>, Bokyoung Choi\*, Tae-Soo Jang\*

\*Correspondence to be sent to: cbokyoung@cnu.ac.kr, jangts@cnu.ac.kr

Department of Biological Science, Chungnam National University, Daejeon 34134,  
Korea

The genus *Hemerocallis* L. is distributed worldwide, primarily in Northeast Asia, and comprises 20 to 30 species. In this study, we conducted an analysis of the leaf micromorphology of three Korean daylilies (*Hemerocallis fulva*, *H. taeanensis*, *H. thunbergii*) using a light microscope (LM) and compared their genome sizes using flow cytometry (FCM). The primary objective was to elucidate the differences among three *Hemerocallis* species in terms of foliar micromorphological characteristics and genome size. The examined Korean *Hemerocallis* taxa exhibited amphistomatic or hypostomatic leaves with anomocytic stomatal complexes. The guard cell length on the abaxial side varied among species, ranging from 28.7  $\mu\text{m}$  in *H. thunbergii* to 37.9  $\mu\text{m}$  in *H. fulva*. In comparison to a previous study on *H. lilioasphodelus*, another species within the same genus, which reported a genome size of 3.89 pg/1C, we found that *H. taeanensis* had a genome size of  $4.00 \pm 0.29$  pg/1C, *H. thunbergii* had a genome size of  $3.87 \pm 0.40$  pg/1C, *H. fulva* had a genome size of  $6.39 \pm 0.27$  pg/1C, indicating two different ploidy variations ( $2n = 2x = 22$  and  $2n = 3x = 33$ ). In the present study, we have discussed certain conclusions and speculations, and have pointed out new questions that are yet to be explored in the evolution of Korean *Hemerocallis* taxa.

\* This work was financially supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) funded by the Korea government (NRF-2021R1I1A2045820) to T.-S. Jang.

## 꼬리고사리과 미기록 잡종 보고—반들깃고사리와 개차고사리의 불임성 잡종 분류군

박상희<sup>P1</sup>, 김정성<sup>1</sup>, 김형태<sup>2</sup>

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

반들깃고사리 (*Asplenium boreale* (Ohwi ex Sa.Kurata) Nakaike)와 개차고사리 (*A. oligophlebium* Baker)는 꼬리고사리과 (Aspleniaceae Newman) 꼬리고사리속 (*Asplenium* L.)에 속하는 근연 분류군으로, 국내에서는 제한된 분포 범위를 보이고 있으나 서식지 환경이 비슷해 혼생하고 있는 경우가 많다. 국내 꼬리고사리과에 대한 다양성 연구과정에서 두 종의 혼생지 중 한 곳에서 형태적으로 두 종의 F1 잡종으로 추정되는 개체가 발견되었다. 따라서, 본 연구에서는 이 잡종 추정 개체에 대한 보다 정확한 검증을 위해 엽록체 DNA와 핵 DNA 분석 및 배수성과 포자의 임성 여부를 확인하였다. 엽록체 DNA 지역인 *rbcL*, *trnL-F*, *psbA-trnH* 구간의 염기서열을 분석한 결과 본 잡종 분류군의 모계는 반들깃고사리로 확인되었으며, 핵 DNA 지역인 *pgiC* 분석 결과 반들깃고사리와 개차고사리 type을 모두 가지고 있음이 확인되었다. Genome size 분석을 통해 본 분류군의 배수성은 3배체, 부종인 개차고사리는 2배체, 모종인 반들깃고사리는 4배체임을 확인하였다. 포자낭은 축소된 상태였으며, 정상적인 포자가 관찰되지 않아 불임성인 것으로 추정되었다. 따라서 본 분류군은 반들깃고사리와 개차고사리의 불임성 종간 잡종으로 최종 확인되었으며, 국내에 자생하는 것이 본 연구를 통해 처음으로 밝혀졌다.

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

### Taxonomic identity of *Senecio nemorensis* L. on Jeju island

Iseon Kim<sup>P1</sup>, Changkyun Kim<sup>1</sup>, Attila Mesterházy<sup>2</sup>, Yongsung Kim<sup>1</sup>

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

<sup>2</sup>Wetland Ecology Research Group, Institute of Aquatic Ecology, HUN-REN Centre for Ecological Research, Debrecen, Hungary

*Senecio nemorensis* L., belonging to the Asteraceae family, are perennial herbs distributed along the mountainous regions of Eurasia's central and northern parts. In South Korea, *S. nemorensis* is divided into two regions, Jeju Island and the western islands, with morphological variations. This study conducted morphological and molecular phylogenetic analyses on *S. nemorensis* samples from Korea, China, and Europe (Hungary, Slovenia) to identify taxonomic distinctions between Jeju Island and the western islands of South Korea. The results showed that using chloroplast genome for phylogenetic analysis supported a monophyly between Jeju Island and the western islands, while nrDNA ITS region revealed two distinct lineages. *S. nemorensis* on Jeju Island formed a monophyletic clade with *Senecio ovatus* in Europe, while those in the western islands of Korean peninsula were clustered with China. Additionally, ecological and morphological differences, such as the number of petals, length of supplementary bracts, flowering and fruiting periods, were observed between the two regions. In conclusion, *S. nemorensis* on Jeju Island exhibits morphological and phylogenetic differences from the regions of China and the western islands of the Korean Peninsula. Further taxonomic scrutiny is necessary to confirm the taxonomic identity of the species.

## A new Rubiaceae genus from Kachin State, Myanmar

Eui-Kwon Jung<sup>P1</sup>, Jung-Hoon Lee<sup>2</sup>, Homervergel G. Ong<sup>3</sup>, Dae-Hyun Kang<sup>4</sup>, HyeWoo Shin<sup>5,6</sup>, Khoon Meng Wong<sup>7</sup>, Zaw Naing Tun<sup>8</sup>, Young-Dong Kim<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Life Science, Hallym University, Chuncheon, Korea; <sup>2</sup>On Biological Resource Research Institute, Namyangju, Korea; <sup>3</sup>Multidisciplinary Genome Institute, Hallym University, Chuncheon, Korea; <sup>4</sup>Korea National Park Research Institute, Wonju, Korea; <sup>5</sup>Research Institute of EcoScience, Ewha Womeans University, Seoul, Korea; <sup>6</sup>Molecular Ecology, Smithsonian Environmental Research Center, Edgewater, MD, United States; <sup>7</sup>Singapore Botanic Gardens, Tanglin, Singapore; <sup>8</sup>Hkakaborazi National Park Putao, Kachin State, Myanmar

Kachin State in northern Myanmar is a region rich in plant biodiversity, with diverse topographical characteristics, and where a number of new species have been recently discovered. This study reports a putative new species collected in Putao, Kachin State. The shrub species is from the Rubiaceae Juss., and probably merits its own genus status in the family. Rubiaceae are distributed worldwide and are known to include approximately ca. 13,240 species in ca. 614 genera. Here, the molecular phylogenetic relationship and taxonomic position of the species was determined by examining the cpDNA (rbcL) and nrDNA (ITS) regions. Our initial results revealed that the new species is classified within the tribe Gardenieae A.Rich. ex DC., in the subfamily Ixoroideae Raf.. Our molecular data showed that the species is closely related to *Himalrandia* T.Yzmaz. [*Himalrandia lichiangensis* (W.W.Sm.) Tirveng.], which is only distributed in northern Yunnan, China. When morphological characteristics were compared, distinguishing characters in plant habit, stem indumentum, leaf arrangement, and calyx lobes, showed that the species resembles members of three Rubiaceae genera (*Rubovietnamia* Tirveng., *Duperrea* Pierre ex Pit., and *Himalrandia*). Our poster presents the description, illustration, and a key for the identification of the species, which is currently in the process of naming.

## 한반도 주요 수목 자생지의 식생학적 특성 조사

손동찬<sup>P1</sup>, 박범균<sup>1</sup>, 조현제<sup>2</sup>, 조용찬<sup>1</sup>

<sup>1</sup>국립수목원 산림생물다양성연구과, 포천; <sup>2</sup>(주)자연과숲연구소, 대구

우리나라는 전 국토의 64%가 산림으로 구성되어 있으며, 수많은 산림생물자원이 분포하고 있다. 그중 수목유전자원은 경제적 가치뿐만 아니라 생물다양성 유지의 기반 자원으로서 매우 중요한 위치를 차지한다. 그러나 우리 자생수목에 대한 자생지 식생정보는 단편화되어 있거나, 일부 수종에 대한 정보만이 알려져 있을 뿐이다. 이에 산림청 국립수목원은 2019년부터 전국 산지 총 3,780개 지소를 대상으로 주요 자생수목 500여 분류군에 대한 층위구조, 구성종, 우점종, 식피율, 출현종 수, 해발고, 미세지형, 사면경사, 노암율 등의 식물사회학적 식생 정보와 입지환경 정보를 조사하였으며, 그 속성정보를 표준화하여 각 수목별 식생 기재문을 작성하였다. 본 연구는 우리 자생수목에 대한 표준화된 자생지의 식생정보와 입지환경자료를 제공하여 향후 희귀 및 특산 수목의 현지내·외 보전 및 한반도 산림 내 식물자원의 관리와 연구를 위한 기준자료로 활용될 것이다.



## 대구·경북권역 내륙습지 유형별 습지식물 분포 특성

한상욱<sup>1</sup>, 정규영<sup>2</sup>

<sup>1</sup>습지연구팀, 국립생태원, 서천; <sup>2</sup>산림과학과, 안동대학교, 안동

본 연구는 2016년부터 2022년까지 대구·경북 23개의 권역의 하천습지 129개소, 호수습지 41개소, 인공습지 28개소 총 198개소 습지를 대상으로 조사된 습지의 관속식물상을 분석하였다. 본 연구를 통해 확인된 대구·경북권역의 하천, 호수 및 인공습지의 관속식물은 총 51과 110속 202종 5아종 12변종 219분류군으로 확인되었으며, 이는 국내 습지식물 총 728분류군 중 30%에 해당한다. 수생식물의 생활형에 따라 분석한 결과, 정수식물(Emergent)은 하천습지와 같은 유수역에서 출현 분포도가 높았고, 호수·인공습지와 같은 정수역에서 부엽(Free-leaved), 침수(Submerged), 부유(Free-floating)식물의 출현 분포가 높았다. 특히 정수식물은 유속과 수위 변동에 대한 저항성이 높은 것을 알 수 있었고, 부엽, 침수, 부유식물은 유속과 수위변동의 저항성이 낮은 것을 알 수 있었다. 습생식물은 하천·호수·인공습지에서 고르게 분포하고 있어 유속과 수위변동 등의 수환경에 직접적인 영향을 받지 않는 것을 알 수 있었다. 멸종 및 희귀식물은 양뿔사초 등 16분류군, 특산식물은 키버들 등 2분류군, 식물구계학적 특정식물 V등급은 물여뀌 등 7분류군이 확인되었다. 그리고 귀화식물 및 생태계교란생물인 미국가막사리와 가시박이 습지 198개소에서 각 80%, 50%의 분포 비중이 나타나 습지 내 식생 및 생물상의 보호를 위한 체계적인 관리방안 수립이 요구되어 진다.

## 소백산국립공원 단양지역 희귀식물 11종의 분포 특성

조효원<sup>p1</sup>, 정선<sup>1</sup>, 김재영<sup>2</sup>, 조형준<sup>3</sup>, 정규영<sup>1</sup>

<sup>p1</sup>소백산국립공원사무소, 국립공원공단, 영주시; <sup>1</sup>산림과학과, 국립안동대학교, 안동시;

<sup>2</sup>출원심사팀, 국립산림품종관리센터, 충주시; <sup>3</sup>산림생물다양성연구과, 국립수목원, 포천군

충청북도 단양군과 경상북도 영주시, 봉화군에 걸쳐있는 소백산국립공원은 1987년 12월 14일 제18호 국립공원으로 지정되었으며, 소백산국립공원의 관속식물은 국립공원종목록(2022)기준으로 1,414분류군이 알려져 있다. 그 중 국립수목원의 국가표준식물목록(2024)상 희귀식물은 16과 23속 23종 1변종 24분류군이다. 본 연구는 2011년부터 2021년까지 10년간 85개 구간을 313회에 걸쳐 실시한 현장조사와 표본정보를 바탕으로, 해발고도, 경사, 사면향 등 환경변수를 분석하였고, 그 결과 소백산국립공원 단양지역의 관속식물은 107과 375속 627종 22아종 50변종 699분류군, 희귀식물은 10과 14속 13종 1변종 14분류군이 확인되었다. 그 중 등대시호, 가문비나무, 꼬리겨우살이, 가는다리장구채, 땃두릅나무는 확인된 자생지가 한곳이며, 날개하늘나리, 가시오갈피, 산마늘, 복주머니란, 나도씨눈란, 국화방망이는 2~4곳의 자생지가 확인되었다. 하지만 자생지의 분포가 한정된 지역에 협소하게 분포하고 있어, 자생지 관리 및 개체 존속을 위한 증식과 대체서식지 발굴 등 보전을 위한 다양한 방안이 마련되어야 할 것으로 여겨지며, 지속적인 신규 자생지 발굴 노력이 필요하다.

## 경상남도 거제시 동부면, 삼거동 일대의 산림 식물 분포현황

곽수빈<sup>P1</sup>, 정재상<sup>1</sup>, 김동학<sup>1</sup>, 이종원<sup>2</sup>, 안종빈<sup>1</sup>

<sup>1</sup>산림청 국립수목원 DMZ산림생물자원보전과, 양구군, 대한민국

<sup>2</sup>한국산지보전협회 산림생태복원센터, 대전광역시, 대한민국

본 연구는 거제시 동부면, 삼거동 일대의 산림 식물 분포현황을 조사하여 산림식물 기초자료 파악을 통해 산림생물다양성 보전에 기여하기 위한 목적으로 수행되었다. 조사 대상지 내에서 확인된 관속식물 분포 결과는 총 80과 176속 246종 4아종 18변종 3품종 271분류군이 확인되었으며 양치식물은 9과 15속 23종 1변종 24분류군(8.9%), 나사식물은 3과 4속 7종 7분류군(2.6%), 피자식물 중 쌍자엽식물은 60과 130속 182종 4아종 15변종 2품종 203분류군(74.9%), 단자엽식물은 8과 27속 34종 2변종 1품종 37분류군(13.6%)로 확인되었다. 산림청 지정 희귀식물은 EN등급 대홍란(*Cymbidium macrorhizon* Lindl.), NT등급 거제딸기(*Rubus tozawae* Nakai ex J.Y.Yang)등이 확인되었다. 특산식물은 은평의다리(*Thalictrum actaeifolium* Siebold & Zucc. var. *brevistylum* Nakai), 좀땅비싸리(*Indigofera koreana* Ohwi), 좀비비추(*Hosta minor* (Baker) Nakai)등 9분류군이 확인되었다. 식물구계학적 특정종으로는 V급 대홍란, 승마(*Actaea heracleifolia* (Kom.) J.Compton), 통영볼레나무(*Elaeagnus pungens* Thunb.), 줄고사리(*Nephrolepis cordifolia* (L.) C.Presl)로 4분류군, VI급 거제딸기, 애기등(*Wisteriopsis japonica* (Siebold & Zucc.) J.Compton & Schrire), 산외(*Schizopepon bryoniifolius* Maxim.) 등 총 5분류군으로 확인되었고, 이 외 III급 11분류군, II급 7분류군, I급 41분류군이 확인되었다. 침입외래식물은 달맞이꽃(*Oenothera biennis* L.), 서양등골나물(*Ageratina altissima* (L.) R.M.King & H.Rob.), 망초(*Erigeron canadensis* L.) 등 총 11분류군이 확인되었다. 조사 대상지 중 환경부 지정 멸종위기 야생생물 II급인 대홍란이 다수 개체 발견되었고, 이에 대한 대홍란의 면밀한 개체수 파악 등 기초현황조사가 필요하다. 이를 토대로 향후 대홍란의 현지내 보전을 위한 산림유전자원보호구역 지정 등과 같은 제도적 조치가 필요할 것으로 판단된다.

## 인천 세어도의 식물상

문애라<sup>p</sup>, 류세아, 심선희, 이예은, 이윤경, 이은실, 김민하

생물종다양성연구과, 국립생물자원관, 인천

자생식물 보급 확대를 위한 국립생물자원관과 인천 서구청의 업무 협력의 일환으로 인천광역시 서구에 위치한 세어도(細於島) 일대의 관속식물상 조사를 수행하였다. 세어도는 면적 409,089m<sup>2</sup>로, 조사는 2023년 4월~10월까지 5차례에 걸쳐 조사되었다. 관속식물상은 총 81과 224속 304종 4아종 22변종 2품종 332분류군이 확인되었으며, 이는 우리나라 관속식물 4,609 분류군의 약 7.2%로 나타났다. 세어도 일대에서 관찰된 식물 중 고유종은 *Clematis brachyura* (외대으아리), *Cirsium setidens* (고려엉겅퀴) 등 4종이 관찰되었으며, 국외반출 승인대상종은 108종과 국가생물적색목록 LC범주에 포함되는 2분류군이 출현하였다. 식물구계학적 특정식물은 IV등급은 1분류군, III등급은 4분류군이 관찰되었으며, I등급은 16분류군이 확인되었다. 조사지역에서 관찰된 외래식물은 *Ambrosia artemisiifolia* (돼지풀), *Sicyos angulatus* (가시박) 등 53분류군이 출현하였으며, 귀화율은 16%로 산출되었다. 인천광역시 서구 관내의 유일한 유인도인 세어도의 현장 조사 및 표본 확보를 통한 식물상 연구가 처음 진행된 것으로, 추후 세어도 일대의 다양한 생물상 및 주변 도서 지역의 연구에 기초자료로 활용되기를 기대한다.

## 인천 옹진군 4개 섬의 관속식물상

정재상<sup>P1</sup>, 곽수빈<sup>1</sup>, 조승주<sup>1</sup>, 김동학<sup>1</sup>, 김영은<sup>1</sup>, 변경열<sup>1</sup>, 조형복<sup>1</sup>, 김상준<sup>1</sup>

<sup>1</sup>국립수목원 DMZ산림생물자원보전과, 양구군, 대한민국

북방한계선(Northern limit line; NLL)에 인접한 도서 중 식물상 자료가 부족한 신도, 시도, 모도, 장봉도의 식물상을 알아보기 위해 2023년 4월부터 10월까지 총 4회에 걸쳐 봄, 여름, 가을의 식물상을 조사하였다. 신도, 시도, 모도, 장봉도는 인천광역시 옹진군 북도면에 위치한 섬으로, 배로 10분에서 30분이면 입도할 수 있다. 조사지 내 관속식물은 99과 332속 543종 16아종 42변종 6품종으로 총 607분류군이 확인되었다. 분류군 별로는 양치식물이 8과 8속 14종, 나자식물이 2과 3속 6종, 쌍자엽식물이 75과 250속 395종 15아종 31변종 5품종으로 총 446분류군, 단자엽식물이 14과 71속 128종 1아종 11변종 1품종으로 총 141분류군이 조사되었다. 이 중 국화과가 84분류군으로 가장 많았고, 특산식물은 섬말나리(*Lilium hansonii* Leichtlin ex D.D.T.Moore), 좀땅비싸리(*Indigofera koreana* Ohwi) 등 9분류군이 확인되었다. 섬 별로 신도는 338분류군, 시도는 303분류군, 모도는 171분류군, 장봉도는 445분류군으로 장봉도에서 가장 많은 분류군이 확인되었다. 특산식물인 백운산원추리(*Hemerocallis hakuunensis* Nakai)를 포함한 88분류군이 4개의 섬 모두에서 공통적으로 출현했다. 침입외래식물의 비율은 모도가 15.2%로 다른 세 섬보다 높았다. 2025년에 신도와 영종도를 잇는 연륙교가 완공될 예정이며 이로 인한 통행량의 증가로 식물상의 변화가 일어날 가능성이 있다. 본 조사의 결과는 식물상 변화의 정도를 확인하는 데 기초 자료가 될 것이다.

## 덕산도립공원(충청남도)의 관속식물상

임민영<sup>P1</sup>, 백동열<sup>2</sup>, 지성진<sup>1</sup>, 김동희<sup>1</sup>

<sup>1</sup>국립중앙과학관; <sup>2</sup>충청남도 산림자원연구소

덕산도립공원은 충청남도 예산군 덕산면에 위치한 덕숭산(495m)과 가야산(678m)을 아우르는 총면적 19.859km<sup>2</sup>의 자연녹지공원이다. 본 연구는 덕산도립공원 일대의 식물상에 대한 지속적인 조사와 연구의 발판을 마련하고, 이 지역에 분포하는 식물자원의 활용에 대한 기초자료를 제공하고자 2023년 2월부터 10월까지 총 5차례에 걸쳐 수행하였다. 조사 결과 덕산도립공원 내에서 모두 385분류군(99과 255속 338종 8아종 32변종 7품종)을 관찰하였다. 이 가운데 양치식물은 15분류군(7과 10속 13종 2변종), 겉씨식물은 13분류군(6과 8속 13종), 속씨식물은 357분류군(87과 237속 312종 8아종 30변종 7품종)이다. 속씨식물 가운데 쌍떡잎식물은 287분류군(78과 192속 253종 7아종 22변종 5품종), 외떡잎식물은 70분류군(9과 45속 59종 1아종 8변종 2품종)이다. 본 조사를 통해 이 지역에는 특산식물 10분류군, 국외 반출 승인 대상 식물 108분류군, 식물구계학적 특정 식물 24분류군, 기후 변화 지표 식물 27분류군, 외래식물 52분류군, 생태계교란식물 5분류군이 분포함을 확인하였으나, 멸종위기식물은 관찰하지 못하였다. 덕산도립공원 지역의 양치식물계수(Pe-Q)는 1.01이고, 도시화지수는 14.81이다. 본 조사에서 관찰한 385분류군 가운데 143분류군은 기존 조사에서 관찰되지 않은 분류군이다.

## 염생식물의 서식처 환경정보(토양, 기후) 구축

이재경<sup>P</sup>, 남보미, 김용성, 박승진, 윤나래, 한세희, 박민주, 김나리, 배푸리, 박신연, 박종수\*

국립호남권생물자원관 식물자원연구부, 목포

염생식물은 방대한 해안생태계의 구성원으로서 해안, 갯벌, 사구 등에 서식하며 블루카본의 형태로 탄소고정에 기여하는 것으로 알려져 있다. 이러한 중요성으로 인하여 해안지역에 염생 식물 식생 복원 등의 정책이 진행되고 있다. 하지만 이를 활용하기 위한 기초 자료는 미비한 실정이다. 이에 본 자료집은 해안에 생육하는 염생식물의 생육지 환경정보를 구축하기 위하여 수행되었다. 대상종은 2022년에 수행한 연구를 통하여 작성된 염생식물 체크리스트에서 20분 류군을 선정하였다. 생육환경을 고려하여 대상종별로 각각 3개의 조사지를 선정하고 월별 강수량 및 기온을 두 시기로 나누어 정리하였다. 토양시료는 대상종 근권 토양의 표토 5-10 cm를 걷어낸 후 채취하였다. 채취한 토양에 대하여 pH, 전기전도도 등 15개 항목의 이화학적 특성을 측정하였고 Factor Analysis of Mixed Data (FAMD) 및 Hierarchical Cluster Analysis on Principal Component (HCPC) 분석을 수행하였다. 통계분석 결과 양적변수에서는 전기전도도 및 염도가, 질적변수에서는 loam이 가장 큰 영향을 주는 것으로 나타났다. 계층형 군집분석 결과 5개의 군집으로 분류되었다. 이 자료집을 통하여 구축된 환경정보는 염생식물의 분류, 증식 및 활용을 위한 기초 자료로 유용하게 이용될 것이다.

## Bryophyte flora of Weolchulsan National Park in Korea

Hyun Min Bum<sup>p1</sup>, Su Jeong Lee<sup>1</sup>, I Na Yu<sup>1</sup>, Seung Jin Park<sup>2</sup>, Soon Ku So<sup>3</sup>, Seung Se Choi<sup>c4</sup>

<sup>1</sup>Division of Life Sciences, Jeonbuk National University, Jeonju 54896, Korea;

<sup>2</sup>Honam National Institute of Biological Resources, Mokposi 58762, Korea; <sup>3</sup>Korea National Park Research Institute, Korea National Park Service, Wonju, 26441, Korea; <sup>4</sup>National Institute of Ecology, Seoecheon 33657, Korea

We investigated the bryophyte flora of the Weolchulsan National Park in Korea by conducting eight field surveys in from April of 2023 to November of 2023 at various sites on the mountains. During the surveys, we discovered 124 taxa comprising 43 families, 73 genera, 120 species, and 4 varieties. Among these, 124 species were reported as new to the flora of Weolchulsan National Park. A checklist based on a study of 653 specimens is provided. The most notable species recorded during the surveys were the bryophytes *Riccardia chamedryfolia* (With.) Grolle, *Cylindrocolea recurvifolia* (Steph.) Inoue, *Calypogeia japonica* Steph. *Hylocomium brevirostre* (Brid.) Schimp. var. *cavifolium* (Sande Lac.) Nog., and *Cololejeunea japonica* (Schiffn.) Mizut. Also, *Leucobryum javanense* (Brid.) Mitt. is discovered as an unrecorded species in Korea.

\* This work was supported by a grant from “Natural resource survey in the Weolchulsan National Park in 2023” of Korea National Park Research Institute. Also, this work was partially supported by a grant from the 5th National Ecosystem Survey of National Institute of Ecology (NIE), funded by the Ministry of Environment (MOE) of the Republic of Korea (NIE-A-2023-01).



## Status and characteristic of flora in The 5th National Ecosystem Survey (2019-2023)

Yu Cheol Park<sup>1</sup>, Jun Seok Lee<sup>1</sup>, Seung Se Choi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>National Institute of Ecology, Seoecheon 33657, Korea

The vascular plants discovered by conducting The 5th National Ecosystem Survey (2019-2023) were identified as a total of 208 families, 992 genera, and 3,121 taxa. As for endangered species, two taxa in Class I and 46 taxa in Class II were identified, accounting for 52.1% of 99 species. A total of 53 families, 125 genera, and 213 taxa were investigated as endemic species, 46.4% of all endemic species were confirmed. In total, there are 804 floristic target species in Korea, including 21 taxa in level V, 258 taxa in level IV, 292 taxa in level III, 184 taxa in level II, and 169 taxa in level I taxa. As for the invasive species, 80 families, 249 genera, and 357 taxa were surveyed, and 87.3% of all invasive species were confirmed. The accumulated survey data is expected to be used as basic data for efficient management by analyzing the current status and distribution characteristics of species appearing in each local government across the country.

\* This work was supported by a grant from the 5th National Ecosystem Survey of National Institute of Ecology (NIE), funded by the Ministry of Environment (MOE) of the Republic of Korea (NIE-A-2023-01).

## eDNA를 통한 과거 식물상 변화 연구: 국내 습지 토양 퇴적층을 대상으로

임채은<sup>P</sup>, 홍윤지, 김정아, 전해숙, 서재화

국립생물자원관, 인천광역시

생물다양성 조사는 전통적인 현장 채집 및 관찰 방식이 주를 이루고 있지만, 이는 조사자의 숙련도 차이, 높은 비용, 조사의 위험성 및 지속적인 환경 개입과 같은 문제점을 내포하고 있다. 최근 해외에서는 eDNA 기법을 통해 물, 토양, 대기 등 생물의 환경에서 남겨진 DNA 흔적을 조사하여 생물다양성을 평가하는 연구가 진행되고 있다. 본 연구에서는 퇴적층 토양 시료의 eDNA분석을 통해 과거 연대별 출현 분류군 정보를 확보하고, 이를 통해 과거 식물상의 변화 양상을 파악해 보고자 하였다. 이를 위해 기후변화에 민감한 국내 습지 지역의 토양 퇴적층 시추 시료를 확보하고, 층별 eDNA 분석 및 기존 화분 분석 결과와 비교 분석을 수행하였다. 표토층인 0.3m 깊이부터 17.25m 깊이 점토층 토양시료를 대상으로 eDNA분석을 수행한 결과, 관속식물 29분류군과 선태식물 2분류군이 검출되었다. 토양 깊이에 따른 분류군의 출현 빈도를 Heat map 분석한 결과, 소나무속과 참나무속의 출현 빈도가 가장 높은 것으로 나타났다. 수생식물, 상록성 활엽수 및 낙엽성 침엽수의 다양한 출현 양상도 파악하였다. 한편, 기존 화분 분석 결과에서는 검출되지 않은 분류군이 eDNA분석을 통해 새롭게 검출되었다. 이러한 결과는 eDNA 기법이 과거 식물상의 변화를 이해하는데 있어서 화분 분석 결과와 함께 중요한 정보를 제공할 수 있음을 보여준다.

## 이해를 돕는 식물학 학술용어 정비와 향후 과제

문혜경<sup>P</sup>

경희대학교 생물학과, 서울

학술용어의 표준화는 원활한 소통을 통한 학문 발전을 위해 반드시 필요한 것으로 모든 학문 분야가 인식하고 있으며, 각 학회는 학술용어의 통일을 위해 노력을 기울여 왔다. 하지만, 이를 통해 표준화된 용어는 학술용어의 일부에 국한되고 표준화된 용어의 대부분은 여전히 한자어나 영어로 구성되어 있는 등의 문제점을 안고 있다. 특히, 일반인들의 학문분야에 대한 관심이 증대하면서 일반인으로 하여금 보다 이해하기 쉽게 우리말로 구성된 학술용어 정비가 필요한 상황이다. 이를 위해 한국학술단체총연합회와 국어문화원연합회는 우리 글 사업으로 다방면의 학술용어를 정비하는 사업을 2021년부터 진행하여 왔으며, 2023년에는 식물학 용어가 정비사업에 포함되면서 한국식물분류학회가 참여하게 되었다. 식물학 용어는 다른 학문분야에 비해 보다 광범위한 학문분야에서 사용되고 있으며 이로 인해 학술용어의 표준화에 대한 요구가 상대적으로 높고, 환경에 대한 이해가 높아지는 요즘 일반인들의 식물에 대한 관심도가 증대하면서 이해하기 쉬운 우리말로 만들어진 용어가 반드시 필요한 상황이다. 따라서, 본 연구에서는 식물학 정비의 첫 걸음으로 550여개의 정비대상용어를 선정하였으며, 최종 200여개의 식물학 용어를 정비하여 목록화하였다. 본 연구결과는 추후 국어문화원연합회 학술용어정비사업(<https://kplain.kr/>)에서 확인할 수 있으며, 연구 추진과정에서 학술연구자들과 논의가 필요한 용어 선정 기준과 범위 및 최종 제안된 정비용어의 학술적 사용을 위한 향후 용어 정비 방향성에 대해 제안하고자 한다.

\*본 연구는 문화체육관광부의 2023년 학술용어 정비사업의 일환으로 수행되었습니다.

## A checklist of ferns and lycophytes of Cambodia

In Chun Hwang<sup>2</sup>, Myung-Ok Moon<sup>3</sup>, Min-ju Park<sup>1</sup>,  
Jae-Kyeong Lee<sup>1</sup> and 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; Research Institute of Basic Sciences, Jeju National University, Jeju 63243, Korea<sup>3</sup>

This study presents an annotated checklist of all known lycophytes and ferns in Cambodia following an updated classification. This checklist is primarily based on herbarium specimens (KB, HIBR) prepared by the authors from 2009 to 2013. It also incorporates specimens verified at other herbariums and information obtained from literature. A total of 337 taxa, including 102 genera and 32 families are included. Among them, 154 taxa are documented in the existing literature, with two taxa recorded as new species. In the present study, 296 taxa were collected with the remaining 178 taxa reported for the first time in Cambodia.

## Report of flowering plants new to Lao PDR (1)

Hyosig Won<sup>p1</sup>, Joo Hwan Kim<sup>2</sup>, Junhyung Jang<sup>2</sup>, and Veosavanh Saysavanh<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Department of Biological Science and Institute of Natural Sciences, Daegu University, Gyung-san, South Korea

<sup>2</sup>Maru Biological Resource Research Institute Co., Ltd., Daegu, South Korea

<sup>3</sup>Protected Area Management Division, Department of Forestry, Ministry of Agriculture and Forestry, Vientiane, Lao PDR

We are reporting 14 species of flowering plants new for the flora of Laos, which we found during the botanical survey of Lao PDR in 2022-2023. These are *Strobilanthes barbigera* (Acanthaceae), *Ceropegia tenuicaulis*, *Cynanchum pulchellum* (Apocynaceae), *Trichosanthes pilosa* (Cucurbitaceae), *Gaultheria discolor* (Ericaceae), *Ornithoboea puglisiae* (Gesneriaceae), *Beilschmiedia percoriacea* (Lauraceae), *Aspidopterys glabriuscula* (Malpighiaceae), *Cenocentrum tonkinense* (Malvaceae), *Flueggea virosa* (Phyllanthaceae), *Peperomia tetraphylla* (Piperaceae), *Polygala karensium* (Polygalaceae), *Koenigia mollis* (Polygonaceae), *Argostemma cordatum* (Rubiaceae).

**Comparative analyses and phylogenetic relationships of  
the twelve *Boehmeria* species (Urticaceae) inferred  
from complete chloroplast genomes**

Hyeong Jun Jo<sup>P1</sup>, Sang-Chul Kim<sup>1</sup>, Dong Chan Son<sup>1</sup>, Gyu Young Chung<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum, Pocheon, Korea;

<sup>2</sup>Department of Forest Science, Andong National University, Andong, Korea

The genus *Boehmeria* Jacq. is economically important as some species have long been used in traditional medicine. However, the systematic status of the genus and intergeneric relationships inferred from previous molecular studies is unclear due to insufficient sampling and lack of informative sites. So far, only limited genomic information has been available. The taxonomy of *Boehmeria* remains unresolved and somewhat controversial. In this study, the complete chloroplast (cp.) genomes of twelve *Boehmeria* species were sequenced and analyzed to gain insight into the phylogeny of *Boehmeria* and mutation patterns in their cp. genomes. All examined twelve *Boehmeria* cp. genomes exhibited typical quadripartite circular structures, with sizes ranging from 154,938 to 170,981 bp. The annotation contained a total of 113 genes in each cp. genome, i.e., 79 protein-coding genes, 30 transfer RNA (tRNA) genes, and 4 ribosomal RNA (rRNA) genes. Mutational hotspots of *Boehmeria* were identified as potential molecular markers (LSC site and IR regions). These molecular markers and highly variable regions are expected to facilitate future genetic and genomic studies. This study first study to comprehensively examine the genetic variations and systematically analyze the phylogeny and evolution of *Boehmeria* based on plastid genomic data. These findings contribute to a better understanding of the plastid genome evolution of *Boehmeria* and provide new insights into the phylogeny of *Boehmeria*.

The complete chloroplast genome assembly of *Solidago altissima* L.  
(Astereae; Asteraceae)

Eun Su Kang<sup>P1</sup>, Dong Chan Son<sup>1</sup>, Sang-Chul Kim<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum, Pocheon, Korea

Here, we report the complete chloroplast genome of *Solidago altissima* L., a globally recognized invasive plant. The complete genome length of *S. altissima* is 152,961 bp; *S. altissima* has a typical quadripartite structure [including a large single copy (LSC) of 84,829 bp, a small single copy (SSC) of 18,084 bp, and two inverted repeat (IR) regions of 25,024 bp], which is commonly found in angiosperms. The genome contains 129 genes, consisting of 85 coding sequences (CDS), 36 tRNA genes, and 8 rRNA genes. The phylogenetic relationships between *S. altissima* and related species were analyzed using the maximum likelihood (ML) method based on the CDS of the chloroplast genome. The results revealed that *S. altissima* is closely related to *Symphytotrichum subulatum*. We hope that our findings will provide fundamental data for future phylogenetic and evolutionary studies, as well as for the research on the invasion of *S. altissima*.

## Phylogenetic relationships of tribe Ophiopogoneae and molecular identification of Korean Ophiopogoneae species in Asparagaceae

Jong-Soo Kang<sup>P1</sup>, Jaejoon Lee<sup>1</sup>, Jee Young Park<sup>1</sup>, Tae-Jin Yang<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Agriculture, Forestry and Bioresources, Plant Genomics & Breeding Institute, Research Institute of Agriculture and Life Sciences, College of Agriculture & Life Sciences, Seoul National University, Seoul 08826, Republic of Korea

The Tribe Ophiopogoneae, under the Asparagaceae subfamily Nolinoideae, comprises three genera: *Ophiopogon*, *Liriope*, and *Peliosanthes*. In South Korea, two genera, *Ophiopogon* and *Liriope*, are represented by three taxa each. Among these, *Liriope muscari* and *Ophiopogon japonicus* are notable for their medicinal value. However, their identification is complicated by morphological similarities in their roots, often leading to the inadvertent use of similar species, such as *L. spicata*. Notably, in China and Japan, only *Ophiopogon japonicus* is used as a traditional medicinal herb, highlighting the importance of molecular identification for these species. This study focuses on assembling the plastid genomes (plastomes) of three *Ophiopogon* taxa: *O. jaburan*, *O. japonicus* var. *japonicus*, and *O. japonicus* var. *umbrosus*. We also reconstructed a plastome-based phylogeny of the Ophiopogoneae, including previously reported plastome sequences of the tribe. Our plastome-based phylogeny revealed that the monophyly of *Ophiopogon* and *Liriope* was resolved, respectively, but that of *Peliosanthes* was failed to evaluate due to insufficient sampling. Additionally, our phylogeny indicated that each taxon within *Liriope* and *Ophiopogon*, such as *L. muscari*, *L. spicata*, *O. jaburan*, *O. japonicus* var. *japonicus*, and *O. japonicus* var. *umbrosus*, formed their own subclades. Based on variations in plastome sequences among the Ophiopogoneae taxa, we developed five molecular markers to identify *L. muscari* and *O. japonicus* from their closely related species, such as *L. spicata* and *O. jaburan*. We believe that these developed molecular markers will be useful for molecular identification of the Ophiopogoneae taxa, and phylogenetic relationships and plastome data of the *Ophiopogon* will be used to examine whether *O. japonicus* var. *umbrosus* should be treated as a variety of *O. japonicus* or not.



## 태백산국립공원 내 희귀식물 꼬인용담(*Gentianopsis contorta* (Royle) Ma)의 서식지 보전 연구

소순구<sup>p1</sup>, 장태수<sup>2</sup>, 최보경<sup>2</sup>, 홍문표<sup>3</sup>, 임치홍<sup>4</sup>, 최대훈<sup>1</sup>, 명현호<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>국립공원공단 국립공원연구원, <sup>2</sup>충남대학교 생물학과, <sup>3</sup>강릉원주대학교, <sup>4</sup>서울여자대학교  
생명환경공학과

한반도 아고산지역은 북방계 식물이 잔존적으로 생육하거나 분포의 남방한계를 이루는 곳으로 생태계 보전 가치가 매우 높은 지역이다. 본 연구는 국립공원 내 멸종위기에 처한 식물의 서식지를 과학적이고 체계적으로 보전·관리하기 위하여 한반도 내 유일하게 태백산에만 분포하는 희귀식물인 용담과(*Gentianaceae*)의 일년생 초본식물인 꼬인용담(*Gentianopsis contorta* (Royle) Ma)을 대상으로 식생조사 및 토양이화학 분석을 통한 생육환경 조건을 확립하고 근연종과의 계통학적 분석, 유전체 크기, 세포분석 및 종분포모델링 분석을 수행하였다. 꼬인용담은 태백산국립공원 내 검룡소와 금대봉 지역에 분포하며 해발 880~1,328m인 지역에 분포하는 고산성 식물이며 목본식물이 빈약하고 비교적 수광량이 풍부하고 완만한 경사(5~12°)를 가진 숲 가장자리에 분포하는 것으로 판단된다. Maxent 모형을 활용한 종분포모델링 분석 결과 꼬인용담은 태백산국립공원 내 함백산, 만항재, 태백산 정상 일대와 인근 지역인 백운산 및 두위봉 정상부 등 해발고도가 높은 아고산 지역을 중심으로 출현가능성이 높은 것으로 나타났다. 꼬인용담 서식지의 위협요인으로 탐방로와 인접하여 탐방객에 의한 답압, 종의 희소성 및 독특성으로 인한 남획 등 훼손 압력이 높은 상황이며 소수의 집단만이 알려져 있고 집단의 크기가 작으며 개체수(100여 개체) 또한 매우 적어 절멸의 위협에 직면한 것으로 판단된다. 서식지 보전을 위해서는 서식지를 특별보호구역으로 지정하고 지속적 모니터링을 통한 동태를 파악하여야 하며 개체군 전수 조사를 통해 종의 보전지위를 재평가하고 멸종위기종 지정 등 법정보호를 위한 근거 마련이 필요하다. 본 연구 결과를 통해 국립공원을 포함한 한반도 내 멸종위기에 처한 식물의 보전전략 수립을 위한 방향성을 제시하고자 한다.

P38

**The complete plastid genome of two Korean endemic *Hemerocallis* L. (Asphodelaceae): comparative genomic and phylogenetic analyses**

Tae-Hee Kim<sup>P</sup>, Sang-Chul Kim, Young-Ho Ha, Hyuk-Jin Kim

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

*Hemerocallis* L. is a perennial flowering plant in the family Asphodelaceae, comprising approximately 18 species with a native range from the Alps and Siberia to Asia. Valued for its large and beautiful flowers with a pleasant fragrance, it is primarily cultivated for ornamental purposes. Despite its outstanding horticultural value, there is a lack of research and attention in intrageneric phylogenetic classification, emphasizing the need for molecular studies. In this study, we assembled the plastid genomes of two endemic Korean species, *H. hakuunensis* and *H. taeanensis*, and conducted a phylogenetic analysis within *Hemerocallis* and its related taxa. The plastome lengths for *H. hakuunensis* and *H. taeanensis* were 156,096 bp and 156,072 bp, respectively, with a total of 131 genes, including 85 protein-coding genes, 38 tRNAs, and eight rRNAs. Notably, the absence of the second intron in the *rps12* gene, a common feature within *Hemerocallis*, was observed. Utilizing two datasets (78 protein-coding genes and whole plastid genome), the phylogenetic analysis provided robust support for *Hemerocallis* as a monophyletic group, confirming its close relation to the genus *Dianella*. Additionally, potential molecular marker regions differentiating taxa within *Hemerocallis* were identified and selected. These results provide a foundational dataset for subsequent research.

\* This research was funded by Scientific Research Grants (KNA1-1-13, 14-1) of the Korea National Arboretum.

### Comparison of chloroplast genome structures in four *Carex* species: Repeat sequences provide insight into chloroplast structural changes

Sang-Chul Kim<sup>p</sup>, Ye-Rim Choi, Young-Ho Ha, Tae-HeeKim, and Hyuk-Jin Kim<sup>c</sup>

Forest Biodiversity Division, Korea National Arboretum, 415  
Gwangneungsumogwon-ro, Soheul-eup, Pocheon-si, Gyeonggi-do 11186, Korea

Plant chloroplasts are preserved very stably compared to the nucleus and mitochondria, providing important information for phylogenetic and species-specific research. However, research on chloroplast genome structure has been very limited due to the lack of recombinant genomes and study populations, especially in the monocot genus *Carex*, where chloroplast genome structure is known to be highly variable. Therefore, we sought to identify structural change patterns in the genome by analyzing four species distributed in Korea. The genome size of the four species was 185,826 to 194,817 bp, the LSC size was 96,953 to 110,695 bp, the SSC was 8,742 to 9,274 bp, and the IR was 35,858 to 44,561 bp. This genus was identified as a classic case of chloroplast genome structure change and length expansion due to repetitive sequences. In particular, it was confirmed that long repetitive sequences affect structural changes in the genome more than short repetitive sequences. In the SSC region, an inversion of the *ndhF* gene was commonly identified. However, one inversion was identified in the IR region and a variety of structures in the LSC region. The addition of the four species in this study provides an important reference for structural rearrangement analysis of the genome for *Carex*.

\* This research was funded by Scientific Research Grants (KNA1-1-13, 14-1) of the Korea National Arboretum.

## Genetic Diversity and Structure of Endangered species *Cicuta virosa* L. (Apiaceae) in Korea using Genotyping by Sequencing

KyoungSu Choi<sup>1</sup>, Seongjun Park<sup>2</sup>, Yong Hwang<sup>3</sup>, Jeong-Ki Hong<sup>4</sup> and Sung Hyeon Lee<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Diversity Forecast & Evaluation Division, Diversity Conservation Research Department, Nakdonggang National Institute of Biological Resources, Sangju 37242, Korea

<sup>2</sup>Institute of National Science, Yeungnam University, Gyeongsan 38541, Korea

<sup>3</sup>Biological Specimen Conservation Division, Diversity Conservation Research Department, Nakdonggang National Institute of Biological Resources, Sangju 37242, Korea

<sup>4</sup>Facilities & Safety Management Division, Administrative Management Office, Nakdonggang National Institute of Biological Resources, Sangju 37242, Korea

The genus *Cicuta* L., commonly known as water hemlock, is a genus of poisonous plants in the family Apiaceae, and this genus has recognized four species (*C. virosa*, *C. bulbifera*, *C. douglasii*, *C. maculate*). *C. virosa* is an endangered species and is confirmed in limited regions (Injae, Hoengseong, Nonsan, Gunsan, Buan and Wanju) in Korea. In this study, the genetic diversity and structure of 96 *C. virosa* individuals from 6 populations in Korea were analyzed using genotyping by sequencing (GBS). After quality filtering, 16,110 SNP markers were detected. Our results showed that a mean observed heterozygosity and a mean expected heterozygosity were 0.0902 and 0.1190, respectively. Nucleotide diversity ( $P_i$ ) ranged from 0.02707 (Wanju) to 0.1839 (Gunsan). Genetic diversity analysis indicated that the variation among population (64%) was higher than within populations (36%). We analyzed the genetic relationships among the six populations using UPGMA and principal component analysis (PCA), which revealed three major clades (Injae, Hoengseong and other four populations). Four populations (Nonsan, Gunsan, Buan and Wanju) were grouped together as genetically similar. The results of this study will help to develop a better conservation strategy for *C. virosa*.

This study was supported by a grant [NNIBR2023022103] from the Nakdonggang National Institute of Biological Resources (NNIBR) and Korean association for ex-site conservation institution.

## Complete chloroplast genomes of *Vitis* species(Vitaceae) and phylogenetic analysis within the genus

Ji Eun Kim<sup>P1</sup>, Keyong Min Kim<sup>2</sup>, Yang Su Kim<sup>3</sup>, Gyu Young Chung<sup>4</sup>, Chae Sun Na<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Division of Wild Plant and Seeds; <sup>2</sup>Division of Gardens and Collections Management, Baekdudaegan National Arboretum, Bongwha, Korea; <sup>3</sup>Departement of General Affairs General affairs team, Gangeung-Wonju National University, Gangneoung, Korea;

<sup>4</sup>Divisio of Horticulture and medicinal Plant, Andong National University, Andong, Korea

Crop Wild Relatives(CWRs) are wild plants that are closely related to crops, could be wild ancestors of cultivated species. Therefore, research on CWRs is essential to reveal the genetic resources to enhance genetic diversity. *Vitis* L. is a genus in the family Vitaceae that is mostly distributed in East Asia and North America and widely cultivated as the resource of grapes. In this study, *Vitis amurensis* Rupr. and *Vitis flexuosa* Thunb., among eight species of *Vitis* distributed in Korea, established the complete chloroplast genomes. And we identified their closely related crop species with phylogenetic analysis. The chloroplast genomes ranged in length from 160,984 bp to 161,013 bp, and consisted of a large single copy(LSC)(89,204 to 89,238 bp), two inverted repeats(IRs)(26,354 to 26,360 bp), and a small single copy(SSC)(19,060 to 19,067 bp). Overall, both species have been annotated with 133 genes, including 88 protein coding genes, 37 tRNA genes, and eight rRNA genes. Also, according to phylogenetic analysis two species are closely related to *Vitis amurensis*(landraces).

This study was carried out with the support of ‘R&D Program for Forest Science Technology (Project No. 2021400B10-2425-CA02)’ provided by Korea Forest Service(Korea Forestry Promotion Institute).

# Characterization of complete chloroplast genomes from nine *Euphorbia* species: Comparative, phylogenetic analyses and intraspecific variation

Ami Oh<sup>1</sup>, Dong-Chan Son<sup>2</sup>, Hyeon-Soo Jang<sup>1</sup>, Jun-Ha Bu<sup>1</sup>, Soo-Rang Lee<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology Education, College of Education, Chosun University,  
Gwangju, Korea

<sup>2</sup>Division of Forest Biodiversity and Herbarium, Korea National Arboretum,  
Pocheon, Korea

*Euphorbia* (Euphorbiaceae), one of the largest and important genera in angiosperms, has near-cosmopolitan distribution and is widely used as ornamental and medicinal plants. To fully understand genomic architecture of *Euphorbia*, we conducted comparative analyses and inferred a phylogeny for the CP genomes of nine *Euphorbia* species, including three newly sequenced and annotated *Euphorbia* accessions. Our results showed that the genome size, structure, gene content, order, and GC contents are relatively conserved across the nine species, although we observed interspecific variations in IR/SC borders, along with slight IR contractions/expansions, and significant sequence variations mainly in non-coding regions of the CP genomes. As expected, in our comparison between intraspecific and interspecific genome variations, a significantly lower level of intraspecific variations, e.g. much less sequence divergences and smaller genome/substructures (LSC, SSC, IR) size differences, were observed. In our phylogenetic analysis of *Euphorbia*, which was based on the whole CP genome sequences, the result clearly supported the previously observed monophyly of four subgenera (*Esula*, *Euphorbia*, *Chamaesyce*, and *Athymalus*) and showed well-established relationships among congeners. The phylogenetic analyses based on the loci with high nucleotide diversity (pi) or Phylogenetic Informativeness (PI) indicated that some of the loci on the CP genome can be used for the species delimitation and phylogenetic inference in the genus *Euphorbia*. The present study provides important insights into the evolution and taxonomy of the genus *Euphorbia* in relation to CP genome, and most of all, suggests the overall utility of the CP genome in the phylogenetic study for *Euphorbia*.

The complete chloroplast genome sequence of  
*Mertensia simplicissima* (Ledeb.) G. Don (Boraginaceae)

Sung Kyung Han<sup>P</sup>, Tae-Im Heo<sup>C</sup>, Byeong-Joo Park,  
Sang-Yong Lee, Chang-Seok Jang

Baekdudaegan Conservation Division, Baekdudaegan National Arboretum, Korea  
arboreta and Gardens Institute, Bonghwa 36209

*Mertensia simplicissima* (Ledeb.) G. Don, a perennial herb of the Boraginaceae, is distributed to diverse regions including Eastern Canada, Northern Europe, Korea, Kamchatka, Japan, the Kuril Islands, and the Aleutian Islands. In this study, we elucidated the complete chloroplast genome sequence of *M. simplicissima*, which has a length of 150,235 bp, a small single-copy (SSC) DNA region of 17,066 bp, and two inverted repeat (IR) regions of 25,313 bp. The chloroplast genome of *M. simplicissima* encodes 131 genes, including 86 protein-coding genes, eight rRNAs, and 36 tRNAs. Phylogenetic analysis revealed a close relationship with the genera *Bothriospermum*, *Cynoglossum*, *Trigonotis*, and *Lappula*. Additionally, *Coria* (Cordiaceae) and *Ehretia* (Ehretiaceae) were identified as sister groups of Boraginaceae, consistent with recent results from Boraginales phylogenetic studies. The chloroplast genome sequence of *M. simplicissima*, first reported in this study, is expected to contribute to a better understanding of the phylogenetic position of *Mertensia* within Boraginaceae.

**Identifying Molecular Markers for the Medicinal Species  
*Ficus erecta* Thunb. Based on Complete Plastome Sequences of  
Korean Figs (*Ficus* L., Moraceae)**

Joonhyung Jung<sup>P1</sup>, Tae-Hee Kim<sup>2</sup>, Seog Woo Kwon<sup>1</sup>, Hyun Ji Park<sup>3</sup>,  
In Suk Choi<sup>4</sup> and Joo-Hwan Kim<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Life Sciences, Gachon University, Seongnam 13120, Korea; <sup>2</sup>Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum, Pocheon 11186, Korea; <sup>3</sup>Center for Consumer Health 1 Research, CHA Advanced Research Institute, Seongnam 13488, Korea; <sup>4</sup>The 2nd Research Institute, CMG Pharmaceutical Co. LTD., Seongnam 13488, Korea

Plastome sequences are essential in plant research for exploring genomic evolution, comprehending phylogenetic connections, and the development of molecular markers. While there is a significant amount of information on Korean figs, their genomic data remains relatively unexplored. In this study, we applied next-generation sequencing and PCR techniques to analyze genomic data and develop and validate molecular markers. Our focus was on characterizing the complete plastomes of several Korean figs: *F. erecta*, *F. erecta* var. *sieboldii*, *F. sarmentosa* var. *nipponica*, and *F. sarmentosa* var. *thunbergii*, with sizes ranging from 160,276 to 160,603 bp. These genomes include 78 plastid protein-coding genes, 30 tRNAs, and four rRNAs, with one exception of a pseudogene, *infA*. Our findings reveal that *F. erecta* and *F. erecta* var. *sieboldii* have identical plastome sequences. The plastome of *F. erecta* contains 96 simple sequence repeats (SSRs) and 44 long repeats, predominantly in non-coding regions, mainly in non-coding areas. Phylogenomic analysis shows the monophyly of the genus *Ficus*, though the relationships among its subgenera remain unclear. Single nucleotide polymorphisms (SNPs) in the *ndhD*, *petA*, and *rbcl* genes were effectively utilized to create molecular markers that distinguish *F. erecta* from other fig species. Additionally, we provide a straightforward PCR protocol for the application of these newly developed molecular markers.



## The Completion and Comparative Analysis of Chloroplast Genomes in Four *Typha* Genus Plants Used as Herbal Medicines in Korea

Woojong Jang<sup>P1</sup>, Wook Jin Kim<sup>1</sup>, Sumin Noh<sup>1</sup>, Sungyu Yang<sup>1</sup>, Goya Choi<sup>1</sup>,  
Kyeonghee Kim<sup>1</sup>, and Byeong Cheol Moon<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Herbal Medicine Resources Research Center,  
Korea Institute of Oriental Medicine, Naju, Korea

The *Typha* genus comprises approximately 30 species of monocotyledonous flowering plants that are widely distributed around the world, specifically in various wetland habitats. The dried pollen of select species within this genus is utilized as an herbal medicine known as 'Typhae Pollen' in Korea and China. In this study, we collected four representative plants from the *Typha* genus found in Korea in order to obtain the complete chloroplast genome sequences. Using the Illumina Miseq platform, we sequenced *T. orientalis*, *T. angustifolia*, *T. laxmanni*, and *T. latifolia*, and subsequently assembled each circular chloroplast genome. The chloroplast genomes exhibited the typical quadripartite structure separated by two copies of inverted repeats. The newly assembled sequences ranged in total length from 160,873 to 161,526 bp, and all encoded 114 unique genes, including 80 protein-coding genes, 30 tRNA genes, and 4 rRNA genes. The average GC contents were estimated to be 36.60%, 36.64%, 36.60%, and 36.69%, respectively, demonstrating a well-conserved genomic structure and gene order within the *Typha* species. Comparative analyses revealed a higher similarity in the inverted repeat regions compared to the single-copy regions. On average, 621 SNPs and 156.7 InDels were identified between each chloroplast genome, with several noteworthy InDels serving as potential molecular markers for the specific identification of *Typha* species. This study provides crucial information for understanding the genomic characteristics of *Typha* species and monitoring the distribution of these herbal medicines.

**Acknowledgments:** This research was supported by a grant from the Development of Sustainable Application for Standard Herbal Resources (KSN1823320) from the Korea Institute of Oriental Medicine (KIOM), Republic of Korea.

\* Tel. 061-338-7145, E-mail: wjjang@kiom.re.kr

## 한반도 고유종을 포함한 한국산 *Sasa* 속의 분류학적 재검토

이예은<sup>P</sup>, 류세아, 이상준

생물종다양성연구과, 국립생물자원관, 인천

*Sasa*속은 Bambusoideae에 속하는 분류군으로 한반도에는 *Sasa borealis*, *S. japonica*, *S. kurilensis*, *S. quelpaertensis*, *S. chiisanensis*, *S. coreana* 6종이 보고되어 있다. 최근 학자들은 형태 및 분자계통학적 연구 결과를 반영하여 본 속을 *Sasamorpha*, *Pseudosasa* 등의 속으로 세분화하고 있으나, 고유종인 *S. quelpaertensis*, *S. chiisanensis*, *S. coreana*를 포함한 한반도산 분류군에 대한 분류학적 재검토가 진행된 바 없다. 따라서 본 연구에서는 북한에만 분포하는 *S. coreana*를 제외한 5종에 대한 외부 형태 및 분자계통학적 연구를 수행하여 이들의 유연관계를 파악하고 분류학적 위치를 재검토하고자 하였다. 외부 형태 연구 결과 잎의 형태 및 털의 유무, 엽설의 형태 등에 따라 *S. borealis* (= *Sasamorpha borealis*), *S. japonica* (= *Pseudosasa japonica*) 그리고 나머지 분류군의 세 집단으로 뚜렷히 구분되었다. 또한 이들 세 집단은 엽록체 DNA에 근거한 계통수에서도 서로 독립된 분계군을 형성하였다. 따라서 한반도산 *Sasa*속을 *Sasamorpha*, *Pseudosasa*, *Sasa*로 세분화하는 것이 타당한 것으로 판단된다.

## Genotyping-by-sequencing을 활용한 갯취의 집단유전학적 연구

박유정<sup>p</sup>, 강하람, 이하림, 박지은, 김혜연, 천경식<sup>c</sup>

상지대학교 생명환경융합대학 생명과학과

갯취(*Ligularia taquetii* (H.Lev. & Vaniot) Nakai)는 국화과(Asteraceae), 곰취속(*Ligularia* Cass.)에 속하는 다년생 초본으로 우리나라 고유종이다. 본 종은 제주도 및 강원도, 전라남도, 경상남도의 극히 일부 지역에 분포하는 희귀식물이며, 약용으로도 사용되는 등 매우 중요한 식물자원임에도 불구하고, 보전을 위한 연구는 전무한 실정이다. 따라서, 본 연구는 갯취의 보전 전략 수립 시 유용한 정보를 제공하기 위해 최신의 연구기법인 GBS를 활용하여 집단유전학적 연구를 수행하였다. 분석 결과, 갯취의 유전자다양성은 유사한 생활사를 가지는 분류군들과 비교했을 때 매우 낮은 수준인 것으로 확인되었으며, 이러한 결과는 제한된 지역에 소규모로 분포하는 특성 때문으로 판단된다. 또한, AMOVA 분석 결과 갯취의 유전적 변이(72%)는 집단 내 차이에서 기인하는 것으로 확인되었다. PCoA 분석 결과 갯취는 지역별로 명확하게 구별되었으며, 이는 UPGMA 및 STRUCTURE 분석에서도 유사한 결과를 보였다. Pairwise  $F_{ST}$  및 유전자 흐름은 지리적 거리에 따라 결정되는 경향을 보였다. 결론적으로 갯취는 제주도 집단과 그 외 집단으로 명확히 구분되며, 각 지역 내 개체군 간에서는 대부분 분화도가 낮고 유전자 흐름이 높은 수준으로 나타나 유전적 교류가 일어나고 있는 것으로 판단된다. 또한 본 연구에서 얻어진 데이터는 현재까지 명확하지 않은 갯취의 분류학적 위치를 규명하기 위한 자료로도 활용 가능할 것으로 판단된다.

\*본 연구는 국립생물자원관[자생식물의 보전 및 관리를 위한 특성 연구(2023년), NIBR2023-05202]의 지원으로 수행되었음.

## Genotyping-by-sequencing 기법을 이용한 국내 불나무 개체군의 집단유전학적 연구

이하림<sup>p</sup>, 강하람, 박유정, 김재형, 천경식<sup>c</sup>

상지대학교 생명환경융합대학 생명과학과

불나무(*Rhus chinensis* Mill.)는 윗나무과(Anacardiaceae) 불나무속(*Rhus* L.)에 속하는 낙엽 소교목으로, 우리나라를 포함하여 인도, 베트남, 중국, 일본 등 아시아 전역에 걸쳐 넓게 분포하는 분류군이다. 제주도와 울릉도를 포함한 국내 전역에 분포하는 본 분류군은 약용, 염료, 산림녹화 등 다양한 목적으로 사용 가능한 식물자원이며, 이러한 다양한 쓰임새로 인해 많은 국외 종자가 국내로 유입되고 있어 국내 고유의 유전자형이 교란되고 있는 실정이다. 따라서 본 연구는 차세대염기서열 분석법에 기반한 GBS 기법을 이용하여 국내외 개체군의 유전다양성 및 개체군 간의 유전적 구조를 파악하고, 이를 통해 얻어진 데이터를 활용하여 본 분류군에 대한 관리 방안에 유용한 정보를 제공하고자 수행되었으며, 이를 위해 국내 10개 집단 92 개체, 국외 1개 집단 3개체로 총 11개 집단 95개체를 대상으로 집단유전학적 분석을 진행하였다. 총 3,513개의 SNPs를 이용한 분석 결과 불나무는 비교적 낮은 유전자다양성을 가지는 것으로 확인되었다( $H_e=0.093\sim0.0262$ ). PCoA 및 UPGMA 결과 국외 및 제주도 개체군을 제외한 국내 개체군은 혼재되어 유집되었으며, STRUCTURE 분석 결과에서는 국외와 국내 개체군이 명확히 구분되었다. 또한, 국내 집단 간 분화도는 비교적 높은 결과를 보였으며, Mantel test 결과 지리적 거리에 따라 유전적 분화도가 증가하는 양상을 보였다. 본 연구결과는 불나무의 고유 유전자형을 효과적으로 관리하기 위한 기초자료로 활용 가능할 것으로 생각된다.

\*본 연구는 국립수목원(2023년도 산림생물다양성연구과 위탁연구사업, KNA1-1-13, 14-1)의 지원으로 수행되었음.

## 국내 꼬리진달래 개체군의 유전적다양성 및 집단구조

강하람<sup>p</sup>, 박유정, 이하림, 곽호권, 천경식<sup>c</sup>

상지대학교 생명환경융합대학 생명과학과

꼬리진달래(*Rhododendron micranthum* Turcz.)는 진달래과(Ericaceae) 진달래속(*Rhododendron* L.)에 속하는 상록관목으로 한국과 중국에 분포한다. 국내에는 주로 석회암 지대 일부 지역에 국한되어 분포하는 특징을 가지고 있어, 식물구계학적특정식물 IV등급과 적색목록 준위협종(NT)으로 평가되어 있다. 본 연구는 차세대염기서열 분석법을 기반으로 GBS 기법을 이용하여 유전다양성 및 유전적 구조를 파악하고자 국내 11개 집단 137개체를 대상으로 집단유전학적 분석을 수행하였다. 총 5,660개의 SNPs를 이용하여 분석한 결과 꼬리진달래는 분포역에 비해 비교적 낮은 수준의 유전적 다양성을 가지는 것으로 확인되었다( $H_e = 0.276$ ). Mantel test 결과, 지리적 거리가 증가함에 따라 집단 간 유전적 거리가 증가하는 IBD (Isolation by distance)의 가능성을 확인하였다( $R^2 = 0.1506$ ). 하지만 강원도 영월 집단(YW)의 경우 지리적으로 가까운 충청북도 단양 집단(DY)과 높은 유전적 거리를 보였다. 또한 유전적 구조(PCoA, STRUCTURE) 분석 결과에서도 YW집단이 가장 단절된 결과로 확인되어 YW집단은 지리적 거리가 아닌 다른 요인이 유전적 분화에 영향을 미쳤을 것으로 판단된다. 따라서 본 연구결과는 꼬리진달래의 보전전략 수립 시 중요한 기초자료로 활용될 것으로 기대된다.

\*본 연구는 국립수목원(2023년도 산림생물다양성연구과 위탁연구사업, KNA1-1-13, 14-1)의 지원으로 수행되었음.

## 한국산 땅비싸리속 (*Indigofera*) 3종에 대한 분류학적 연구

김수장<sup>P</sup>, 변혜주, 최인수<sup>C</sup>

생명시스템과학과, 한남대학교, 대전광역시

땅비싸리속(*Indigofera* L.)은 콩과(Fabaceae)에서 세 번째로 큰 속이며, 전 세계적으로 약 750종을 포함한다. 국내에는 고유종인 쯤땅비싸리(*I. koreana*), 큰꽃땅비싸리(*I. grandiflora*)와 땅비싸리(*I. kirilowii*), 큰낭아초(*I. bungeana*), 낭아초(*I. pseudotinctoria*) 5 분류군이 분포한다. 5 분류군 중 형태적으로 유사한 땅비싸리, 쯤땅비싸리와 큰꽃땅비싸리의 분류는 분포 지역, 소엽 표면과 이면의 털 유무, 꽃의 기관 길이, 핵 리보솜 DNA와 RAPD 분석을 통해 진행된 바 있지만, 이들의 명확한 유연관계는 여전히 불확실한 상황이다. 따라서, 본 연구는 땅비싸리속 세 분류군의 분포현황과 형태 변이를 재검토하고, 색소체 유전체 분석을 통해 한국산 쯤땅비싸리의 계통학적 위치를 규명하고자 하였다. 조사 결과 땅비싸리는 경기도, 강원도, 충청북도, 경상북도, 쯤땅비싸리는 충청남도, 전라북도, 전라남도, 경상남도, 큰꽃땅비싸리는 경상북도와 경상남도 경계면에 분포하는 것으로 나타났다. 충청북도, 충청남도 경계면에 땅비싸리와 쯤땅비싸리가 분포하고, 경상북도, 경상남도 경계면에 두 분류군과 큰꽃땅비싸리가 모두 분포하나, 지리적으로 구분되는 분포를 보여줬다. 땅비싸리는 소엽 표면과 이면, 쯤땅비싸리는 소엽 표면, 큰꽃땅비싸리는 소엽 이면에 T자형 털이 존재한다. 꽃의 기관 길이는 큰꽃땅비싸리가 가장 길고, 쯤땅비싸리가 가장 짧았다. 소엽의 형태와 크기는 세 분류군이 높은 유사성을 가졌으며, 큰꽃땅비싸리는 개화-결실기 간의 시기에 따른 소엽 크기가 큰 차이를 보이는 것이 확인됐다. 땅비싸리, 쯤땅비싸리의 색소체 유전체 길이는 각각 159,459bp, 159,517bp이고, 두 분류군 모두 83개의 단백질 유전자, 37개의 tRNA 유전자, 8개의 rRNA 유전자 등 총 128개의 유전자를 포함했다. 이를 활용한 계통분석 결과 한국산과 중국산 땅비싸리는 단계통군을 형성하였으며, 쯤땅비싸리는 이 단계통군과 자매군을 이루었다.

## Genome size variation in *Zanthoxylum* L. (Rutaceae) species in Korea

Bokyoung Choi<sup>P\*</sup>, Tae-Soo Jang<sup>1\*</sup>

\*Correspondence to be sent to: cbokyoung@cnu.ac.kr, jangts@cnu.ac.kr

Department of Biological Science, Chungnam National University, Daejeon 34134,  
Korea

The family Rutaceae Juss. include many economically important species as spices in *Zanthoxylum* and commercial crops in *Citrus*. Rutaceae in Korea include approximately 15 species across five genera. Among the genera, genus *Zanthoxylum* in Korea has approximately five species. However, despite their economic importance, the genome size data of the genus is available only in a limited number of species to date. The genome size within the genus has been reported to be 1.42 to 8.70 pg/1C. In this study, genome size variation of the five *Zanthoxylum* species in Korea are investigated using flow cytometry (FCM). The analyses showed more than two-fold variation (1.66-3.77pg/1C) in the Korean populations of the *Zanthoxylum* species, and the variation fell within the range of the previously reported data. Future studies involving chromosome number of the *Zanthoxylum* species is required to better understand the pattern of the genome size evolution of this group.

This work was financially supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) funded by the Korea government (NRF-2020R1A6A3A01100348; NRF-2022R1C1C2011241) to B. Choi.

**Population genetic studies of *Mankyua chejuense* using  
genotyping-by-sequencing provide guides to conserve clonally  
reproduction plants**

Jae-Seo Shin<sup>P1</sup>, Myung-Ok Moon<sup>2</sup>, Byung-Yun Sun<sup>2</sup>, Ji-Eun Lim<sup>1</sup> and Young-Dong  
Kim<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>Department of Life Sciences, Hallym University, Chuncheon, Korea

<sup>2</sup>Research Institute for Basic Sciences, Jeju National University, Jeju, Korea

<sup>3</sup>Division of Biological Sciences, Jeonbuk National University, Jeonju, Korea

In nature, there are many plants that reproduce asexually and even in populations with large numbers of individuals, the presence of genotypic clone ramets makes it difficult to estimate effective population size. In particular, when clonal populations are not recognized, the direction of preservation of populations with limited distribution patterns may be different than the direction required for actual protection. *Mankyua chejuense*, which is the only member in its genus and grows only in unique ecological area, in jeju Gotjawal, is included in the Korean Red List, receiving domestic and international attention. Additionally, their sexual reproductive life cycle has not yet been revealed. In this study, population genomics data of *M. chejuense* was analyzed using genotyping-by-sequencing. The results showed that most populations were genotypic clone ramets generated from a single genet. This suggests that all populations of *M. chejuense* may have been formed from a very small number of or a single genet in the past. Where the effective population size is very small due to clonal reproduction, as a *M. chejuense*, reliable conservation program for endangered species can be difficult, especially, if the focus of preservation simply on the number of individuals or population size. The results of this study provide directions for in handling genotype data for clonally reproduction plants, which is essential for establishing stable conservation measures for endangered species of mostly vegetative reproduction.



## Comparative analysis of the chloroplast genome sequence in seven varieties and wild *Zanthoxylum schinifolium* from Korea

Mi-Jung Choi<sup>P</sup>, Won-Bum Cho, Hwan Su Hwang, Tae Hoon Kim

Department of variety examination, National Forest Seed & Variety Center, Chungju, Korea

The *Zanthoxylum* L. (Rutaceae) comprises more than 200 taxa and is mainly distributed in subtropical regions such as North America, Africa, the Indian Ocean, East Asia, and Oceania. Seven species have been reported in Korea: *Z. armatum*, *Z. piperitum*, *Z. simulans*, *Z. schinifolium*, *Z. ailanthoides* and *Z. fauriei*. Among them, *Z. schinifolium* has a unique, strong scent and spicy taste, so its seeds have been used for edible and medicinal purposes. In Korea, seven new varieties of *Z. schinifolium* registered for variety protection under the Protection of New Varieties of Plants. New varieties of *Z. schinifolium* are distinguished by characteristics such as the presence or absence of prickles, flowering time, harvest time, and number of fruits. In this study, we aimed to investigate if distinctive morphological differences among *Z. schinifolium* varieties could also be identified genetically by analyzing the chloroplast genome of the wild species and varieties. Specifically, we used seven new varieties ('Hanchon' series) and two individual local wild types (Handong and Chungju provinces). As a result, the seven varieties genome lengths were 158,897 to 158,982bp, and two individuals of wild type were 158,961 to 158,963bp. A total of 132 genes were predicted, including 87 protein-coding genes, 37 transfer RNA genes, and eight ribosomal RNA genes. In varieties, 32 mutation regions were identified in SNP and 34 in InDel. Phylogenetic analyses were conducted using Bayesian Inference Analysis on the chloroplast genomes of *Z. schinifolium* varieties, along with those of wild type, related species (*Z. piperitum*, *Z. bungeanum*, and *Citrus polytrifolia*; GenBank data) to confirm their phylogenetic relationships. Each species formed a phylogroup, and the *Z. schinifolium* varieties formed a different cluster from the wild type. However, the resolution of the phylogenetic tree was found to be insufficient for distinguishing individual varieties. This result suggests the further study for distinguishing varieties through marker development utilizing SNP and InDel regions identified in varieties.

Exploring the mitogenomic landscape: characterization and significance of the complete mitogenome of *Hydrangea serrata* (Thunb.) Ser. from the family Hydrangeaceae

Seongjun Park<sup>p1</sup>, SeonJoo Park<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Institute of Natural Science, Yeungnam University, Gyeongsan, Gyeongbuk 38541, South Korea; <sup>2</sup>Department of Life Sciences, Yeungnam University, Gyeongsan, Gyeongbuk 38541, South Korea

Mitochondrial genomes (mitogenomes) in angiosperms exhibit dynamic structures, and a comprehensive understanding of their evolution requires expanded sampling. This study presents the complete mitogenome of *Hydrangea serrata* (Thunb.) Ser, native to Korea and Japan, from the family Hydrangeaceae. Using a hybrid assembly of Illumina and Oxford Nanopore Technologies data sets, we generated a circular mitochondrial chromosome of 834,329 bp in length, providing the first complete mitogenome from the order Cornales. The mitogenome encodes 39 protein-coding genes, 18 tRNA genes, and three rRNA genes. Repetitive DNA is widespread, accounting for 17.4% of the mitogenome, including one large (>1 kb), 95 intermediate (100-1000 bp), and 222 small (<100 bp) repeats. Transposable elements (TEs) comprise 7.2% (59,796 bp) of the mitogenome. Plastid-like sequences comprise 2.3% (19,470 bp) of the mitogenome. In addition, we identified eight open reading frames (ORFs) associated with cytoplasmic male sterility, each containing one to three transmembrane helices. Our results shed light on genomic diversity and evolution within the Hydrangeaceae family. The hybrid assembly approach used in this study contributes to a more comprehensive understanding of mitogenomic evolution in angiosperms, and specific features of the *H. serrata* mitogenome add valuable insights to the broader field.

**Phylotranscriptomic exploration of tribe  
Delphinieae (Ranunculaceae): Revealing discordant lineages and  
reticulate evolution**

Seongjun Park<sup>p1</sup>, SeonJoo Park<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Institute of Natural Science, Yeungnam University, Gyeongsan, Gyeongbuk 38541,  
South Korea; <sup>2</sup>Department of Life Sciences, Yeungnam University, Gyeongsan,  
Gyeongbuk 38541, South Korea

The tribe Delphinieae, a major lineage of Ranunculaceae, is of particular evolutionary interest because of its remarkable morphological features, especially its zygomorphic flowers with hidden nectary spurs. The deep Delphinieae phylogeny has not been fully resolved, and the evolutionary landscape underlying its evolution remains limited. In this study, we applied coalescent- and concatenation-based approaches to reconstruct a reliable species tree of the tribe Delphinieae using extensive nuclear genes (2,049 single-copy orthologs) from transcriptome datasets. Both approaches suggested similar species relationships with high support values. However, the topologies revealed high levels of discordance in the lineage comprising *Aconitum aconiti*, *A. carmichaelii*, *A. jaluense*, *A. japonicum*, *A. kusnezoffii*, and *A. volubile*, suggesting that the rapid diversification occurred in a short period, resulting in reticulate evolution. Our results advance the understanding of Delphinieae phylogeny and provide numerous novel evolutionary insights into their diversification and morphological evolution.

## 해변식물 번행초의 기원

최윤경<sup>P</sup>, 박근모, 오상훈

대전대학교 해화리버럴아츠칼리지 생명과학전공

번행초(*Tetragonia tetragonoides* (Pall.) Kuntze)는 번행초과(Aizoaceae Martinov)에 속하는 육질의 다년생 초본으로 해안가 모래나 바위틈에서 생육하는 해변식물이다. 한국, 일본, 중국 남동부, 대만 호주, 뉴질랜드에 자생하며, 열매 내부에 공기층이 있어 물에 잘 뜨고 염분에 내성을 지니고 있어 해류 산포가 가능한 종이다. 본 연구에서는 한반도 전 지역, 일본 서부의 환동해안 지역 및 태평양 연안 지역에서 확보한 번행초 17개 집단 96개체를 대상으로 엽록체 DNA 마커와 차세대 염기서열 분석 방법인 GBS(Genotype-by-sequencing) 기술을 활용한 SNP 마커를 이용하여 계통지리학적 연구를 수행하였다. 엽록체 haplotype 분석한 결과, 5개의 엽록체 DNA 마커(*rpl16-trnQ*, *trnT-psbD*, *ndhC-trnV*, *ndhF-rpl32*, *rpl32-trnL*)에서 3개의 haplotype이 추출되었으며, 지역적인 구조화(geographic structure)가 없이 난류인 쿠로시오 해류의 이동 경로를 따라 다회성으로 전파된 것으로 확인되었다. GBS 분석법으로 확보된 8,012개의 SNP 마커를 활용해 유전적 다양성 및 구조 분석을 수행한 결과, 한반도, 제주도 및 일본의 번행초는 집단 내에 서로 다른 유전형이 유입되는 다중기원(multiple origins)이 비교적 흔하게 나타났다. 한편, 울릉도의 생육하는 번행초는 한반도에서 전파되어 독도에 분포하는 번행초와는 기원이 다른 것으로 확인되었다. 독도의 번행초는 매우 고유한 유전형을 지닌 개체들로 나타났다. 이 결과는 독도 집단이 최대 빙하기(Last Glacial Maximum)동안 생존한 잔존 집단(relict population)일 가능성이 높은 것으로 추정된다. 본 연구 결과, 해변식물인 번행초의 분포 양상에 큰 영향을 미치는 요인은 남쪽으로부터 유입되는 쿠로시오 해류와 이에 파생된 해류의 흐름 및 기후 변화일 것으로 파악되었으며, 열대 지방 및 남반구 지역의 추가적인 샘플링을 통해 더 넓은 범위에서의 번행초의 기원 연구를 수행할 예정이다.

## 캄보디아산 난초식물의 DNA 바코드 연구

유수창<sup>P1</sup>, 서화정<sup>1</sup>, 서선원<sup>1</sup>, 조성현<sup>2</sup>, 오상훈<sup>1</sup>

<sup>1</sup>대전대학교 혜화리버럴아츠칼리지 생명과학전공, 대전 34520; <sup>2</sup>국립생물자원관, 인천 22689

난초과는 세계에서 가장 다양한 식물군 중 하나로, 생육지의 파괴와 남획으로 인한 멸종의 위협이 매우 높은 종을 다수 포함하고 있다. 한반도의 경우 난초과 40속 107종 중 25종이 멸종 위기야생생물로 지정되어 있다. 이러한 난초과의 모든 분류군은 CITES(Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora)에 의해 지정되어 국가간의 불법 거래를 방지하여 보호되고 있다. 그러나 난과 식물은 꽃이 없으면 종 동정이 매우 어렵고 종 다양성이 높아 형태 형질에 근거하여 종을 판별하는데 더하여 DNA 바코드 방법을 적용할 필요가 있다. 캄보디아에 서식하는 난초는 70속 333종으로 보고 되었으나 정확한 다양성 연구가 미비하며, 주변국인 태국 162속 1,100종, 베트남 142속 751종, 라오스 108속 485종이 분포하기 때문에 더 다양한 종이 분포할 것으로 추정된다. 본 연구는 DNA 바코드 구간 ITS, *matK*, *rbcL* 마커를 사용하여 캄보디아 난초과의 DNA 바코드의 유용성을 확인하고자 하였다. 캄보디아에 분포하는 난초과 23속 49종을 대상으로 3개의 마커 유합 구간을 분석한 결과 속 수준에서 100%, 종 수준에서 91.8% 판별이 가능하였다. 또한 ITS, *matK*, *rbcL* 유합 자료에 *psbA-trnH* 구간을 추가할 경우 3개의 바코드 유합 구간과 비교했을 때 유사한 결과를 보였다. 따라서 ITS, *matK*, *rbcL*의 3개 구간으로 DNA 바코드 데이터 베이스를 구축하는 것이 가장 타당한 것으로 생각한다. 한편, 현 연구에 포함된 종들은 일부 지역에서 확보된 종으로서 추가적인 샘플 분석을 통해 캄보디아 국가 수준에서 난과 DNA 바코드 자료를 구축할 수 있을 것이다.

**Transcriptome-Scale insights into the phylogenetic puzzle of *Salix blinii* :  
Unraveling evolutionary relationships in the genus *Salix***

Seongjun Park<sup>P1</sup>, Ji-Young Jung<sup>2</sup> Han-Gyeol Kim<sup>3</sup>, Sungwon Son<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Institute of Natural Science, Yeungnam University; <sup>2</sup>Garden and Plant Resources Division, Korea National Arboretum; <sup>3</sup>Conservation Center for Gwangneung Forest, Korea National Arboretum

*Salix blinii* H. Lév., native to Korea, is a typical alpine willow distributed mainly in the valley part of Mt. Halla. Its relationship to Korean willows and other members of the genus *Salix* is unclear, and its status as a distinct species remains tentative. Previous molecular phylogeny did not provided clear evolutionary relationships within the genus. Genome-scale data are expected to significantly increase the number of informative characters for analyses. To reconstruct the phylogeny of the genus *Salix*, transcriptome data for nine taxa were generated and analyzed along with 16 published transcriptome sequences. Phylogenetic reconstructions were conducted using up to 3,741 nuclear single-copy genes (5,535,321 aligned sites). Both coalescent- and concatenation-based approaches were performed to test the robustness of phylogenetic inferences. Our results reveal that evolutionary relationships within the genus *Salix* were incongruent between the two methods. However, a well-supported clade comprising *S. blinii* and *S. gracilistyla* suggests that phylogenetic hypotheses used to understand the evolution of *S. blinii* should be re-evaluated. By utilizing genome-scale data, our research contributes valuable insights into the phylogenetic relationships of *Salix blinii* and enhances our understanding of the evolutionary dynamics within the genus *Salix*.

**Uncovering the endemic plants of Ulleung Island: Genomic clues in the preliminary study of *Adenophora erecta* and its evolutionary companions**

Sungwon Son<sup>P1</sup>, Han-Gyeol Kim<sup>1</sup>, Minkyung Jung<sup>1</sup>, Dong-Hyuk Lee<sup>1</sup>, Seongjun Park<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Conservation Center for Gwangneung Forest, Korea National Arboretum

<sup>2</sup>Institute of Natural Science, Yeungnam University

*Adenophora erecta* is native to Ulleungdo, one of the oceanic islands in Korea, and it likely originated via anagenetic speciation from *A. remotiflora*. However, *A. remotiflora* is morphologically similar to a group of species related to *A. grandiflora*, and their taxonomic boundaries are unclear. Disentangling species limits in these species complexes is one of the major challenges in tracing the origin and evolutionary history of *A. erecta*. We used phylogenomic and population genomic approaches based on 1,408 orthologous genes and 10,900 SNPs from 35 RNA-Seq datasets to reconstruct the phylogeny of three species and to explore the sources of interspecies genetic variation. Our coalescent-based approach tentatively supports the species (*A. erecta*, *A. grandiflora*, and *A. remotiflora*) into three monophyletic groups. Moreover, the unweighted pair group method with arithmetic mean (UPGMA) and principal component analysis (PCA) clustering also revealed clear groupings of the samples. The high level of genetic differentiation between *A. remotiflora* and *A. grandiflora* suggests the potential development of a new morphological identification key. Our results begin to unravel the evolutionary history of *A. erecta* from a comparative genomics perspective and highlight the determining boundaries between the *A. remotiflora* and *A. grandiflora* complexes. We plan to expand the scope of the study by increasing both the sample size and the range of variables considered to elucidate the origin and evolutionary history of *A. erecta*, including its related taxa.

## Exploring genome sizes in *Carex*: updated data on Korean species

Se-eun Jung<sup>P1</sup>, Yanghoon Cho<sup>2</sup> and Sangtae Kim<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, Sungshin Women's University, Seoul 01133, Korea; <sup>2</sup>Uri Plant

Research Institute, Kwangju 61431, Korea

Genome size, a fundamental cytogenetic feature crucial for initiating genome sequencing projects, is vital in providing essential insights into taxonomy, cytogenetics, phylogenetics, and evolutionary studies. The estimation of nuclear DNA content is commonly performed through flow cytometry, a standard method in cytogenetic analyses. The genome sizes of numerous species within the *Carex* (Cyperaceae), totaling over 2000 globally distributed species, have not been extensively studied. The Plant DNA C-values Database provides genome size information for only 283 *Carex* species, and among the 200 species found in the Korean Peninsula, only 43 have reported genome sizes. In this study, we utilized flow cytometry to measure and update the genome sizes of 14 additional species, adding to the previously published data on 43 species. For all 283 *Carex* taxa reported in the Plant DNA C-value database, plus 57 taxa from Korea, the average genome size is  $0.45 \pm 0.17$  Gbp. *C. kobomugi*, *C. paxii*, and *C. nubigena* subsp. *albata* exhibit the smallest genome size at 0.20 Gbp, while the largest genome size is observed in *C. cuspidate* 1.60 Gbp. Subg. *Euthyceras* shows the smallest range of genome size variation, in contrast, subg. *Psyllophorae* displays the largest variation. In this study, six of the 12 endemic *Carex* taxa in Korea have been reported. Our report contributes to the accumulation of cytogenetic data in *Carex* and may provide valuable insights for future taxonomic and genomic studies, as well as influence conservation strategies for preserving genetic resources.



**Comparative analysis of chloroplast genomes in carnivorous  
*Utricularia* species and its related taxa in the family Lentibulariaceae**

Kyu Tae Park<sup>P</sup> and Seonjoo Park

Department of Life Sciences, Yeungnam University, Gyeongsan, Gyeongbuk, Korea

*Utricularia* L. is one of the largest genera among carnivorous plants, which is distributed world wide and has diversified habitats and life forms (including as terrestrials, aquatics, epiphytes, lithophytes, and recheophytes). In this study, we complete chloroplast genome sequence of three *Utricularia* taxa. The three *Utricularia* chloroplast genome sequences ranged from 135,226 bp to 154,053 bp in length. In two *Utricularia* chloroplast genomes, *U. tenuicaulis* and *U. racemosa*, 113 unique genes were annotated, including 79 protein coding genes, 30 tRNA genes and four rRNA genes. On the other hand, 102 unique genes were annotated in *U. bifida* as a result of the loss of the *ndh* gene complex. In contrast to other Lentibulariaceae chloroplast genomes, the *ndh* gene complex showed complete or partial gene loss. It suggested that the loss of *ndh* genes occurred independently in each lineages. Furthermore, a phylogenetic analysis based on 66 protein coding genes indicate that Lentibulariaceae is a monophyly.

**Bottleneck events and changes in effective population size in  
*Abeliophyllum distichum* (Oleaceae) genetic lineages**

Homervergel G. Ong<sup>P1</sup>, Eui-Kwon Jung<sup>2</sup>, Yong-In Kim<sup>3</sup>, Jung-Hoon Lee<sup>3</sup>, Bo-Yun Kim<sup>4</sup>, Young-Dong Kim<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Multidisciplinary Genome Institute, Hallym University, Chuncheon;

<sup>2</sup>Department of Life Science, Hallym University, Chuncheon;

<sup>3</sup>On Biological Resource Research Institute (OBRRI), Chuncheon;

<sup>4</sup>National Institute of Biological Resources (NIBR), Incheon

*Abeliophyllum distichum* Nakai (Oleaceae) is one of the first species to receive a formal recovery plan since the establishment of modern conservation and protected areas system in South Korea. The earliest population genetic studies that were foundational in the molecular aspect of conservation for the species can be traced back to the late 1990s, with the use of allozyme markers and techniques. Although these independent studies reported varying degrees of genetic diversity, all agreed that there is a structured genetic differentiation in the species' fragmented populations. Most recently, and with the updated information about the species' wider distributional range, our population genomic studies using SNPs were not only able to further elucidate the distinct population structure and genetic variation patterns that define the species' five genetic lineages (SOUTHERN, EASTERN, NORTHERN, UPPER-CENTRAL, and LOWER-CENTRAL groups) but also their history of divergence. In our third research installment for the species, we use approximate Bayesian computation and five SNP datasets to look into the past demographic events that may have impacted the current effective population size of the five lineages. Our models inferred reductions of effective population sizes in all genetic groups, with those at margin showing lower values than those at the center. All population bottlenecks were inferred to have occurred rather recently (i.e., during the Anthropocene), some coinciding with known historical events in the country (e.g., the Korean War) or with a more specific anthropogenic disturbance in a particular locality (e.g., land-use change). Initial findings also suggest that the central lineages were the most likely descendants of the species' ancestral population, which was in existence at least since the Last Interglacial (ca. 120 kya). The determination of other possible historical factors that may have caused such population contractions is ongoing.

## Phylogenetic position and Population genetics of *Deutzia paniculata* Nakai

Ji-Eun Lim<sup>P1</sup>, Jung-Hoon Lee<sup>2</sup>, Eui-Kwon Jung<sup>1</sup>, Homervergel G. Ong<sup>3</sup>, Yong-In Kim<sup>2</sup>,  
Min-Jea Kang<sup>1</sup>, Woo-Ho Kim<sup>1</sup>, Tae-Hun Kim<sup>1</sup>, Young-Dong Kim<sup>1,3\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Life Sciences, Hallym University, Chuncheon;

<sup>2</sup>On Biological Resource Research Institute (OBRRI), Chuncheon;

<sup>3</sup>Multidisciplinary Genome Institute, Life Science Hall, Hallym University, Chuncheon

*Deutzia paniculata* is a deciduous shrub in Hydrangeaceae, and is endemic to the Korean Peninsula with a limited distribution range. Its conservation status according to the IUCN Red List is Near Threatened (NT) by the Ministry of Environment, and Vulnerable (VU) by the Korea National Arboretum. Endemic plants with a limited distribution range, such as this species, are at risk of extinction due to natural and anthropogenic factors, hence are required appropriate conservation measures. In this study, we conducted a phylogenetic analysis of *D. paniculata* to infer its taxonomic position in Hydrangeaceae, and also used NGS-based genotyping-by-sequencing (GBS) techniques to identify its genetic characteristics in order to prepare conservation and management measures. The phylogenetic analysis of *D. paniculata* using nrDNA ITS region sequence information showed that this species formed a clade with *D. schneideriana* and *D. glauca*, two sister taxa distributed in China. Population genomic analysis using GBS recovered 4,079 SNPs across 89 individuals from nine populations. Our results revealed a mean *He* of 0.153 for the species. Vegetative propagation morphology was observed in some populations which led to clonal testing. Two genotypes were identified in Gijang Sanseongsan population (SS), as well as similar signs of clonal formation in three other populations. Analyses of genetic structure using PCoA and STRUCTURE, showed that the Gyeongju Danseongsan (DS) and SS populations were the most genetically different. The results of this study are expected to provide important data for the conservation of *D. paniculata* populations.

This work was supported by the National Institute of Biological Resources (NIBR) [No. NIBR202305202].

## 국내 국화속 식물의 종자 발아특성 비교

박진병<sup>1p</sup>, 구분석<sup>1</sup>, 김정성<sup>1</sup>

<sup>1</sup>산림학과 충북대학교, 청주

우리나라의 국화속(*Chrysanthemum* L.)은 구절초무리(*C. zawadskii* complex), 감국(*C. indicum* L.), 산국(*C. boreale* Makino)으로 구성되어 있고, 특히 구절초 무리에는 다양한 종 내 분류군이 인식되기도 한다. 본 연구는 국내에 자생하는 국화속 식물의 종 보존방안을 수립하기 위해 각 분류군의 종자발아특성을 비교하였다. 구절초무리를 포함하여 감국, 산국의 자생지에서 총 15집단 17개체를 수집하여 종자를 채종한 후, 각 집단의 평균 종자 발아율(GR, Germination Rate), 발아세(GE, Germination Energy), 평균발아기간(MGT, Mean Germination Time), 발아균일지수(CGU, Coefficient of germination Uniformity)를 비교분석하였다. 분류군에 따른 종자발아특성을 비교한 결과, 평균 종자 발아율은 산국이 87.3%로 가장 높았고, 발아세는 감국이 45%로 가장 높았다. 종자의 발아균일지수는 감국이 0.423으로 가장 높았고, 평균발아기간은 산국이 4.4일로 가장 짧았다. 구절초무리와 감국 분류군의 경우, 배수성에 따른 발아특성을 비교하였을 때, 구절초무리에서는 6배체가 높은 종자 발아율과 발아세를 보이고, 짧은 평균발아기간 및 높은 발아균일지수로 2배체나 4배체에 비해 왕성한 번식력을 가지는 것으로 유추할 수 있었다. 감국에서는 2배체가 4배체보다 높은 종자 발아율과 발아세를 보인 반면, 발아균일지수는 4배체가 2배체보다 높을 것으로 확인되었다. 본 연구결과는 후속연구를 위한 기본적인 종자발아특성 자료를 제공할 수 있을 것으로 사료된다.

본 연구는 정부(교육부)의 재원으로 한국연구재단 기초연구사업의 지원을 받아 수행된 연구임 (No.2020R1I1A2053517)

**A novel insight to the taxonomic question in Korean *Lysimachia fortunei* (Primulaceae) from population genomic analysis.**

Geonha Hwang<sup>P1</sup> and Sang-Tae Kim<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Life Sciences, The Catholic University of Korea, Bucheon, Korea

*Lysimachia fortunei* Maxim. is a perennial herb belonging to the Primulaceae family. This species is mainly distributed in northern hemisphere including Korea, Japan and Taiwan. In Korea, the population of this species is severely fragmented, with restricted distribution areas and exposed to rapid environmental changes and human activities. As a result, *L. fortunei* was designated as 'Vulnerable' (VU) by the Korea National Arboretum and listed as 'Near Threatened' (NT) on the National Red List by National Institute of Biological Resources. In this study, we identified Genome-wide 2,774 SNPs with high quality using ddRAD-sequencing with 92 *L. fortunei* plants from Korea and Japan. Our genotype analysis among populations suggested a potential decrease of effective population size resulting into lower genetic variations, due to limited gene flow and a bottleneck effect. Interestingly, we found plants from a Yangsan population showed a confusion in inflorescence morphology and located as a sister to all Korean populations in clustering analysis, which provide a taxonomic question for a further study. Also there appeared a population is possible hybrid origin from genome level of genotype analysis suggesting another further investigation. Our results can provide important basic information for species conservation and future taxonomic study.

Keywords: ddRAD-seq, *Lysimachia fortunei*, SNPs, genotyping by sequencing, conservation.

## The phylogeography of *Illicium anisatum* in East Asia's land-bridge island system based on chloroplast multi-locus sequences

Hyo-Jin JEONG<sup>P1</sup>, Eun-Do LEE<sup>1</sup>, Young-Jong JANG<sup>1</sup>, Soonku SO<sup>2</sup>, Amarsanaa GANTSETSEG<sup>1</sup>, Eun-Kyeong HAN<sup>1</sup>, Jung-Hyun LEE<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biological Sciences and Biotechnology, Chonnam National University, Gwangju 61186, Korea; <sup>2</sup>Korea National Park Research Institute, Korea National Park Service, Wonju 26441, Korea

The evolutionary divergence of populations linked to the abundance of endemic species in East Asia's island flora is still poorly understood, due to the insufficient exploration of the historical geographic role of the submerged East China Sea basin, particularly regarding the Korean Peninsula. This study was conducted to analyze the genetic diversity and population structure of a typical southern plant *Illicium anisatum* distributed in Jeju Island and the southern coast of the Korean Peninsula and endemic to East Asia. We targeted 25 non-coding regions of cpDNA using MPM-seq for 356 samples from four regions and 28 populations in Korea and Japan. A total 12,321 bp was aligned and, nine haplotypes (A~I) were determined. Phylogenetic analysis revealed that *I. anisatum* was diverged into two distinct lineages. L I comprise haplotype A to F, and L II harbours haplotypes G to I. In particular, the unique B haplotype, shared only in two populations in Seogwipo, Jeju on the Korean Peninsula, was identified. The genetic diversity of *I. anisatum* populations was confirmed; the overall haplotype diversity (Hd) was 0.5589, and the nucleotide diversity (Pi) was 0.00015. The regional average of genetic diversity was found to be high in Shikoku (Hd: 0.500), Kyushu (Hd: 0.178), Honshu (Hd: 0.132), and the Korean Peninsula (Hd: 0.000). ENM (Ecological Niche Modeling) revealed the present potential distribution of *I. anisatum* is highly correlated with the warm-temperate climate zone. It was potentially distributed along the southern East China Sea (ECS) continental shelf from Taiwan during the Last Glacial Maximum (LGM), and also has a distribution along the Ryukyu Islands to southern Kyushu. Our results suggest that conservation and management of *I. anisatum* habitats based on genetic diversity and, explain the evolutionary history reasonably.

## 한국산 닭의장풀과 (Commelinaceae) 식물에 대한 DNA barcode 염기서열 분석

원효식<sup>P</sup>, 이채영

대구대학교 대학원 생명과학과 및 기초과학연구소, 경산

우리나라에 분포하는 닭의장풀과 식물을 대상으로 엽록체 DNA *rbcL*, *matK* 유전자 구간 및 *psbA-trnH* IGS 구간, 그리고 핵 *rITS* 구간 등 4개 구간의 DNA 바코드 염기서열 분석을 시도하였다. 그 결과, 닭의장풀속, 사마귀풀속, 나도생강속, 덩굴닭의장풀속, 자주달개비속 등 5개속 8개 분류군 38개체로부터 염기서열을 확보하였다. 엽록체 구간의 경우 모든 시료로부터 염기서열을 확보하였으나, 핵 *rITS* 구간의 경우 나도생강과 자주달개비속 시료를 제외한 나머지 분류군에 대해서만 염기서열을 확보할 수 있었다. 덩굴닭의장풀속의 경우, 기존에 사용되던 범용 *matK* 유전자 primer로는 증폭이 되지 않아, 엽록체 유전체 염기서열을 참조하여 새롭게 primer를 설계하여 사용하였으며, 엽록체 *psbA-trnH* IGS 구간의 경우, 중간에 *rps19*, *rpl22* 등의 유전자가 포함되어 있어, 중간 primer를 새롭게 설계하여 증폭 및 시퀀싱을 진행하였다. 염기서열 분석 결과, 닭의장풀과 식물은 분석된 3개 엽록체 구간을 단독으로 사용하여도 속 및 종 수준에서 100% 식별가능한 것을 확인하였으며, 핵 *rITS* 구간 역시 증폭/시퀀싱에 실패한 나도생강 및 자주달개비속 식물 2속 3종을 제외하고 속 및 종 수준에서 100% 식별가능한 것을 확인하였다. 한편, 닭의장풀속에 있어 닭의장풀, 누운닭의장풀, 고깔닭의장풀 등이 종 수준에서 잘 식별되는 것으로 확인되었으나, 닭의장풀, 애기닭의장풀, 좀닭의장풀 등은 구분되지 않았다. 나도생강 및 자주달개비속 식물의 핵 *rITS* 구간에 대해서는 추가적인 연구가 필요하다.

**핵 *XDH*, *TOPO6* 유전자의 진화와 계통: 한국산 배추과  
쑥부지깻이속(*Erysimum* L., Brassicaceae) 식물을 대상으로 한 시범 연구**

최선아<sup>p</sup>, 원효식

대구대학교 대학원 생명과학과 및 기초과학연구소, 경산

핵 유전체에 존재하는 low copy 유전자로 알려진 Xanthine Dehydrogenase (XDH)와 Topoisomerase VI (TOPO6) 유전자의 진화와 계통을 추적하기 위해 한국산 배추과 쑥부지깻이속 (*Erysimum* L., Brassicaceae) 식물을 대상으로 시범 연구를 수행하였다. 쑥부지깻이속은 전세계적으로 150-350종이 있으며, 우리나라에는 관상용으로 심는 꽃무(*E. x cheiri*)를 제외한 부지깻이나물(*E. amurense*), 쑥부지깻(*E. cheiranthoides*), 가는쑥부지깻(*E. macilentum*) 등 3종이 자생하는 것으로 알려져 있다. 이들 쑥부지깻이속 3종과 외군으로 애기장대(*Arabidopsis thaliana*) 및 산장대(*A. halleri* ssp. *gemmaifera*) 2종 등 5종을 대상으로 엽록체 유전체 3구간 (*rbcL*, *matK*, *trnL-F* IGS)과 핵 유전체 3구간 (rITS, XDH, TOPO6)에 대한 염기서열을 확보하여 각각의 계통을 비교 분석하였다. 핵 유전자인 XDH와 TOPO6는 direct sequencing 및 클로닝을 통해 각 multiple copy의 염기서열을 확보하였으며, 이를 다른 유전자 마커 염기서열 및 계통과 비교하였다. 엽록체 마커의 경우 *rbcL* 및 *matK* 유전자 염기서열이 부지깻이나물과 쑥부지깻이를 종 수준에서 구분하지 못하는 반면, *trnL-F* IGS 구간과 핵 rITS는 쑥부지깻이속 3개 종을 종 수준에서 구분하면서, 부지깻이나물이 쑥부지깻이와 가는쑥부지깻이의 자매군을 형성하며 기부에서 분지하는 양상을 보여주었다. 한편, 핵 XDH와 TOPO6 유전자 염기서열은 쑥부지깻이속 및 산장대속 식물을 종 수준에서 잘 구분하였으며, TOPO6 유전자 염기서열은 2 copy가 확인된 가는쑥부지깻이를 제외하고는 모두 1 copy를 지니는 것으로 확인된 반면, XDH 유전자는 쑥부지깻이속 3개 종에서 모두 3 copy가 확인되었으며, 외군인 산장대의 경우 3 copy, 애기장대의 경우 2 copy를 각각 지닌 것으로 확인되었다. TOPO6 유전자 계통수와 XDH 유전자 계통수는 각각의 copy 내에서 엽록체 및 핵 rITS 계통과 동일하게 부지깻이나물이 쑥부지깻이와 가는쑥부지깻이의 자매군을 형성하는 계통적 유연관계를 보여줘, 계통적 정보가 일치하는 것을 보여주었다. 이처럼 한국산 쑥부지깻이속 식물에 대한 시범 연구를 통해 핵 유전자 XDH와 TOPO6의 유용성과 진화 양상을 파악할 수 있었으며, 배추과 전체에 대해 적용이 가능할 것으로 판단된다.