

2022년도

제54회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술발표회



일시: 2023년 2월 2일(목) – 2월 3일(금)

장소: 성균관대학교 삼성학술정보관, 오디토리움(지하1층)

주최: 사단법인 한국식물분류학회

공동주관: 성균관대학교 기초과학연구소

성균관대학교 4단계 BK21 글로벌바이오엑스퍼트 교육연구단

사단법인 한국식물분류학회 제54회 정기총회 및 학술발표회

1. 학회 일정: 2023년 2월 2일(목) - 3일(금)
2. 학회 개최 장소: 성균관대학교 삼성학술정보관, 오디토리움(지하 1층)
3. 학회 세부 일정: 아래 참조
4. 발표 포스터 제작 및 설치 안내
 - 포스터 제작: 90cm × 120cm 크기로 제작한다.
 - 포스터는 2월 2일 오전 11시부터 3일 오전 10시 30분까지 삼성학술정보관 오디토리움 주변 본인 번호 아래 설치
5. 2월 2일 저녁식사 및 간담회
 - 장소: 큰들 일월점(수원시 권선구 일월천로4번길 15-7, 031-291-3555)
 - 시간: 18:30
6. 2월 3일 점심식사
 - 장소: 성균관대학교 학생회관 1층 행단골
 - 시간: 12:00-13:00
7. 비상연락: 천경식 총무(010-4789-4965), 김승철 학술위원장(010-5264-4820),
현진오 회장(010-6706-1975)
8. 찾아오시는 길: 성균관대학교 자연과학캠퍼스 삼성학술정보관 오디토리움
(수원시 장안구 서부로 2066)
정문 진입 후 C주차장에 주차 후 도보로 삼성학술정보관 이동



9. 주차 안내: 성균관대학교 자연과학캠퍼스 C구역 주차장

- 제1공학관 남측 및 N센터 맞은편
(정문 출입 이후 우회전 시 갈림길 지나 좌측에 위치)
- 의학관 대강당 너머 선수체육관 맞은편
(정문 출입 이후 좌회전 시 갈림길 지나 좌측에 위치)



- 행사 세부 일정 -

한국식물분류학회 제54회 정기총회 및 학술발표회

2023년 2월 2일 (목요일)

- 11:00 - 12:00 정기총회 (구 이사회)
장소 - 제2과학관(32동) 생명과학과 3층
(31317; 기초과학연구소세미나실)
- 12:00 - 13:30 등록 (삼성학술정보관 오디오리움, 지하1층)
- 13:30 - 13:40 개회식 (사회: 천경식, 총무이사)
식물분류학회장 인사
- 13:40 - 14:00 제2회 죽파(竹波)식물분류학상 시상식
- 14:00 - 14:10 한국식물분류학회 제28대 회장단 소개
(신임회장 인사 포함)
- 14:10 - 15:50 제1부 학술발표: 초청강연 및 특별강연
(좌장: 원효식, 대구대학교)
- 14:10 - 14:40 IO1 변동하는 환경의 부분적 노출로 인한 집단 크기와 유전적
조성의 상호의존적 변화
김유섭 한국진화학회장
(이화여자대학교)
- 14:40 - 15:10 IO2 Speciation and evolutionary history of selective marine and
freshwater mollusks in the Korean Peninsula
황의욱 한국동물분류학회장
(경북대학교)
- 15:10 - 15:30 S1 국립생물자원관 표본 관리 현황
김민하
(국립생물자원관)

| 제54회 한국식물분류학회 정기총회 및 학술발표회

- 15:30 - 15:50 S2 국립수목원 DMZ자생식물원의 식물다양성 보전
장계선
(국립수목원 DMZ식물원)
- 15:50 - 16:10 휴식 & Coffee Break
- 16:10 - 16:40 제2부 학술발표: 신규박사 초청강연세션
(좌장: 최혁재, 창원대학교)
- 16:10 - 16:40 S3 A systematic study of the genus *Ligularia* (Asteraceae) in
East Asia
박민수
(한국생명공학연구원, 공주대학교)
- 16:40 - 18:00 제2부 학술발표: 일반회원 세션
(좌장: 이정희, 국립수목원)
- 16:40 - 17:00 G1 식물은 다가가는 만큼 보여준다 - 새로운 식물을 발견하기 까지
30년의 시간
남명자
- 17:00 - 17:20 G2 마이크로 세계로 보는 난초과의 column과 화분과
서화정
- 17:20 - 17:40 G3 <생태와 예술-강한 식물성> 허윤희 작가의 예술에 대하여
허윤희
- 17:40 - 18:00 G4 *Mankyua chejuense* in Sepafuturism
정혜주
- 18:30 - 저녁식사 및 간담회

2023년 2월 3일 (금요일)

- 08:30 - 09:00 등록
- 09:00 - 10:30 제3부 학술발표: 구두발표 I
(좌장: 오상훈, 대전대학교)
- 09:00 - 09:15 O1 New Record of *Yucca smalliana* Fernald Fruit and Seeds
in Korea
Ki Yull Yu
(Former Korea International Cooperation Agency; Rwanda
University)
- 09:15 - 09:30 O2 Taxonomic status of *Luzula plumosa* complex in Korea
based on morphology and cpDNA sequences
Sung-Min Kim^{1p}, Chang-Shook Lee²
(¹Sungshin Women's University, ²Ewha Womans University)
- 09:30 - 09:45 O3 Seed morphology & anatomy of the Korean endemic genera
Se-Moon Ahn^p, Chang-Shook Lee
(Kangwon National University)
- 09:45 - 10:00 O4 Reproductive structures of *Menyanthes trifoliata* L.
Hye-Rin Kim^p, Kweon Heo
(Kangwon National University)
- 10:00 - 10:15 O5 A taxonomic update of the genus *Peucedanum* in Korea
Jun-Ho Song
(Chungbuk National University)
- 10:15 - 10:30 O6 미토콘드리아 유전체 기반 콩아과 식물의 분자계통학 연구
최인수
(한남대학교)
- 10:30 - 12:00 포스터 발표 (삼성학술정보관 오디오리움 주변, B1)
- 12:00 - 13:00 점심식사 (행단골, 학생회관 1층)

13:00 - 14:30 **제4부 학술발표: 구두발표 II**
(좌장: 최혁재, 창원대학교)

- 13:00 - 13:15 O7 Genotyping-by-sequencing (GBS) reveals population genetic diversity and differentiation of northern Korean endemic plant, *Berberis koreana* (Berberidaceae)
Myong-Suk Cho^{1p}, Hyeon Soo Kim², Ye-Rim Choi¹, Hee-Young Gil³, Kae Sun Chang⁴, Seung-Chul Kim¹
(¹Sungkyunkwan University, ²National Institute of Forest Science, ³Forest Biodiversity Research Division, Korea National Arboretum, ⁴DMZ Forest and Biological Resources Conservation Division, Korea National Arboretum)
- 13:15 - 13:30 O8 A phylogeographic study of *Arabis stelleri* and *A. takesimana* (Brassicaceae) using genome-wide SNP and chloroplast haplotype data
Yun-Gyeong Choi^{1p}, Watanabe Yoichi², Sang-Hun Oh¹,
(¹Daejeon University, ²Chiba University)
- 13:30 - 13:45 O9 A survey of genetic diversity and population structure of *Persicaria amphibia* based on ddRAD sequencing
Geonha Hwang^p, Ui-Chan Jung, Myungju Go, Sang-Tae Kim
(The Catholic University of Korea)
- 13:45 - 14:00 O10 The comparative transcriptome analyses provide novel insights on the wood evolution of woody *Sonchus* (Asteraceae) in the Canary Islands
Ji-Hyeon Jeon^{1p}, Seon-Hee Kim², Myong-Suk Cho¹, and Seung-Chul Kim¹
(¹Sungkyunkwan University, ²Kyoto University)
- 14:00 - 14:15 O11 Comparative chloroplast genome of aquatic plants in *Potamogeton* species and its phylogenomics analysis in Alismatales
KyoungSu Choi^p, Yong Hwang and Jeong-Ki Hong
(Nakdonggang National Institute of Biological Resources)

14:15 - 14:30 O12 Phylogeny of *Carex* (Cyperaceae) based on 82 chloroplast genes

Se-Eun Jung^{1p}, Yanghoon Cho², Tamara Villaverde³, Pedro Jimenez-Mejias⁴, Julian R. Starr⁵, Carmen Benitez-Benitez⁶ and Sangtae Kim¹

(¹Sungshin Women's University, ²Uri Plant Research Institute, ³Universidad de Almeria, ⁴Universidad Autonoma de Madrid, ⁵University of Ottawa, ⁶Universidad Pablo de Olavide)

14:35 - 14:50 우수 구두발표 & 포스터 논문상 시상 및 폐회식

포스터 발표

[[Taxonomy]]

- P01 A cytogenetic study of *Lycoris* in Korea
Jae-Seok Yang^{P1}, Kweon Heo^{C1,2}
¹Department of Applied Plant Science, Kangwon National University;
²Department of Interdisciplinary Program in Smart Agriculture, Kangwon National University
- P02 한반도 사초속 대사초절 식물의 염색체 연구 (사초과)
정경숙^P, 신정호, 김휘, 최민기
중원대학교 의약바이오학과
- P03 Chromosome numbers and genome size variation in the *Barnardia japonica* complex (Asparagaceae)
Hyeonjin Kim^{P1}, Bokyung Choi¹, Hanna Weiss-Schneeweiss², Tae-Soo Jang¹
¹Department of Biological Science, Chungnam National University;
²Department of Botany and Biodiversity Research, University of Vienna
- P04 Systematic implications of micromorphological and cytological characters in Korean *Luzula species* (Juncaceae)
Hye-Joo Byun^P, Tae-Soo Jang
Department of Biological Science, Chungnam National University
- P05 한반도 바늘골속 식물의 분류 (사초과)
이창숙^{1P}, 정경숙^{2P}
¹이화여자대학교 생물교육과; ²중원대학교 의약바이오학과
- P06 국내 화살나무속(*Euonymus* L.) 분류군의 형태학적 특성과 분포
이세령^P, 박범균, 장영종, 이강협, 손동찬
국립수목원 산림생물다양성연구과

- P07 Another gynodioecious plant in Lamiaceae - *Elsholtzia angustifolia* (Loes.) Kitag.
Yun-Chang Jeon^P, Min-Su Jo, Suk-Pyo Hong
Department of Biology, Kyung Hee University
- P08 좀다닥냉이와 털다닥냉이의 분류학적 검토
강은수^P, 이강협, 손동찬
국립수목원 산림생물다양성연구과
- P09 Morphological characteristics and distribution of *Elaeagnus* sect. *Sempervirentes* taxa in Korea
Young-Jong Jang^{P1,2}, Beom Kyun Park¹, Se Ryeong Lee¹, Kang-Hyup Lee¹, Dong Chan Son
¹Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum;
²Department of Biological sciences and Biotechnology, Chonnam National University
- P10 한반도 진범아속(Subgen. *Lycocotnum*, Ranunculaceae) 복합체의 분류학적 재검토
이정심^P, 손동찬, 조용찬
국립수목원 산림생물다양성연구과
- P11 Taxonomic examination of *Deparia* sect. *Lunathyrium* (Koidz.) M. Kato in Korea based on spore morphology
Ryu Seah^P
National Institute of Biological Resources
- P12 한국산 체꽃속(*Scabiosa* L.)의 외부형태학적 연구
최지우^P, 유기억
강원대학교 자연과학대학
- P13 소리쟁이족(마디풀과: Rumicidae - Polygonaceae) 내 분류군의 화분 및 소구상체의 미세형태학적 연구
조민수^P, 전윤창, 홍석표
경희대학교 생물학과

[[Floristic Research]]

- P14 지리산국립공원 내 북방계식물 실비녀골풀의 자생지 현황과 보전전략
소순구^{P1}, 최보경², 김태근¹, 명현호¹, 김정은¹, 김지영¹, 장창석³, 장태수²
¹국립공원공단 국립공원연구원; ²충남대학교 생물학과; ³국립백두대간수목원
- P15 Genome size estimation of 16 Korean *Viola* species
Hyeonji Moon^P, Sangtae Kim
Department of Biology, Sungshin Women's University
- P16 메꽃과 *Ipomoea heptaphylla* Sweet의 보고
강은수^{P1}, 김창욱², 손동찬¹
¹국립수목원 산림생물다양성연구과; ²제주야생화
- P17 한반도 식물 이름의 기준 “국가표준식물목록”
김영수^P, 최경, 김혁진, 손동찬
국립수목원 산림생물다양성연구과
- P18 국가표준식물목록 등재 한반도 특산식물
김영수^P, 손동찬
국립수목원 산림생물다양성연구과
- P19 국내에서 새롭게 발견된 자생 구절초 2배체 집단 보고
문미정^{P1}, 한성경², 김정성¹
¹충북대학교 산림학과; ²국립백두대간수목원 산림생물자원부
- P20 *Asplenium pseudocapillipes* (Aspleniaceae), a new fern species from Korea
Sang Hee Park^{P1}, Jung Sung Kim¹, Hyung Tae Kim²
¹Department of Biological Science, Sangji University;
²Plant Resources Division, National Institute of Biological Resources
- P21 미기록 외래식물 *Egeria densa* Planch. (Hydrocharitaceae)
나혜련^{P1}, 최영민², 조웅래², 현진오¹
¹(주)동북야생물다양성연구소; ²한국파라텍소노미스트회

- P22 *Epilobium parviflorum* Schreb. (Onagraceae)의 국내 분포와 국명 제안
나혜련^{P1}, 이만규², 한병우¹, 현진오¹
¹(주)동북아생물다양성연구소; ²한국교사식물연구회
- P23 New record of an alien plant, *Juncus torreyi* (Juncaceae) in Korea
Jongduk Jung^{P1}, Kyu Song Lee², Jin-Oh Hyun¹
¹Northeastern Asia Biodiversity Institute;
²Department of Biology, Gangneung-Wonju National University
- P24 사철검은재나무(*Symplocos nakaharae* (Hayata) Masam.)의 분류학적 실체
및 국내 분포
최영민¹, 한병우^{P2}, 조웅래¹, 현진오²
¹한국파라텍소노미스트회; ²(주)동북아생물다양성연구소
- P25 한국특산 신변종: 노랑섬나무딸기(*Rubus takesimensis* Nakai var. *flavus*
J. O. Hyun)
강경숙^P, 장병태, 현진오
(주)동북아생물다양성연구소
- P26 미기록 자생식물: 영덕취 *Klaseopsis chinensis* (S. Moore) L. Martins (국화과)
강경숙^{1P}, 이만규², 정종덕¹, 현진오¹
¹(주)동북아생물다양성연구소; ²(사)한국교사식물연구회
- P27 PPG I 양치식물 분류체계에 따른 과 이상 학명의 국명에 대한 제안
이상준^P, 류세아, 현창우, 김민하
국립생물자원관
- P28 계박쥐나물, 한국산 박쥐나물속(국화과) 1신종
권민지^P, 남기흠, 조형준, 김재영, 정선, 정규영
국립안동대학교 산림과학과
- P29 한반도 고산·아고산식물 정의 및 종 목록 체계 마련 연구
명현호^{P1}, 김진석², 김중현², 김진원¹, 강대현¹, 박홍철¹, 소순구³
¹국립공원연구원 기후변화연구센터; ²한반도식물다양성연구소; ³국립공원연구원
연구기획부

- P30 보리알이끼과 보리알이끼속(*Diphyscium*)의 미기록 선택 2종 보고
심선희^{P1}, 김진숙², 김진석², 김원희¹
¹국립생물자원관 생물자원연구부 식물자원과; ²한반도식물다양성연구소
- P31 연화산(강원도 태백시)의 관속식물상
정현진^P, 장주은, 김알렉세이, 김영수, 김지은, 이정심, 이강협, 이세령, 강은수,
길희영, 한상국
국립수목원 산림생물다양성연구과
- P32 보래봉과 회령봉의 식물상
김지은^P, 김영수, 장주은, 정현진, 김알렉세이, 이정심, 한상국
국립수목원 산림생물다양성연구과
- P33 Floristic study of the Freshwater Plants in Taeon
Hwang Yong^{P1}, Jeong-Ki Hong¹, Kyoung-Su Choi¹, Hee-Hyeok Kang²,
Nae-Kyu Park²
¹Plant Research Team, Nakdonggang National Institute of Biological
Resources; ²Chollipo Arboretum, Research Team
- P34 복계산 (철원군·화천군) 일대의 관속식물상
김영수^P, 김지은, 이정심, 장주은, 정현진, 김알렉세이, 한상국
국립수목원 산림생물다양성연구과
- P35 A floristic study of Gyeongju National Park in Korea
Mi-Jung Choi^{P1}, Soonku So², Ju Eun Jang³, Hyeok-Jae Choi⁴
¹Department of variety examination, National Forest Seed & Variety
Center; ²Korea National Park Research Institute, Korea National Park
Service; ³Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum;
⁴Department of Biology & Chemistry, Changwon National University
- P36 어청도(군산시)의 관속식물상과 남방계식물의 분포
박민수^{P1,2}, 장현도³, 나누리², 남보미⁴, 장창기²
¹한국생명공학연구원 해외생물소재센터; ²국립공주대학교 생물교육학과;
³국립수목원 전시교육연구과; ⁴국립호남권생물자원관 식물자원연구부

- P37** Hallasan Mountain, the meeting place of boreal and subtropical bryophytes
Hyun Min Bum^{P1}, Seung Jin Park², Vadim A. Bakalin³, Myung Ok Moon⁴, Seung Se Choi⁵
¹Department of Life Science, Jeonbuk National University; ²Honam National Institute of Biological Resources; ³Botanical Garden-Institute; ⁴Institute of Forestree; ⁵Team of National Ecosystem survey, National Institute of Ecology
- P38** Flora of Mongolia (2016-2022)
Shukherdorj Baasanmunkh^{P1}, Batlai Oyuntsetseg², Tsegmed Zagarjav³, Takashi Shiga⁴, Okihito Yano⁵, Kae Sun Chang⁶, Gyu Young Chung⁷, Hyeok Jae Choi¹
¹Department of Biology & Chemistry, Changwon National University; ²Department of Biology, School of Arts and Science, National University of Mongolia; ³Laboratory of Plant Taxonomy & Phylogenetic, Botanical Garden & Research Institute, Mongolian Academy of Sciences; ⁴Faculty of Education, Niigata University; ⁵Faculty of Biosphere-Geosphere Science, Okayama University of Science; ⁶Korea National Arboretum; ⁷School of Bioresource Science, Andong National University

[[Phylogeny & Genetics]]

- P39** Anagenetic evolution of *Arisaema takesimense* (Araceae) on Ulleung Island, Korea
Ye-Rim Choi^P, Seung-Chul Kim
Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University
- P40** Molecular evidence of the hybrid origin of *Elaeagnus ×maritima* and *E. ×submacrophylla* in Korea
Young-Jong Jang ^{P1,2}, Beom Kyun Park¹, Kang-Hyup Lee¹, Dong Chan Son¹
¹Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum; ²Department of Biological sciences and Biotechnology, Chonnam National University
- P41** Chloroplast DNA and MIG-Seq data insight into the anagenetic evolution of Ulleung Island endemic *Adenophora erecta* (Campanulaceae)
Hyeon Soo Kim^{P12}, Ji-Young Yang³, Myong-Suk Cho¹, Seung-Chul Kim¹
¹Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University;
²Department of Forest Bioresources, National Institute of Forest Science;
³Research Institute for Dok-do and Ulleung-do Island, Kyungpook National University
- P42** Taxonomic revision of Snow Lotus group (*Saussurea*, Asteraceae) in Central Asia and South Siberia
Nudkhuu Nyamgerel^{P1}, Shukherdorj Baasanmunkh¹, Batlai Oyuntsetseg², Gun-Aajav Bayarmaa², Inkyu Park¹, and Hyeok Jae Choi¹
¹Department of Biology and Chemistry, Changwon National University;
²Department of Biology, School of Arts and Science, National University of Mongolia
- P43** Phylogeny and biogeography of the *Daphne* group (Thymelaeaceae)
Su-Chang Yoo^{P1}, Patrik Mráz², Sang-Hun Oh¹
¹Department of Biology, Daejeon University; ²Department of Botany & Herbarium PRC, Charles University

- P44** *MatK* 구간 염기서열 분석을 통한 한국산 마속의 계통유연관계 분석
정대희^{P1}, 김재영², 조형준², 박홍우¹, 문병철³, 정규영²
¹국립산림과학원 산림약용자원연구소; ²안동대학교 산림과학과;
³한국한의학연구원 한약자원센터
- P45** Applying DNA barcodes to identify of Polypodiaceae in Korea
Narae Yun^{P1}, Ja Ram Hong², Chae Eun Lim³, Jina Lim³
¹Division of Botany, Honam National Institute of Biological Resources;
²Division of Life Sciences, Korea University; ³Strategic Planning Division,
National Institute of Biological Resources
- P46** Occurrence patterns of gynodioecious taxa in Lamiaceae
Hye-Kyoung Moon^P
Department of Biology, Kyung Hee University
- P47** 한국산 광의의 끈끈이장구채속(석죽과)의 DNA 바코드 연구
최지은^{P1}, 김원희¹, 오상훈²
¹국립생물자원관 식물자원과; ²대전대학교 생명과학과
- P48** 제주도에서 수집된 제비꽃속(*Viola* L.) 2가지 변이체에 대한 DNA 염기서열 분석
김혜빈^P, 유기역
강원대학교 자연과학대학 생명과학과
- P49** Assessment of Phylogenomic relationships of *Orostachys* (Crassulaceae)
and its related genera using Angiosperms 353
Ha-Rim Lee^{P1}, Kyung-Ah Kim², Halam-Kang¹, Yoo-Jung Park¹, Yoo-Bin
Lee¹, Kyeong-Sik Cheon¹
¹Department of Biological Science, Sangji University; ²Environmental
Research Institute, Kangwon National University
- P50** Analysis of plant biodiversity from soil eDNA of the Nari basin on
Ulleungdo Island
Geun-Mo Park^P, Yun-Gyeong Choi, Sang-Hun Oh
Department of Biological Science, Daejeon University

- P51** First record of the complete chloroplast genome of *Polygonatum infundiflorum* (Asparagaceae), a Korean endemic species
Se Ryeong Lee^P, Young-Ho Ha, Dong Chan Son, Sang-Chul Kim
Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum
- P52** Complete chloroplast genome sequence of *Adenostemma madurense* (Asteraceae)
Ji Eun Kim^P, Sang-Chul Kim, Ju Eun Jang, Hee-Young Gil
Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum
- P53** The new structure of the plastid genome in *Silene takeshimensis* (Caryophyllaceae), endemic to Ulleung Island, Korea
Tae-Hee Kim^P, Ju Eun Jang, Sang-Chul Kim, Young-Ho Ha, Hyuk-Jin Kim
Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum
- P54** Comparative plastome analysis of fleabanes (*Erigeron*: subtribe Conyzinae, Asteraceae) for molecular evolution and species relationships in the Juan Fernandez Archipelago
Seon-Hee Kim¹, JiYoung Yang^{P2}, Myong-Suk Cho³, Tod F. Stuessy⁴, Daniel J. Crawford⁵, Seung-Chul Kim³
¹Department of Botany, Graduate School of Science, Kyoto University;
²Research Institute for Dok-do and Ulleung-do Island, Kyungpook National University; ³Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University; ⁴Department of Evolution, Ecology, and Organismal Biology, The Ohio State University; ⁵Department of Ecology and Evolutionary Biology and the Biodiversity Institute, The University of Kansas
- P55** Complete chloroplast genome of *Adonis mongolica* (Ranunculaceae), a Mongolian endemic species, and comparison with tribe Adonideae
Nudkhuu Nyamgerel^{P1}, Shukherdorj Baasanmunkh¹, Batlai Oyuntsetseg², Gun-Aajav Bayarmaa², Andrey Erst³, Inkyu Park¹, Hyeok Jae Choi¹
¹Department of Biology and Chemistry, Changwon National University;
²Department of Biology, School of Arts and Science, National University of Mongolia; ³Central Siberian Botanical Garden, Siberian Branch of the Russian Academy of Science

- P56** Complete chloroplast genome of *Maesa japonica* (Myrsinaceae)
Beom Kyun Park^P, Young-Jong Jang, Se Ryeong Lee, Young-Soo Kim,
Dong Chan Son
Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum
- P57** Comparative analysis of the chloroplast genome sequence of four
Celastrus species in Korea
Beom Kyun Park^P, Young-Jong Jang, Kang-Hyup Lee, Dong Chan Son
Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum
- P58** Plastome evolution and phylogenomic study of Cucurbitales using the
complete plastome sequence of *Datisca cannabina* L. (Datiscaceae)
Sangjin Jop^{P1}, Na-Rae Yun², Komiljon Sh. Tojibaev³, Ziyoyiddin Yusupov³,
Sangho Choi¹, Jin-Hyub Paik¹
¹International Biological Material Research Center (IBMRC), Korea
Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB); ²Department
of Botany, Honam National Institute of Biological Resources; ³Institute
of Botany, Academy of Sciences
- P59** The complete chloroplast genome of bryophyte, *Porella gracillima*
(Porellaceae)
Jae Kyeong Lee^P, Min-Ju Park, Seung Jin Park, Iseon Kim, and Jong-Soo
Park
Division of Botany, Honam National Institute of Biological Resources
- P60** The complete chloroplast genome of *Albizia kalkora* (Roxb.) Prain in
Korea
Jong-Soo Park^P, Youngsung Kim, Iseon Kim, and Changkyun Kim
Division of Botany, Honam National Institute of Biological Resources
- P61** Identification of phylogenetic relationship and difference of simple
sequence repeats in chloroplast genome sequence between confederate
rose (*Hibiscus mutabilis*) and Scarlet rose mallow (*H. coccineus*)
Soon-Ho Kwon^P, Hae-Yun Kwon, Hanna Shin
Department of Forest Bio-Resources, National Institute of Forest Science

- P62** Preliminary chloroplast phylogenomic inference of *Saussurea* (Asteraceae) in Korea: an initial step towards building *Saussurea* phylogeny in East Asia
Ui-Chan Jung^P, Ji-Hyeon Jeon, Seung-Chul Kim
Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University
- P63** The two complete chloroplast genome of *Senecio nemorensis* L. (Asteraceae) isolated in Korean islands
Iseon Kim^P, Changkyun Kim, Min-Ju Park, Seahee Han, Yongsung Kim
Division of Botany, Honam National Institute of Biological Resources
- P64** 콩제비꽃 엽록체 유전체 분석과 제비꽃속내 계통분류학적 의의
박진희^{P1}, 이이², 김의주³, 유영한³, 이민지⁴, 이정호⁴
¹국립낙동강생물자원관, 식물연구팀; ²충북대학교, 특용식물학과; ³공주대학교, 생명과학과; ⁴녹색식물연구소
- P65** Molecular identification of two Korean endemic species, *Heloniopsis koreana* and *H. tubiflora*, based on plastid genome sequences
Hye One Kim^P, Joonhyung Jung, Shayan Jamshed, and Joo-Hwan Kim
Department of Life Science, Gachon University
- P66** A phylogenomic study of Iridaceae Juss. based on complete plastid genome sequences
Kashish Kamra^P, Joonhyung Jung, Joo-Hwan Kim
Department of Life Science, Gachon University
- P67** Phylogenomic Analyses of *Hepatica* Mill. and Comparative Analyses within Ranunculaceae
Kyu Tae Park^P, Seonjoo Park
Department of Life Sciences, Yeungnam University
- P68** Genetic diversity and structure of two limestone endemic *Saussurea* species (*S. calcicola* and *S. chabyoungsanica*) in Korea
Seona Yun^{1,2}, Seung-Chul Kim^{P1}
¹Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University;
²Department of Environmental Biology, State University of New York (SUNY) College of Environmental Science and Forestry

- P69** Genotyping-by-sequencing을 이용한 섬현호색(양귀비과: 현호색아과)의 집단유전학적 분석
전지현^{P1}, 김혜빈^{1,2}, 조명숙¹, 길희영³, 양지영⁴, 김선희⁵, 김현수^{1,6}, 최예림¹, 김승철¹
¹성균관대학교 생명과학과; ²코스맥스비티아이(주) R&I Center; ³국립수목원 산림생물다양성연구과; ⁴경북대학교 울릉도·독도 연구소; ⁵Department of Botany, Graduate School of Science, Kyoto University; ⁶국립산림과학원 산림생명정보연구과
- P70** Population genomic analysis of *Forsythia ovata* based on genotyping-by-sequencing
Yoo-Bin Lee^P, Halam-Kang, Yoo-Jung Park, Ha-Rim Lee, Kyeong-Sik Cheon
Department of Biological Science, Sangji University
- P71** GBS를 활용한 연잎평의다리 및 꼭지연잎평의다리 집단유전학 연구
정의권^{P1}, 이정훈², Homervergel Ong², 김보윤³, 신재서¹, 강민재¹, 강대현⁴, 김영동¹
¹한림대학교 자연과학대학 생명과학과; ²한림대학교 융복합유전체연구소; ³국립생물자원관 식물자원과; ⁴국립공원연구원 기후변화연구센터

초청강연 및 특별강연

IO1

변동하는 환경의 부분적 노출로 인한
집단 크기와 유전적 조성의 상호의존적 변화
Eco-Evolutionary dynamics under
the partial protection from fluctuating environment

김유섭

이화여자대학교 에코과학부

집단유전학의 고전적 이론은 환경이 주기적으로 또는 무작위적으로 변동할 때 집단 크기의 변동을 줄여주는 방향으로 자연선택이 작용한다고 알려준다. 또한 집단의 일부분이 변동하는 환경의 선택압력으로부터 벗어나게 되면 개체들이 가지는 적합도의 분산이 감소하게 되고, 이는 집단 전체의 생존 확률을 높인다는 사실이 알려져 있다. 집단의 크기와 유전적 조성이 함께 변화하는 모형을 만들고 수학적으로 분석한 본 연구는 변동하는 선택압에서 벗어난 '피난처', 예를 들어 발아 시기가 무작위적인 땅 속의 씨앗이 존재할 경우 집단의 크기를 더 크게 요동치게 하는 변이가 자연선택에 의해 선호될 수 있음을 발견하였다. 또한 집단 크기를 결정하는 환경수용력이 시간에 따라 변동을 겪을 때 같은 주기와 방향으로 개체의 적합도를 변화시키는 돌연변이의 빈도가 상승한다는 것을 발견하였다. 이때 집단 크기의 변동 폭과 적합도 변동 폭의 상대적인 값에 따라 돌연변이가 집단에 고정될 수도 있고 빈도의 요동이 오래 유지되는 다형성이 나타날 수도 있다. 후자의 경우 지금까지 알려지지 않은 새로운 균형선택의 기작이라고 할 수 있다. 이러한 결과는 생태학적 변동과 집단유전학적 변동이 함께 일어날 때 그 중 한 쪽을 단순화하여 모델링을 수행하면 집단의 중요한 진화 과정을 근본적으로 파악할 수 없게 됨을 알려준다.

IO2

Speciation and evolutionary history of selective marine and freshwater mollusks in the Korean Peninsula

Ui Wook Hwang

Department of Biology Education, Kyungpook National University, Daegu, Korea

Mollusks are one of the most spacious animal phyla which have been used in a variety of purposes such as major food source, pearl production, and scavenger role etc. Despite their importance, only a few taxonomists and evolutionists have researched with this taxon in South Korea. In this talk, my recent research results will be presented with respect to molecular phylogenetic relationships, population genetic structures and speciation, and demographic history of marine and freshwater mollusks inhabiting the Korean Peninsula and coastal areas. Totally, I will deal with eight molluscan species including five marine, one brackish, and two freshwater species. In the marine species, there are included three chitons *Liolophura japonica*, *L. koreana*, and *L. sinensis* (Class Polyplacophora) and two nerites *Nerita albicilla* and *N. originalis* (Class Gastropoda). *Ellobium chinense* is a brackish land snail. *Nodularia douglasiae* and *N. breviconcha* are freshwater mussels (Class Bivalvia). Based on their *COI* sequences, various analyses were performed to elucidate and discuss their speciation with cryptic species, migration and expansion history, distributional patterns, divergence time, and ancestral area search. It is expected that such works will be helpful for species conservation as well as evolutionary history elucidation of Korean mollusks.

S1

국립생물자원관 표본 관리 현황

김민하

국립생물자원관, 인천

국립생물자원관은 환경부 소속 생물다양성 연구 중심기관으로 2007년 개관이후 현재까지 다양한 생물표본 320만여점(식물 84.4만점, 동물 183.1만점, 미생물 27.2만점, DNA 등 생물소재 25.3만점)을 확보하여 관리하고 있다. 매년 약 6~9만점의 표본이 새롭게 확보되고 있으며 이런 표본들은 현재 및 미래세대가 생물을 식별하고 생물다양성을 연구하며 보존 및 지속가능한 개발 지원 등 다양한 분야에 활용될 수 있도록 안전하게 보관되고 있다. 생물표본은 한번 소실되면 복구가 불가능한 중요한 자연유산으로 화재 등 재난상황에 미리 대비하고 지역 연구자의 생물다양성 연구를 활성화하기 위해 지난 '22년 6월에 3개 생물자원관이 생물표본 1만점 분산을 진행하는 등 생물자원관간 협력체계도 강화하고 있다. 식물표본수장고를 포함한 19개의 수장고에는 일반표본과 1,453종 3,613점의 기준표본이 별도 보관되어 있으며 관속식물은 2012년부터 2021년까지 외부 연구자들의 기증을 통해 우리나라 자생식물 47종 103점을 포함한 84종의 기준표본 216점을 보유하고 있다. 생물자원관 소장 표본은 매년 분류학 및 진화 연구, 생태학 등 다양한 연구를 위한 47,998점의 표본 대여와 방문 연구가 이루어지고 있다. 국립생물자원관은 아직 공개되지 않는 방대한 양의 표본 정보를 보유하고 있으며 앞으로 표본을 디지털화하고 정보를 온라인에서 누구나 어디서든 자유롭게 사용할 수 있도록 표본 관리 및 정보 공개를 적극적으로 추진할 예정이다.

S2

국립수목원 DMZ자생식물원의 식물다양성 보전

장계선

국립수목원 DMZ자생식물원, 강원도 양구군

산림청 국립수목원은 2016년 DMZ와 접경지역, 북한의 식물다양성 조사와 보전, 그리고 한반도 북방계 식물의 보전을 위해 2016년 강원도 양구군 해안면 편치불에 DMZ 자생식물원을 개원했다. DMZ 자생식물원은 2014년부터 DMZ 내부 철책을 동에서 서로 4회 이상 왕복하며 철책 주변의 식물상을 조사하고, 2018년부터는 접경지역 150개 산지 중 식물상 조사 기록이 없는 산지 69개소에 대한 식물상 조사를 완료했다. 또한 산림청 산림생태조사단에 합류해 DMZ 내부 GP를 중심으로 식물상 조사를 지속적으로 수행하고 있다. 그 결과, 2021년 문헌 자료와 식물상 조사 결과, 소장 표본 정보 등을 종합하여 보다 정확한 DMZ 일대 분포식물 의 기준을 제시하였다. 이는 생물다양성협약(CBD)의 새로운 생물다양성계획(GBF)에서 강조하는 생태복원과 보호구역 지정을 위한 필수적인 자료라 할 수 있다. DMZ 일원은 특히 군사시설과 작전 수행, 접경지역의 급속한 도시화와 개간, 농사 형태의 발전 등으로 지속적인 산림훼손이 일어나는 지역이다. 이에 DMZ 자생식물원은 육군본부와의 협력을 통해 군작전에 의한 불모지의 복원과 참조식생 연구를 통한 복원식생 모델 개발 연구를 수행하고 있다. 또한 산림 생태복원을 위해 핵심이라 할 수 있는 복원소재로서의 자생식물 공급을 위하여 수입 식물 소재에 대한 대체식물 발굴과 유전적다양성을 고려한 자생식물 종자의 생산과 공급을 위한 연구를 수행하고 있다. DMZ 자생식물원에서는 산림청 산림유전자원보호구역을 중심으로 현지내 보전 및 산림생태계 보전을 위한 보호지역 지정, 관리 및 확대에 대한 연구를 수행하고 있다. 특히 최근 기후변화에 따른 보호지역의 위험성과 상보적인 보호지역의 발굴, 풍혈지와 습원 등 특이 생육지역의 보전에 중점을 두고 있다. DMZ자생식물원은 한반도의 중심이면서 남한의 가장 북단에 위치한 식물원으로서 지구식물보전전략(GSPC) 이행을 통한 한반도 식물의 온전한 보전을 위하여 지속적으로 노력할 것이다.

S3

A systematic study of the genus *Ligularia* (Asteraceae) in East AsiaMin-su Park^{1,2}, Nu-ree Na², Chang-gee Jang^{2*}

¹International Biological Material Research Center, Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology, Daejeon 34141, Republic of Korea; ²Department of Biology Education, Kongju National University, Kongju 32588, Republic of Korea.

This study is intended not only to establish the local flora of Dokdo but also to conduct complete chloroplast genome analysis, plant genealogical analysis and the population genetic analysis, in order to identify the phylogeographic characteristics and relationships of *R. japonicus* Houtt in Dokdo. In the results of collecting 41 times of research from 2005 to 2020, it is identified that Dokdo has total 64 taxa of vascular plants. In the analysis of complete chloroplast genome, the length of Dokdo *R. japonicus* Houtt is total 159,223bp, and it contains total 131 genes including 86 CDS, 37 tRNA and 8 rRNA. Plants of subg. *Rumex* in other 9 taxa also have similar lengths and structures. Through mVISTA and sliding window analysis, three non-coding regions are selected as hotspot regions for phylogenetic research and population genetic research. In the results of analyzing chloroplast DNA of 325 individuals of subg. *Rumex* from 51 populations of 9 taxa, total 2,386bp of sequences is decided. Based on the decided base sequences, and results of TCS network analysis, 7 haplotypes are decided. The results of analysis show that the chloroplast DNA of subg. *Rumex* has rather low differentiation. The *R. japonicus* Houtt. in Dokdo, shows one haplotype (Ha-3) and is completely separated from other groups. This indicates that the differentiation might have occurred through independent evolution after it entered Dokdo from the mainland.

일반회원 발표

G1

식물은 다가가는 만큼 보여준다-새로운 식물을 발견하기까지 30년의 시간

남명자

유년의 시절 놀이터였던 산과 들의 식물에 관심을 두면서부터 새로운 식물을 찾아내기 까지 30년의 시간, 식물은 나에게 또 다른 삶의 충전제요 즐거움이었다. 결코 짧지 않은 시간의 식물탐사 기간에 발견한 몇 종의 신분류군과 미기록 식물을 발견하기까지의 이야기와 대상 식물에 대하여 소개하고자 한다.

2022년 신분류군으로 발표한 다도해산들깨 *Mosla dadoensis* K.K.Jeong, M.J.Nam & H.J.Choi 는 2021년 금오도와 보길도에서 마주하게 되어 연구하게 된 종이다. 가는잎산들깨(*M. chinensis*)와 형태적으로 가장 유사하지만, 줄기에 백색의 굵은 털 또는 백색 용모와 혼합된 두 가지 유형의 털, 좁은 피침형에서 피침상-난형인 보다 넓은 잎, 길이 8-9mm의 보다 긴 화관, 제가 더 돌출된 좁은 U자 형의 탈리 흔적이 있는 타원형 종자 형태로 쉽게 구별된다. 여수, 고흥, 진도, 완도, 남해 등, 한국 남해안 도서지역의 고유종으로, 해안 근처 해발 8-500m 정도의 개방된 암석지역에 자생한다.

2021년 신분류군으로 발표한 함백취 *Saussurea albifolia* M. J. Nam & H. T. Im 는 2019년 함백산에서 만나오던 취나물속 종에 의문을 품고 연구하게 된 종이다. *Saussurea albifolia*는 백두대간 지역의 고산 또는 아고산 환경에 적응한 결과 한반도에 협소하게 제한된 새로운 고유종이다. 총포에는 갈색 거미줄 같은 털이 있고, 짙은 자줏빛이 돈다. 잎 앞뒷면에 흰털이 있고 개화기까지 근생엽이 남아 있어서 백운취, 분취, 은분취와 형태적으로 유사하며 변이의 폭도 넓다. 태백산, 청옥산, 함백산, 소백산, 신선봉에서 자생하고 있는 것이 확인되었다.

2022년 미기록 침입외래식물로 발표한 사막갯 *Brassica tournefortii* Gouan 은 2018년 군산항 주변 도로변에서 발견하였다. 긴갯냉이와 흡사하지만 꽃과 열매, 잎에서 차이가 있다는 점을 관찰하여 연구하게 되었다, 후에 고창과 제주에서도 자라고 있음을 확인하게 되었다. 화서에 포가 없고, 종자는 구형이며, 기부엽은 국내 Brassica 식물들과 달리 열편이 깊게 갈라지고, 강모가 있다. 줄기가 기부와 말단에서 분지되고, 기부에 강모가 밀생하며, 종자는 수분이 공급되었을 때, 점성을 가진다는 점에서 구분이 된다.

2022년 미기록식물로 보고한 어수리아재비 *Tordylium maximum* 역시 2020년 군산항 주변에서 발견한 것으로 남유럽, 중남부 유럽, 서남아시아가 원산지이며 북유럽에서는 희귀한 외래식물이다.

2021년 보고한 미기록식물 해란초아재비 *Kickxia elatine* (L.) Dumort. 는 2018년 환경부 산하 기관의 과제를 수행하다가 영천의 고속도로 법사면에서 발견한 식물이다. 꽃의 형태가 해란초를 닮은 질경이과 금어초족으로 해란초아재비속으로 신칭하였다. 금어초족의 근연속과 비교하면 뿌리를 내리지 않고 땅 위를 뻗는 줄기가 있고 잎은 표면에 선모와 다세포 털이 혼재하는 극형 또는 화살촉 모양의 형태적인 특징으로 구분된다.

2021년에 보고한 병풀아재비 *Bowlesia incana* Ruiz & Pav. 는 2016년 울산 울주군에서 발견하였다. 남미 페루지역이 원산으로 남미 전역과 미국의 남부지역에 분포하고 있으며, 최근에 파키스탄 서부와 뉴질랜드에서도 발견된 것으로 알려진 바 있다. 우리 나라에 분포하는 병풀속은 병풀(*Centella asiatica* (L.) Urb.) 1종이 유일하며 전초가 무모이고 엽신은 신원형이며 7-8월에 개화한다. 반면, 본 종은 전초에 성상모가 밀생하고 엽신은 장상으로 뚜렷하게 갈라지며 이른 봄인 3-4월에 개화한다. 국명은 병풀과 유사하게 보이는 특징을 감안하여 종명은 '병풀아재비', 속명은 '병풀아재비속'으로 신칭하였다.

G2

마이크로 세계로 보는 난초과의 column과 화분과

서화정

대전대학교 자연과학대학 식물학

Asparagales (아스파라거스목)의 14개 과 중 기저 마디에 있는 분기군으로 Orchidaceae (난초과)는 5개 아과(Apostasioideae, Vanilloideae, Cyripedioideae, Orchidoideae, Epidendroideae)로 구분하는데 초기 연구는 형태학적 연구를 토대로 수술의 형태에 기초하여 세 과로 인식을 했으나, 분자계통학적 발달로 인한 nuclear and plastid DNA sequence data를 기반으로 5개 아과 사이의 계통발생학적 관계를 밝히고 광범위하게 정의된 난초과를 나타낸다. 난초과의 특징은 수술군(androecium)과 암술군(gynoecium)의 융합으로 다른 과에서는 없는 특이한 구조를 가지고 있으며 3개에서 하나의 수술로 감소되는 것은 난초과의 진화 과정에서 적어도 두 번 발생했다고 한다. 또한 난초과의 수술은 화분 알갱이가 뭉치거나 융합된 특이한 형태로서 다른 분류군에서는 보기 힘든 형태이다. 난초과 꽃의 특징을 이해하고 난초과의 특징인 암술군과 수술군이 융합된 column과 수술의 형태를 눈으로 잘 보이지 않는 부분을 실체현미경을 통하여 관찰된 사진들로 우리나라에 자생하는 난초과 4개 아과의 형태학적 관찰 및 분류군에 대한 이해를 안내한다.

G3

<생태와 예술-강한 식물성> 허윤희 작가의 예술에 대하여

허윤희

저는 독일 유학 시절 1999년부터 2002년까지 매 해 여름, 남프랑스 가스코뉴 지방에 있는 아카데미 갈랑의 <생태예술프로젝트>에 참여하였습니다. 자연 안에서 소박하게 살면서 예술 정원을 만들고 집을 지었습니다. 한국으로 돌아와 2008년부터 집 근처를 산책하고 매일 나뭇잎 하나를 주워 와서 똑같이 그리고 단상을 쓰는 <나뭇잎 일기> 작업을 하였고, 수 차례 전시하였습니다. 이 작업을 모아 2018년 동명의 책으로 출간하였습니다. 최근에는 무자비한 개발과 기후변화로 사라지는 우리나라 멸종위기식물을 조사하여 그리고 있고, 기후온난화로 사라져 가는 북극 빙하에 대한 위기감을 <빙하가 녹고 있다>라는 대형 벽화 드로잉, 퍼포먼스를 통해 발표하고 있습니다. 삶을 돌아보며 자연과 인간의 관계에 대해 사유하고 예술로 표현하고자 합니다.

G4

Mankyua chejuense in Sepafuturism

정혜주

한국파라텍소노미스트회, 동아공업고등학교, 부산

프로젝트 팀 펠이 그리는 미래는 어떤 모습인가? 프로젝트 팀 펠은 Science Fiction 세계관인 ‘Sepafuturism’을 설계하고 다양한 융복합 예술 프로젝트를 전개하는 다원예술 그룹이다. 2022년 메타버스 어플리케이션 <PEARY ON>을 개발하고 연계 오프라인 전시 <당신의 현재 위치 - The Door>를 진행하였다. Sepafuturism은 분리를 뜻하는 ‘Separation’ 과 미래주의를 뜻하는 ‘Futurism’의 합성어로, 프로젝트 팀 펠이 그리는 분리되고 단절된 미래다. 그러나 그 속에는 오히려 인식의 경계에서 혼재된 오브제가 등장한다. 전시 <당신의 현재 위치 - The Door>에서는 분류의 경계에 위치한 ‘*Mankyua chejuense* (제주고사리삼)’를 끌어온다. *Mankyua chejuense*는 발견 당시 *Ophioglossum* 속과 *Botrychium* 속, *Helminthostachys* 속 중 어느 분류에도 속하지 못해 우리나라 고유속의 유일한 생물종으로 존재하게 되었다. 그러나 한정된 자생지와 낮은 유전적 다양성으로 현재 *Mankyua chejuense*는 멸종 위기 특산 식물이다. 이 식물이 멸종된다면 결국 경계는 더욱 강화될 것이다. 또한 *Mankyua chejuense*는 3D Printing 기술과 Z Brush, Unity 게임 엔진을 활용해 온 오프라인 전시에서 실재와 가상 사이, 생물과 무생물 사이에 존재한다. 이처럼 경계에서 위태롭게 서 있는 *Mankyua chejuense*로 프로젝트 팀 펠은 인식의 분절성에 관해 의문을 던진다. 본 발표는 Sepafuturism 속 *Mankyua chejuense*의 의미와 현대 미술로서 관객이 향유할 수 있는 경험 가치에 관한 내용이며 생명과학과 미술의 융합으로 멸종 위기 특산 식물을 조명하는 새로운 전시 방법을 제시한다.

구두 발표

01

New Record of *Yucca smalliana* Fernald Fruit and Seeds in Korea

Ki Yull Yu

Former Korea International Cooperation Agency(KOICA)/College of Agriculture, Animal Sciences and Veterinary Medicine(CAVM), Rwanda University, Musanze, Rwanda

The study was conducted to see whether *Yucca smalliana* Fernald bears fruits in Korea from October 2001 to December 2022. As a result, one fruit of *Y. smalliana* was found for the first time on the bank of Yukrim Lake in Gwangneung Forest on July 27, 2010. This is very meaningful as it has never recorded so far in Korea's natural ecosystem without occurrence of yucca moths. The fruit was a capsule, which ripened around mid-August and split into 3 pieces. The shape is similar to a round oblong or obovate, and there are 6 vertical grooves on the pericarp. The color is green before ripening and dark gray when ripe. The size of the fresh one is 4.0cm long and 2.0cm in diameter. The dry one is not glossy and floats on water. There were 233 seeds in the fruit. The seed's shape is a flat round oblate or semicircular with a narrow bottom and one side close to a straight line. The size is 6~9mm in length (height), 4~6mm in width, and 0.2~0.4mm in thickness. It is black and has no luster. The finding of *Y. smalliana* fruit in Korea hints that *Y. smalliana* may be pollinated by other mediators than yucca moths contrary to what is commonly known. Therefore, it is hoped that the presence of *Y. smalliana* pollinators other than yucca moth and the distribution of yucca moth in Korea will be systematically studied in the future.

Keywords: *Yucca smalliana* Fernald's pollination, fruit and seed, yucca moth, Korea Gwangneung forest, alien plant

O2

Taxonomic status of *Luzula plumosa* complex in Korea based on morphology and cpDNA sequences

Sung-Min Kim^{p1}, Chang-Shook Lee²

¹Department of Biotechnology, Sungshin Women's University, ²Department of Science Education, Ewha Womans University, Seoul, Korea.

Luzula plumosa (Korean name Odaesansaebab) have been dealt with the endemic species, *L. odaesanensis* Y. N. Lee & Y. Chae ex M. Kim. However, it was recently known as *L. plumosa* growing in China, Japan, India, and Nepal etc. On the other hand, *L. plumosa* was coordinated by J. Kirschner (2001) as three intraspecific ranks, three subspecies. They are subsp. *plumosa*, subsp. *dilatata* and subsp. *reflexa*, which are based on morphology, basal leaf width, stolon length, inflorescence branching, etc. The observations were made from the samples in the fieldwork and the specimens in other institutions, which were compared with the type specimens. The morphological analysis suggests the presence of three intraspecific ranks, three subspecies, subsp. *plumosa*, subsp. *dilatata* and subsp. *reflexa*. The taxonomic status of *L. plumosa* in Korea was reappraised by analyzing three taxa of *Luzula*, subgenus *Pterodes* with three outgroup taxa of *Luzula* in South Korea. They were examined for their morphology and the cpDNA (*rbcL* and *trnH - psbA*). The results of morphological analysis were different from the cpDNA sequences analysis. The cpDNA phylogenetic analysis had the same ribotype as from three taxa, these subspecies of *L. plumosa* could not be distinguished. However, the clade of all *L. plumosa* was separated from *L. pilosa* in Canada, which has a distinct ribotype and forms a sister group. Based on the morphological data and the cpDNA analysis, the taxonomic status of *L. plumosa* is suggested to be treated as *L. plumosa* subsp. *dilatata*. Moreover, the local name Byelkkwong-uibab known as *L. plumosa*, was nested to *L. rufescens* var. *macrocarpa*.

O3

Seed morphology & anatomy of the Korean endemic genera

Se-Moon Ahn^{p1}, Kweon Heo^{c1,2}

¹Department of Interdisciplinary Program in Smart Agriculture, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University, Chucheon 24341, Korea; ²Department of Applied Plant science, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea

The category of Korean endemic genus has been recognized as six or seven genera according to plant taxonomists. Recently, it was reported that *Pentactina rupicola* should be excluded from the endemic genus and *Peucedanum insolens* was newly established as the Korean endemic genus, *Sillaphyton*, on the basis of the evidences of mericarp and molecular data. In present study, however, the basic information of ovule and seed characteristics were investigated for five angiosperms except for *Mankyua*, a pteridophyte among endemic genera in Korean peninsula by before 2017 category. As results, *Abeliophyllum* was an unitegmic ovule, slightly convex shaped seed surface, and exotestal seed coat type. The ovule of *Coreanomecon* was bitegmic, distinct echinate seed surface, and exotestal seed coat type with crystals in the mesotesta. The ovule of *Hanabusaya* was an unitegmic, cuboidal ridges with lumen seed surface, and distinct exotestal seed coat type. A wing developed on ventral side of the seed. *Megaleranthis* was bitegmic ovule, a small pentagonal disk shaped seed surface, and exotestal seed coat type. Finally, *Pentactina* was also an unitegmic ovule, reticulated seed surface, and endotestal seed coat type. These data will be provide good information for the era of intellectual property rights wars on seed genetic resources in the future.

Reproductive structures of *Menyanthes trifoliata* L.

Hye-Rin Kim^{P1}, Kweon Heo^{C1,2}

¹Department of Applied Plant Science, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea; ²Department of Interdisciplinary Program in Smart Agriculture, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea

Menyanthes trifoliata L. is an endangered plant of Korea. It is distributed in northern hemisphere both East Asia and Europe. It is also monotypic species belonging to Menyanthaceae. We investigated the reproductive structures of *M. trifoliata* in order to compare with other genera of family. Flowers were collected from three habitats, dehydrated into ethanol series, and embedded in resin. The resin block was sectioned to 5 μm to make a permanent slides and observed with microscope. The anther was tetrasporangiate. Anther wall formation conforms to the dicotyledonous type. This is first report in Menyanthaceae. The tapetum was glandular, and cytokinesis of microspore mother cell was successive type. Pollen grains have two-celled at the time of shedding. The ovule was anatropous, unitegmic, and tenuinucellate. The innermost layer of integument developed into an endothelium of one layer, which is a unique common character to other species of the Menyanthaceae. The formation of embryo sac was Polygonum type. The pathway of the pollen tube was porogamous. Also, endosperm formation was cellular type. The seed coat type was exotestal. As a result, *M. trifoliata* does not have autapomorphies in the reproductive structures, and most of the embryological

O5

A taxonomic update of the genus *Peucedanum* in Korea

Jun-Ho Song

Laboratory of Plant Systematics, Department of Biology, Chungbuk National University,
Cheongju 28644, Republic of Korea

An update of the genus *Peucedanum* L. (Apiaceae) distributed in Korea is presented based on recent publications. The genus *Peucedanum* has been recognized by seven species in the Flora of Korea. According to recent studies, three additional endemic species are found within south Korea: *P. chujaense* K.Kim, S.H.Oh, C.S.Kim & C.W.Park, *P. miroense* K.Kim, H.J.Suh & J.H.Song, and *P. tongkangense* K.Kim, H.J.Suh & J.H.Song. Thus, the current estimate of the total diversity of *Peucedanum* in Korea is ten species. Illustrations, photographs, geographical distribution, and phenology of the additional three endemic species are presented. They are clearly distinguished from the other species of *Peucedanum* by having a whole different number of vittae and mericarp surface. Among these endemic species, floral micromorphological, palynological, and carpological characteristics of the rare endemic *P. miroense* are also provided. Moreover, ongoing research such as leaf micromorphological, chloroplast genomic, and phytochemical data are briefly presented.

†This research was supported by National Research Foundation of Korea (NRF) funded by the Korea government (NRF-2020R1A2C1100147).

미토콘드리아 유전체 기반 콩아과 식물의 분자계통학 연구

최인수

생명시스템과학과, 한남대학교, 대전광역시

콩과(Fabaceae)는 피자식물(angiosperm)에서 세 번째로 큰 과로 6개의 아과에 속하는 약 22,000종을 포함한다. 콩아과(Papilionoideae)는 501속 14,000종을 포함하며 콩과에서 가장 큰 아과이다. 그동안 콩아과의 분자계통학 연구에서는 식물이 가지고 있는 세 가지 유전체 중 핵 및 색소체 유전체에 기반한 분석이 주류를 이뤄왔다. 식물에서 미토콘드리아 유전체 정보는 염기서열 치환속도가 느려 다른 유전체들보다 더 깊은 계통학적 유연관계를 밝히는 데 특징점을 가지고 있으나, 아직 이들을 이용한 연구는 미흡한 상황이다. 본 연구는 콩아과 전반을 아우르는 미토콘드리아 유전체들을 구성하여 기존에 명확하게 해결되지 않은 아과내 계통유연관계를 분명히 하고 유전체 간 계통학적 불일치 현상에 대한 좀 더 발전된 이해를 제시하고자 하였다. 콩아과 및 근연아과에서 88분류군을 수집하였으며, 이들의 미토콘드리아 유전체 염기서열을 결정하였다. 새롭게 구성된 미토콘드리아 유전체들의 크기는 270,478 ~ 785,727bp로 나타났다. 기존에 분석된 미토콘드리아 유전체를 포함하는 121분류군의 염기서열 데이터 세트를 작성하였으며, maximum-likelihood 방법을 이용해 계통 분석하였다. 그 결과, 기존에 불분명하였던 몇몇 분류군의 계통학적 위치가 명확하게 해결되었다. 또한, 다수의 핵-세포소기관 유전체 간 및 색소체-미토콘드리아 유전체 간 계통학적 불일치들을 확인하였다. 이러한 현상은 콩아과 계통발생 역사에서 이종 교잡과 더불어 일어난 세포질적 유전자 흐름 및 색소체 유전체의 유전양상 변환과 관련 있는 것으로 추론된다.

07

Genotyping-by-sequencing (GBS) reveals population genetic diversity and differentiation of northern Korean endemic plant, *Berberis koreana* (Berberidaceae)

Myong-Suk Cho^{1,p}, Hyeon Soo Kim², Ye-Rim Choi¹, Hee-Young Gil³, Kae Sun Chang⁴,
Seung-Chul Kim¹

¹Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University; ²Department of Forest Bioresources, National Institute of Forest Science; ³Forest Biodiversity Research Division, Korea National Arboretum; ⁴DMZ Forest and Biological Resources Conservation Division, Korea National Arboretum

Berberis koreana is a Korean endemic species occurring in northern areas of Korean Peninsula. Morphologically, it resembles more widely distributed *Berberis amurensis* in Russia, China, Japan and Korea at higher elevations, but can be distinguished from the latter by shorter spines, coarsely dentate leaf margins and rounded fruits. Previous phylogenies suggested that *B. koreana* was most closely related with *B. fendleri* in North America instead of sympatric and morphologically similar *B. amurensis*. Although *B. koreana* was confirmed as a distinct Korean endemic species genetically as well as morphologically, the genetic diversity in its populations has never been examined as yet. In this study, we used population genetic and phylogenetic approaches to investigate the genetic diversity, differentiation and structure of 13 populations of *B. koreana* using GBS-derived genome-wide SNPs. A total of 8,253 SNPs indicated moderate level of population differentiation with 61.5% of the variations existing within populations and 38.5%, among populations. Overall genetic diversity was relatively low, displaying the highest genetic diversity in Cheorwon population and the lowest, in Seoul. The ML tree revealed geographic structure, dividing all the populations into three groups; i.e., western group including Paju, Yeoncheon, Pocheon, and western Cheorwon populations, eastern group including eastern Cheorwon and Hwacheon populations, and central group including central Cheorwon and Seoul populations. The results of this study on the population genetic diversity and differentiation can be utilized for the management and conservation of northern Korean endemic *B. koreana*.

This work was supported by Korea National Arboretum (KNA) [No. KNA1-2-34, 18-5].

A phylogeographic study of *Arabis stelleri* and *A. takesimana* (Brassicaceae) using genome-wide SNP and chloroplast haplotype data

Yun-Gyeong Choi^{1p}, Watanabe Yoichi², Sang-Hun Oh¹

¹Department of Biology, Daejeon University, Daejeon, Korea; ²Graduate School of Horticulture, Chiba University, 648 Matsudo, Matsudo, Chiba 271-8510, Japan

The Ulleungdo/Dokdo Islands, with about 40 endemic species, present excellent cases to study the evolution of plants. The endemic species evolved from the ancestral immigrant population of progenitors, an evolutionary process often referred to as anagenetic speciation. *Arabis takesimana*, one of the species endemic to Ulleungdo Island, provides an exceptional case in which both derivative and its progenitor species occur together on the island. While *A. takesimana* is distributed in deciduous forests of the island, its progenitor, *A. stelleri* grows on rocky crevices and sandy soils at the seashore. To understand the patterns of evolution of *A. takesimana* we investigated the phylogenetic relationships of the species and its closely related species, including *A. stelleri*, *A. erecta* and *A. hirsuta* based on genome-wide SNP data and chloroplast DNA sequences. A total of 83,852 SNP loci were obtained from Genotyping-by-sequencing (GBS) analysis for 96 individuals from 20 populations. Sixteen haplotypes were produced based on four chloroplast DNA regions (*atpB-rbcL*, *matK*, *ndhC-trnV*, and *ycf1*) for 196 individuals from 40 populations. Results of phylogenetic and network analyses indicate that the *Arabis* individuals may be grouped by distinct phylogeographical regions, not by species boundaries. These include (1) the northern region of the East Sea Rim (ESR) including the Ulleungdo/Dokdo Islands, (2) the southern region of ESR, (3) the southern region of the Korean peninsula, Jeju Island and Kyushu of Japan, and (4) the interior region of the Korean peninsula. Our data suggest that *A. takesimana* is differentiated as a species endemic to Ulleungdo followed by genetic introgression from *A. stelleri* immigrated to the island secondarily. This study shows that combining genome-wide SNP and chloroplast haplotype data provides powerful tools to resolve phylogeographic patterns in recently evolved, closely related species.

09

**A survey of genetic diversity and population structure of
Persicaria amphibia based on ddRAD sequencing**

Geonha Hwang^P, Ui-Chan Jung, Myungju Go, Sang-Tae Kim

Department of Medical & Biological Sciences, The Catholic University of Korea, Bucheon
14662, Republic of Korea

Persicaria amphibia (L.) Delarbre (Polygonaceae) is a perennial herb that is native to wet habitat such as reservoir, pond and swamp. Although this species is widely distributed around the world, the Korean populations are rarely found in several known sites and has been considered as 'Near Threatened' by the National Institute of Biological Resources. Due to the morphological polymorphism *P. amphibia* is recognized as a species complex with taxonomic difficulty. There appears complicated genetic variations in various intraspecific lineages and those from Korean populations has only been examined with commonly used gene markers. In this study, we collected 91 individual plants of *P. amphibia* from 14 populations in Korea and obtained the genome-wide genetic variations using double digest RAD-sequencing in order to survey the genetic entities of Korean lineages. Based on genotype data with 25,314 single nucleotide polymorphism(SNPs), we found that the populational differentiation ($F_{ST} = 0.264$) was relatively high with 73.63% of the variation within individuals and 26.37% of the variation among populations. STRUCTURE analysis suggested that Korean *P. amphibia* species have four major genetic ancestries as clustering analysis and principle component analysis support these lineage differentiations.

Keywords: *Persicaria amphibia*, Polygonaceae, RAD-sequencing, SNP, STURUCTURE

This work is supported by the National Institute of Biological Resources [NIBR202206201].

O10

The comparative transcriptome analyses provide novel insights on the wood evolution of woody *Sonchus* (Asteraceae) in the Canary Islands

Ji-Hyeon Jeon^{P1}, Seon-Hee Kim², Myong-Suk Cho¹, and Seung-Chul Kim¹

¹Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University, Suwon, Korea:

²Department of Botany, Graduate School of Science, Kyoto University, Kyoto, Japan

The woody *Sonchus* alliance has originated from a common ancestor and rapidly diverged via adaptive radiation in the Macaronesian Islands of the Atlantic Ocean. While its insular woody habit is also assumed to have a single origin from the herbaceous continental ancestor, the mechanism of woody habit evolution among the members of the alliance remains unclear. The transcriptomes of four Canarian *Sonchus* species, including one herbaceous (*Sonchus webbii*) and three woody species (*S. arboreus*, *S. palmensis*, and *S. radicans*), were sequenced to understand the wood evolution in the transcriptomic level. The draft transcript contigs of each species were *de novo* assembled, followed by contig selection, unigene clustering, ORF prediction. The gene family evolution in the woody *Sonchus* alliance was inferred after grouping orthologous transcripts. The gene functions of resistance to environmental changes and plant growth, organ development and differentiation were enriched in the gene families expanded in the woody species lineage of the alliance. The gene expressions of conserved orthologs were analyzed to understand physiological differences in the woody *Sonchus* alliance. The genes with plant growth, organ development and differentiation or DNA methylation were inferred to be differentially expressed between herbaceous and woody species. This comparative transcriptome analyses will provide genetic backgrounds to understand wood evolution in the woody *Sonchus* alliance.

O11

Comparative chloroplast genome of aquatic plants in
Potamogeton species and its phylogenomics analysis in Alismatales

KyoungSu Choi^{1P}, Yong Hwang¹ and Jeong-Ki Hong¹

¹Plant Research Team, Animal and Plant Research Department, Nakdonggang National Institute of Biological Resources, Sangju 37242, Korea

Potamogetonaceae are aquatic plant and divided six genera. The largest genus in the family is *Potamogeton* which are morphologically diverse family, with many hybrid and polyploidization. Previous studies have been tried *Potamogeton* classification using morphology, chromosome number, seed morphology and molecular analysis. However, the relationship among the *Potamogeton* species was not clear. Here, *Potamogeton* chloroplast genome were subject to comparative genomic and phylogenomics analyses to reconstruct phylogeny and substitution rates for *Potamogeton* chloroplast genes evolution. *Potamogeton* chloroplast genomes were conserved in genome size (155,863bp-156,488bp), gene contents (total 113 genes including 79 protein coding genes, 30 tRNA and 4 rRNA genes) and GC contents (36.5%). However, we detected *trnH* duplication (IR region) in *P. crispus* and *P. maakianus*. Comparative among Alismatales, Potamogetonaceae, Cymodaceae, Ruppiaceae revealed *rbcL-trnV* inversion (6kb) and *Najas flexilis* have been lost *ndh* complex. Five divergent hotspots (*rps16-trnQ*, *atpF* intron, *rpoB-trnC*, *trnC-psbM*, and *ndhF-rpl32*) among *Potamogeton* species were identified which were useful for species identification. Phylogenetic analyses showed Potamogetonaceae formed one clade (100% bootstrap value) and clustered two different clades (*Potamogeton* and *Stuckenia*) within Potamogetonaceae. Elevated substitution rates compared among Alismatales, we found neutral selection in all of the chloroplast genes of *Potamogeton* species.

O12

Phylogeny of *Carex* (Cyperaceae) based on 82 chloroplast genes

Se-Eun Jung¹, Yanghoon Cho², Tamara Villaverde³, Pedro Jiménez-Mejías⁴, Julian R. Starr⁵, Carmen Benítez-Benítez⁶, and Sangtae Kim¹

¹Department of Biology, Sungshin Women's University, Seoul 01133, Korea; ²Uri Plant Research Institute, Kwangju 61431, Korea; ³Departamento de Biología y Geología, Universidad de Almería, Almería 04120, Spain; ⁴Departamento de Biología (Botánica), Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Madrid, Madrid 28049, Spain; ⁵Department of Biology, University of Ottawa, Ontario K1N 6N5, Canada; ⁶Department of Molecular Biology and Biochemical Engineering, Universidad Pablo de Olavide, Sevilla 41013, Spain

Carex L. (Cyperaceae) is the second largest genus of monocots after *Bulbophyllum* (Orchidaceae) and contains ca. 2000 species. The classical classification system of *Carex* based on morphology has recently been revised by Global Carex Group (GCG) based on evidence from two intensive molecular phylogenetic studies: 1) intensive sampling using a small number of genes and 2) small representative sampling using massive data sets using the nuclear Hyb-Seq approach. However, the system has not yet been compared with massive chloroplast genome data. Since our previous studies showed substantial structural changes in each species, aligning the complete chloroplast genomes is impossible in *Carex*. To test the new classification system based on chloroplast genome phylogeny, we determined 82 chloroplast genes based on the Hyb-Seq approach for 188 representatives of subgroups in the new classification system, mainly focused on Korean taxa. The result showed that all of the clades for the subgenera (four out of six included) were highly supported. In the 62 formally named Linnean sections and 49 informal groups, 70 % of sections, excluding mono-sampled clade (or group) were highly supported. Our study confirms that *Carex* chloroplast genomes show different evolutionary histories from the nuclear genome in many clades.

포스터 발표

P01

A cytogenetic study of *Lycoris* in KoreaJae-Seok Yang^{1p}, Kweon Heo^{1,2c}

¹Department of Applied Plant Science, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea; ²Department of Interdisciplinary Program in Smart Agriculture, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea

In order to determine the exact species identification and relationships of the Korean *Lycoris*, seven taxa of Korean and two taxa of Japan and Chinese were included in the study. For the karyotype analysis, the length and shape of chromosomes were confirmed by the squash and enzyme digestion methods. In addition, the origin of *L. uydoensis*, which is limitedly distributed in Uydo island, was deduced. As a result, the number of chromosomes of nine taxa was confirmed as $2n = 16, 17, 19, 22, 27, 30$ and 33 , respectively. However, the number of chromosomes of *L. flavescens* and *L. uydoensis* were found same as $2n = 19$. Although both taxa were analyzed same as $3m+1sm+11a+4T$ in karyotype analysis, the position of monosomic and trisomic chromosomes was different from each other. Also, to clarify the origin of the *L. uydoensis*, *L. radiata* var. *pumila* was studied and found to be $22a$. It was composed of acrocentric chromosomes like as *L. uydoensis*. In conclusion, cytology is judged to be a useful approach for identifying taxa in Korean *Lycoris*. The results are expected to be used as basic data for chromosomal studies at the molecular level such as FISH and GISH in the future.

P02

한반도 사초속 대사초절 식물의 염색체 연구 (사초과)

정경숙^P, 신정호, 김휘, 최민기

중원대학교 의약바이오학과, 괴산

사초속 대사초절(*Carex* sect. *Siderostictae*)은 땅속줄기가 발달하고, 잎 너비가 넓으며, 양성 측생화서(androgynous)를 갖는다. 아시아에 분포하는 본 분류군은 13 분류군(전통적 분류) 또는 27 분류군(계통분류학적 체계)을 포함한다. 사초속 2,000 여 분류군 중, 비교적 적은 분류군이 속하는 대사초절은 전체 사초속의 기저분류군이며, 말단 화서 형질(양성 또는 단성), 과낭의 형태 및 크기, 염색체 배수성 등이 다양하게 나타난다. 한반도 자생 대사초절, 대사초(*C. siderosticta*), 털대사초(*C. ciliatomarginata*), 지리대사초(*C. okamotoi*, 특산), 반들대사초(*C. splendentissima*, 특산) 등 4 분류군의 염색체 배수성을 밝히기 위해 체세포 분열 세포 분석을 진행하였다. 전국에 분포하는 대사초절 28 집단(대사초 14, 지리대사초 4, 털대사초 8, 반들대사초 2)을 조사하였는데, 염색체 수는 모두 $2n = 12$ ($x = 6$, 이배체)로 나타났다. 응집된 중심체가 없는 전부염색체(holocentric chromosome)가 관찰되었는데, 길이는 $1.9\text{--}5.6\ \mu\text{m}$ 이다. 사초속 염색체 수는 $2n = 12\text{--}132$ 로 다양하고, 염색체 크기는 대부분 $1\ \mu\text{m}$ 내외이다. 대사초절의 염색체는 전체 사초속 분류군 중 가장 길고 수가 적은 것으로 관찰되었다. 러시아, 일본, 중국, 한국 등에 널리 분포하는 대사초는 일본과 중국에서 2배체와 4배체가 보고된 바 있으나, 한반도 자생 개체는 모두 2배체였다. 사초속 내 분화된 분류군인 타래사초절은 DNA 총량의 변화($1C = 0.342\text{--}0.361\ \text{pg DNA}$) 없이 염색체 수만 다양한 것으로 알려져 있으나(agmatoploidy 또는 symploidy: non-qualitative aneuploidy), 기저 분류군인 대사초절은 염색체 배수성($1C = 0.643\text{--}1.20\ \text{pg DNA}$, qualitative ploidy)이 중요한 분화 기작으로 여겨진다. 본 연구에서 밝힌 한반도 자생 대사초절 4 분류군의 염색체 배수성 및 핵형 등을 계통분류학적 체계에서 논의하고자 한다.

P03

Chromosome numbers and genome size variation in the *Barnardia japonica* complex (Asparagaceae)

Hyeonjin Kim^{1†}, Bokyung Choi^{1†}, Hanna Weiss-Schneeweiss^{2*}, Tae-Soo Jang^{1*}

*Correspondence to be sent to:

hanna.schneeweiss@univie.ac.at & jangts@cnu.ac.kr

† These authors contributed equally to this work

¹Department of Biological Science, College of Bioscience and Biotechnology, Chungnam National University, Daejeon 34134, Republic of Korea; ²Department of Botany and Biodiversity Research, University of Vienna, Rennweg 14, A-1030 Vienna, Austria

Polyploidy is common in angiosperms and is one of the major factors in speciation and diversification. The genus *Barnardia* comprises two geographically distinct species: *B. numidica* and the species complex referred to as *B. japonica*. Diploids of AA ($2n = 16$) and BB ($2n = 18$) cytotypes are known to hybridize and/or form allopolyploids in natural populations. Diploid homoploid hybrids AB ($2n = 2x = 17$), as well as a myriad of auto- and allopolyploids: ABB ($2n = 3x = 26$), BBB ($2n = 3x = 27$), AAAA ($2n = 4x = 32$), AABB ($2n = 4x = 34$), AB BB ($2n = 4x = 35$), BBBB ($2n = 4x = 36$), ABBBB ($2n = 5x = 43$), and AAABBB ($2n = 6x = 51$) are reported earlier. Chromosome numbers of 131 plants of the *B. japonica* complex were established. 22 plants representing all cytotypes were karyotyped for correct identification of their genomic composition. Allotetraploid individuals were most frequent (78 bulbs, 59%), whereas only one plant of each allotri- and allohexaploid was identified. The DNA amounts ranged from 1C = 9.05 to 23.23 pg, indicating 2.5-fold difference. Both diploid cytotypes had unique genome size (AA cytotype: 1C = 12.23 pg; BB cytotype: 1C of 9.17 pg). Allotetraploid AABB (1C = 18.76 pg), autoallotetraploid AB BB (1C = 18.84 pg) and pentaploid ABBBB (1C = 22.55 pg) had all experienced genome downsizing, congruent with patterns of polyploid genome evolution in many other plant species.

This work was financially supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) funded by the Korea government (NRF-2019K1A3A1A1811607011) to T.-S. Jang

P04

Systematic implications of micromorphological and cytological characters in Korean *Luzula* species (Juncaceae)

Hye-Joo Byun^P, Tae-Soo Jang^{*}

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

The genus *Luzula*, comprising of 115 species in worldwide, is one of the most species-rich genera in Juncaceae. Six species (*L. capitata*, *L. multiflora*, *L. pallescens*, *L. odaesanensis*, *L. rufescens*, and *L. plumosa*) in the genus are currently recognized in Korea. In this study, we have performed a comprehensive leaf, floral and pollen micromorphological analysis using light and scanning electron microscopy to better understanding the systematic relationships. The type of stomata is almost paracytic occurring on abaxial side of leaves. The surface ornamentation of the epidermal cells of leaves can be distinguished from the two subgenera. The pistil micromorphological characteristics are firstly described in detail for Korean *Luzula* species. Pollen grains are tetrad in all species ranging from 29.56 μm to 51.22 μm in diameter and exine sculpturing among Korean *Luzula* species are relatively uniform. Approximately two-fold variation in genome size (i.e., 0.318 pg to 0.870 pg/1C) with chromosome number variations (i.e., $2n = 12, 24,$ and 48) suggest the putative polyploid and/or dysploid origin of some taxa in *Luzula*. The present micromorphological and cytological results have laid foundations to address the evolution of polyploidization and systematic context within the Korean *Luzula* species.

* This research was supported by National Research Foundation of Korea (NRF) funded by the Korea government (NRF-2021R1I1A204582011) to T.-S. Jang.

P05

한반도 바늘골속 식물의 분류 (사초과)

이창숙^{1p}, 정경숙^{2p}

¹이화여자대학교 생물교육과, 서울; ²중원대학교 의약바이오학과, 괴산

바늘골속(*Eleocharis* R. Br.)은 전 세계 널리 분포하는데, 연못, 호수, 갯벌 등의 가장자리와 같이 수분이 많은 곳에 자란다. 본 속은 분지 되지 않은 줄기(culms), 하나의 말단 수상화서, 강모 화피편(perianth bristles)이 있는 양성화를 가지고 있는 다년생(드물게 일년생) 초본이다. 식물 표본관 및 자생지 조사를 통해 바늘골속 15분류군(7종, 4변종, 3품종, 1잡종)이 한반도에 자생하고 있음을 확인하였다. 종 식별 형질은 줄기의 마디 유무, 꼬마이삭 모양과 크기, 비늘조각의 모양, 화피편의 수, 암술머리 수, 암술대 기부 모양, 수과 크기 및 모양 등이었다. 종 이하 분류군 식별에는 강모 화피편 유무 및 수, 꼬마이삭의 너비, 꽃의 밀집도, 비늘조각 정단부 모양 등이 유용하였다. 참바늘골(*E. attenuata* f. *laeviseta*), 갯바늘골(*E. parvula*), 물꼬챙이골(*E. ussuriensis*), 까락골(*E. valleculosa* var. *setosa*), 올방개(*E. kuroguwai*) 등의 체세포 분열 염색체는 응집 중심체를 갖지 않는 전부 염색체(holocentric chromosome)임을 확인하였다. 염색체 수는 $2n = 10, 16, 20, \text{ca. } 180$ 등으로 다양하고 그 크기는 $\text{ca. } 0.5\text{--ca. } 6 \mu\text{m}$ 로 관찰되었다. 그간 학명처리에 문제가 있었던 바늘골, 물꼬챙이골, 까락골의 정명을 제시하였고, 흰바늘골(*E. margaritacea*), 둥근검바늘골(*E. ovata*), 돌기네모골(*E. changchaensis*) 등은 오동정된 것으로 판단하였다. 바늘골속 자생지인 자연습지는 다양한 인간 활동 및 도시화 등으로 인하여 빠르게 파괴되고 있어 적극적인 보전 방안이 요구된다. 본 연구에서 밝힌 바늘골속 각 분류군의 주요 형질, 분포 및 검색표 등을 제시한다.

※ 본 연구는 국립생물자원관(Flora of Korea (2022), NIBR202204101)의 지원으로 수행되었음

P06

국내 화살나무속(*Euonymus* L.) 분류군의 형태학적 특성과 분포

이세령^P, 박범균, 장영종, 이강협, 손동찬*

국립수목원 산림생물다양성연구과, 포천

화살나무속(*Euonymus* L.)은 전 세계적으로 약 130여 종이 알려져 있으며, 아시아, 오스트랄라시아, 유럽, 마다가스카르, 북아메리카 및 중앙아메리카에 걸쳐 열대 및 온대지역에서 분포한다. 국내에는 10분류군이 자생하며, 잎은 대생하고, 꽃은 4~5수성으로 납작하며, 자방은 둥글지 않고, 열매는 삭과이며, 열매 당 3~5실인 특징으로 근연 속들과 구분된다. 화살나무속 내 분류군은 소지, 동아, 잎, 열매의 형태형질을 기준으로 주로 구분되나 이들 기관에서는 다양한 변이가 나타난다. 따라서, 본 연구에서는 종 식별의 유용 형질을 확인하고, 각 분류군의 분포현황을 파악하고자 형질특성표와 분포도를 제시하였다. 화살나무속 내 분류군들은 소지 표면의 털이나 돌기, 잎 엽연의 형태, 꽃 직경, 꽃잎 수, 꽃잎 색, 수술대 길이, 약의 실 수, 약 색, 열매 형태 등이 주요 식별형질로 확인되었다. 이들의 분포지는 대부분 전국 산지에 분포하나, 회목나무(*E. pauciflorus*)는 주로 백두대간의 높은 산지에 생육하며, 사철나무(*E. japonicus*)와 좀사철나무(*E. fortunei*)는 서남부 지역의 해안가 및 도서 지역에, 섬회나무(*E. nitidus*)는 전남 여수 거문도에 분포하는 것으로 확인되었다.

P07

**Another gynodioecious plant in Lamiaceae -
Elsholtzia angustifolia (Loes.) Kitag.**

Yun-Chang Jeon^p, Min-Su Jo, Suk-Pyo Hong^c

Laboratory of Plant Systematics, Department of Biology, Kyung Hee University, Seoul

In this study, we aimed to investigate the reproductive system of *Elsholtzia angustifolia* (Loes.) Kitag. a plant species from the family Lamiaceae that exhibits gynodioecy, a system in which both females and hermaphrodites coexist. We used stereo microscopy (SM), light microscopy (LM), and scanning electron microscopy (SEM) to examine the detailed morphology of *E. angustifolia*. We collected samples from three natural populations in the mountains of Sokli, Joryeong, and Ihwaryeong. The results reveal that *E. angustifolia* is gynodioecious, and we can observe the presence of both female and hermaphrodite morphs across the studied sites. Statistical analysis revealed significant differences in the measurements of floral organs between the two types (e.g., corolla length and width, filament length, bract length and width, and nutlet length and width, $P < 0.001$; calyx length, $P < 0.05$; and calyx width, $P < 0.01$). We also observed distinct differences in the external surface of the anthers between the two types. The anthers of female plants, which do not produce pollen, have a polygonal-reticulate shape, while the hermaphrodite's anthers have an annular form, with a thickened endothecium and an undulated outer surface of the locule wall.

†This study was supported by the Basic Science Research Program through the National Research Foundation of Korea (NRF), funded by the Ministry of Education, Sciences and Technology (No. NRF-2018R1D1A1A09083715).

P08

좁다닥냉이와 털다닥냉이의 분류학적 검토

강은수^p, 이강협, 손동찬

국립수목원 산림생물다양성연구과, 포천

다닥냉이속(*Lepidium* L.)의 좁다닥냉이(*Lepidium ruderae* L.)와 털다닥냉이(*L. pinnatifidum* Ledeb.)는 각각 1994년과 2016년에 귀화식물로 보고된 외래식물이다. 국내 보고 당시 제시된 형태기재와 화상자료에 따르면, 두 분류군은 모두 심열하는 근생엽과 피침형의 경생엽, 표면에 털이 있는 열매를 가지고 있는 공통점이 있으나, 수술 개수의 차이로 구분된다. 그러나 수술 개수는 개체들마다 다르며, 외부형태학적으로 이들은 매우 유사하기 때문에 구분이 쉽지 않다. 따라서 본 연구에서는 좁다닥냉이와 털다닥냉이의 정확한 형태적 특징과 차이점을 알아보기 위해 월기재문을 포함한 해외의 도감, 연구논문, 해외표본들을 검토하여 이들의 차이를 구명하고, 두 분류군의 최초발견지 조사를 통해 국내 유입여부를 확인하였다. 그 결과 두 분류군은 열매의 털과 날개의 유무로 명확히 구분할 수 있었고, 최초발견지인 인천광역시 월미도에서 발견되는 개체는 모두 털다닥냉이로 확인되었으며, 국내에서 채집된 표본 재동정 결과 좁다닥냉이는 발견할 수 없었다. 본 연구 결과들을 바탕으로 국내 다닥냉이속에 대한 수정된 검색표를 제시한다.

P09

**Morphological characteristics and distribution of *Elaeagnus* sect.
Sempervirentes taxa in Korea**

Young-Jong Jang^{1,2p}, Beom Kyun Park¹, Se Ryeong Lee¹, Kang-Hyup Lee¹, Dong Chan Son¹

¹Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum of the Korea Forest Service, Pocheon, Korea; ²Department of Biological sciences and Biotechnology, Chonnam National University, Gwangju, Korea

The genus *Elaeagnus* L. (Elaeagnaceae) comprises about 90 species with a worldwide distribution from E. Asia to SE Asia, NE Australia, S Europe and N America. This genus has been divided into the section *Sempervirentes* Serv., which is evergreen, flowering in autumn and fruiting in spring, and the section *Elaeagnus*, which is deciduous and flowering in spring and fruiting in autumn. Among the section *Sempervirentes*, five taxa (*E. glabra*, *E. ×maritima*, *E. macrophylla*, *E. ×submacrophylla*, and *E. pungens*) have been described in Korea, but the taxonomic identity and distribution of *E. ×maritima* and *E. ×submacrophylla* are unclear. In this study, morphological characteristics through field survey and re-classification of the specimens deposited in the Korea National Herbarium (KH), National Institute of Biological Resources (KB), Sungkyunkwan University (SKK) and Yeungnam University (YNUH) were carried out and distribution maps for each taxon were also prepared. As a result, the major characteristics include habit, branchlet shape and color, presence or absence of thorns, petiole color and length, leaf shape, color of abaxial surface of leaf, shape of calyx tube, style hair type and seed shape. The distribution map showed that *E. macrophylla* is distributed in coastal mountains and nearby islands in the central and southern regions. *E. glabra* and *E. ×maritima* are distributed in coastal mountains and nearby islands in the southern regions. On the other hand, *E. ×submacrophylla* and *E. pungens* are found only in coastal mountains in Gyeongsangnam-do.

This research was funded by Scientific Research Grants (KNA1-1-18, 15-3) from the Korea National Arboretum, Korea.

P10

한반도 진범아속(Subgen. *Lycocotnum*, Ranunculaceae) 복합체의 분류학적 재검토

이정심^p, 손동찬, 조용찬

국립수목원 산림생물다양성연구과, 포천

한반도에 분포하는 진범아속 8종은 subgen. *Lycocotnum* (DC.) Peterm. 의 sect. *Lycocotnum* DC.에 속해 있다. 국내에 있는 sect. *Lycocotnum*에는 ser. *Volubilia* (*Aconitum alboviolaceum* Kom., *A. longecassidatum* Nakai, *A. pseudolaeve* Nakai, *A. pteropus* Nakai, *A. quepaertense* Nakai)와 ser. *Longicassidata* (*A. kirinense* Nakai, *A. puchonroenicum* Uyeki & Sakata, *A. umbrosum* Kom.)가 있으며, 특히 ser. *Volubilia*의 분류군들은 종 간 형태가 유사하여 구별하는데 어려움이 있다. 한편, 본 연구에서는 국내 진범아속에 대한 조사 연구에서 확인된 *A. lycocotnum* 복합체의 3개 type에 대한 보고를 하고자 한다. Type 1은 *A. alboviolaceum*과 비슷하지만 식물체가 직립하고, 총상화서는 길며, 꽃은 한 가지에 8~30개가 달리고, 소포엽에 퍼진 긴 털을 갖고 있으며 강원도 백두대간의 일부 지역에 자생하는 신분류군으로 분류된다. Type 2는 식물체가 비스듬히 기대거나 줄기가 덩굴지고, 소화경, 꽃받침 그리고 골돌에 산만하게 퍼진 털이 있으며, 백두대간의 한 지역에 주로 자생하고, 일본에 분포하는 *A. loczyanum* Rapaics와 매우 유사하다. Type 3는 남한지역의 서북부 지역에서 나타나는데, 과거 만주에서 채집된 표본을 Nakai가 *A. longecassidatum*로 오동정하였던 분류군과 유사하다. *A. longecassidatum*에 비하여 골돌에 털이 없으며 식물체의 약간 굽은 털은 백색이고, 식물체는 옆으로 서거나 늘어지며 줄기가 덩굴진다.

P11

**Taxonomic examination of *Deparia* sect. *Lunathyrium* (Koidz.) M. Kato
in Korea based on spore morphology**

Ryu Seah^P

National Institute of Biological Resources, Incheon

Deparia sect. *Lunathyrium* (Athyriaceae) has very high species diversity in eastern Asia and two taxa (*D. pycnosora*, *D. pycnosora* var. *albosquamata*) have been reported in Korea. However, taxonomic identity of Korean *D. pycnosora* var. *albosquamata* was controversial. It is known that spore morphology of the genus *Deparia* are useful for delimiting taxon boundaries and determining relationships. We have examined spore morphology of *Deparia* sect. *Lunathyrium* using scanning electron microscopy in order to clarify their taxonomic identities. On the basis of perispore characteristics, four Korean species were recognized in the section; these comprise *D. pycnosora*, *D. albosquamata*, *D. vegetior*, and *D. orientalis*. As a result, perispore characteristics could be useful to identify Korean taxa of the *Deparia* sect. *Lunathyrium*.

P12

한국산 체꽃속(*Scabiosa* L.)의 외부형태학적 연구

최지우^P, 유기역

자연과학대학, 강원대학교, 춘천시

외부형태형질 중 잎의 변이가 심해 종간(내) 구별이 어려운 한국산 체꽃속(*Scabiosa* L.)의 분류를 위해, 국내에서 확보한 82점의 표본을 대상으로 외부형태형질을 측정하고 이를 기초로 주성분분석(PCA)을 실시하였다. 외부형태분석 결과 꽃, 열매 등 생식기관 형질은 연속적으로 나타났지만, 식물체 높이와 잎 등의 특징은 차이를 보여, 이를 중심으로 5가지 유형으로(Type1-5) 구분하였다. Type1은 경북 의성군에서 수집된 개체로, 근엽과 경엽이 전혀 갈라지지 않는 특징으로 다른 유형들과 뚜렷이 구분되었다. Type2는 강원도 영월군 등 석회암지대에 분포하는 개체로, 근엽은 갈라지지 않지만 경엽이 중열하고 끝부분 열편은 갈라지지 않아 솔체꽃(*S. comosa*)과 유사하였다. 강원도 고성군에 분포하는 2개 유형은 근엽과 경엽 모두 심열하고 잎 상부 가장자리가 갈라지지 않는 것(Type3)과 심열하는 것(Type4)으로 구분되었으며, 이런 형태는 체꽃(*S. tschiliensis* f. *pinnata*)과 유사하였다. Type5는 제주도에 자생하고, 높이는 평균 20cm로 작으며, 전체에 털이 밀생해 구름체꽃(*S. tschiliensis* f. *alpina*)과 유사하였다. 측정된 양적 형질 51개 중 뚜렷한 불연속성을 보이는 30개 형질을 사용해 PCA를 실시한 결과 잎 열편의 길이와 개수, 갈라진 열편의 깊이 등의 기여도가 높았다. PC1-2를 2차원 도식화한 결과, Type1-2와 Type3-5가 각각 넓은 범위에서 유집되는 경향을 보였으나, 각 그룹 내에서 유형 각각의 개체들은 서로 중복되어 나타났다. 질적 형질 53개 중 15개를 사용한 PCA 결과에서는 잎, 화경, 줄기에 털의 분포 유무에 대한 형질의 기여도가 높았다. PC1-2의 2차원 도식에서 Type5는 다른 개체들과 뚜렷하게 구분되어 나타났지만, 나머지 4개 유형은 서로 중복되는 경향을 보였다. 위 결과를 종합하면 Type1은 외부형태학적으로 한국에 분포하는 체꽃속 내 유사 분류군이 없어 독특하지만, PCA에서 솔체꽃과 비슷한 Type2와 연속적으로 나타나, Type1이 독립된 종인지 아니면 Type2의 변이인지에 대해서는 확인할 필요가 있다. Type3과 4는 잎 가장자리의 갈라진 정도에 차이가 있으나, PCA에서는 서로 중복되어 두 유형은 체꽃으로 보이며, 해당 형질은 연속적인 변이로 생각된다. Type5는 자생지가 제주도에 한정되고 높이, 털의 분포 특징이 나머지 유형과 뚜렷하게 다른 구름체꽃의 특징과 일치하는데, 구름체꽃은 솔체꽃의 품종으로 되어있어 분류계급 재검토가 필요하다고 생각된다. 그러나 본 연구에 다룬 5가지 유형은 뚜렷하게 구별되지 않아 정확한 유연관계분석을 위해서는 해부학적, 화분학적, 세포학적 특징 및 DNA 분석 등 다양한 추가연구가 수행되어야 할 것으로 판단된다.

P13

소리쟁이족(마디풀과: Rumicidae-Polygonaceae) 내 분류군의 화분 및 소구상체의 미세형태학적 연구

조민수^P, 전윤창, 홍석표^C

경희대학교 생물학과

마디풀과의 화분학적 형질에 대한 연구는 지금까지 주로 속이나 종 이하 수준에서 연구되어왔고, 속 이상의 상위분류군 간의 계통분류학적 중요성에 대한 논의는 없다. 최근 활발히 연구되고 있는 소구상체(Orbicules)는 약의 내부에 존재하는 작은 입자층으로, 그 형태학적 특성에 대한 분류학적 유용성이 증명되었다. 마디풀과에서는 소구상체의 계통분류학적 연구가 아주 미비하게 이루어졌다(*Rumex*, *Fagopyrum* 속 내 일부 분류군). 본 연구에서는 마디풀아과(Polygonoideae) 내에서의 소리쟁이족(Rumicidae)을 구성하는 4속(*Emex*, *Oxyria*, *Rheum*, *Rumex*)을 대상으로 이들 속 내의 분류군의 화분형태와 소구상체의 특성을 확인하였다.

연구된 소리쟁이족의 모든 분류군은 삼공구형(3-colporate)의 발아구를 가지고 있으며, 표면에 돌기가 확인되었다. 이들 분류군의 화분 표면무늬는 유공상 (*Rumex*, *Rheum*)과 난선성 (*Rheum noblie*, *Emex*)으로 나타났다. 소구상체는 소리쟁이족 내 연구된 모든 분류군에서 확인되었으며, 형태는 구형이고, 표면에 미립상의 돌기가 존재하였다. 소구상체의 크기는 0.32 μ m에서 1.19 μ m로 측정되었고, 용단조직에 기저가 보이면서 소구상체 크기 이상으로 떨어져 있는 것이 확인되었다. 측정된 밀도는 1 μ m²당 0.28~0.66개로 확인되었다. 현재까지의 연구 결과를 소리쟁이족과 계통적으로 근연인 여뀌족(Persicarieae)의 ABK-Clade (*Aconogonon* - *Bistorta* - *Koenigia*)에서 삼구형(3-colpate) 또는 다공형(polyporate)인 발아구와 유공상의 표면무늬를 가지며, 소구상체가 평활상의 표면무늬와 10개/ μ m²의 밀도를 나타내는 것과 차이가 있음을 밝혔다. 이번 연구를 통해 소구상체의 형질은 속 내에서 공통으로 확인되는 형질일 가능성이 제시되었으며, 이는 소리쟁이족 내에서 계통분류학적 유용성을 가질 수 있을 것으로 판단된다.

†이 성과는 정부(과학기술정보통신부)의 재원으로 한국연구재단의 지원을 받아 수행된 연구임(No. 2022R1F1A1073240)

P14

지리산국립공원 내 북방계식물 실비녀골풀의 자생지 현황과 보전전략

소순구^{1p}, 최보경², 김태근¹, 명현호¹, 김정은¹, 김지영¹, 장창석³, 장태수^{2c}

¹국립공원공단 국립공원연구원, 원주 26441; ²충남대학교 생물학과, 대전 34134;

³국립백두대간수목원, 봉화 36209

골풀과(Juncaceae) 골풀속(*Juncus*)에 속하는 여러해살이풀인 실비녀골풀은 세계적으로 한국, 중국, 일본 등에 분포하며 한반도 내 백두산과 지리산의 해발고도가 높은 고산지역에 주로 분포하는 북방계성 식물이다. 특히 지리산국립공원 천왕봉 지역은 남한 내 유일한 자생지이며 지구온난화에 따른 기후변화 등으로 종의 쇠퇴가능성이 높은 상황으로 본 연구를 통해 자생지 현황, 염색체 연구, 근연종과의 계통학적 분석을 수행하고 Maxent 모델링 분석을 통해 서식 적합성 예측지도를 제작하여 종과 자생지 보전전략을 수립하고자 하였다. 실비녀골풀은 지리산 내 해발고도가 1,758m~1,881m인 지역 내 양지 또는 반음지의 습한 암벽 틈에 자생하였으며 광량, 습도, 해발고도 등이 중요한 생육환경 인자로 판단되었다. 엽록체DNA trnL-trnF 구간 염기서열에 근거하여 근연종과의 계통분석을 수행한 결과 실비녀골풀은 뚜렷하게 구분되는 단계통군으로 확인되었으며 자매군으로는 북한, 러시아 지역의 고산 양지에 주로 분포하는 구름골풀(*J. triglumis*)로 확인되었다. 염색체 분석결과 염색체 수의 파악은 불가하였으나 다배체 현상은 나타나지 않은 것으로 확인되었다. 서식 적합성 분석결과 실비녀골풀은 백두대간을 따라 해발고도가 높은 지역을 중심으로 출현 가능성이 있는 것으로 나타났으며 지리산국립공원으로 한정하면 현 자생지인 천왕봉지역 외에도 명선봉 또는 반야봉 일대의 출현 가능성이 비교적 높은 것으로 나타나 신규자생지 탐색 및 향후 복원지 선정에 활용가능 할 것으로 판단되었다. 실비녀골풀 자생지는 인위적 위협요인보다는 주변 식생과의 경쟁에 의한 피압, 피음 등으로 개체수 감소 가능성 등 잠재적 위협이 있는 것으로 나타났다. 따라서 실비녀골풀의 보전을 위해서는 집단 및 개체수 변화 관찰 등 지속적 모니터링을 통한 현지 내 보전전략과 더불어 현지 외 보전이 필요하며 특히, 현재 적색목록 자료부족종(DD)으로 향후 IUCN 보전지위 평가를 통해 보전을 위한 근거마련이 필요할 것으로 판단된다.

* 본 연구는 국립공원공단 국립공원연구원의 「국립공원 주요 자생식물 자생지 보전 및 분포모델링 연구(NPRI 2021-09)」과제의 지원을 받아 수행하였습니다.

P15

Genome size estimation of 16 Korean *Viola* species

Hyeonji Moon^P, Sangtae Kim

Department of Biology, Sungshin Women's University, Seoul 01133, Korea

Genome size estimation data in various taxa can be used as a reference when selecting the smallest genome size or determining the amount of sequencing data for a target taxon, enabling strategic genome studies. Flow cytometry is a fast and easy method for estimating the genome size and polyploid level in plants based on the staining of the nucleus and detecting laser-irradiated fluorescence levels when each nucleus passes a narrow tube one by one. However, some taxa, including *Viola*, release mucilaginous cytological compounds during the nuclear isolation for flow cytometry, making nuclear DNA staining and quantitative detection difficult. In the recent *Viola* (Violaceae) classification system, Korean *Viola* (ca. 40 species) are included in the subgenus *Viola* containing five sections and seven subsections, respectively. In this study, we reported the genome size of 16 Korean *Viola*: one from sect. *Chamaemelanium*, two from sect. *Viola*, and 13 from sect. *Plagiostigma*. To solve the mucilaginous compound problem in the *Viola* study, we tested previously published nuclei extraction buffers, including Otto, Tris-MgCl₂ + PVP-10, and LB01 (without β-mercaptoethanol). We concluded that the LB01 buffer was the best. However, since LB01 still did not work in some taxa, including *V. acuminata*, *V. diamantiaca*, *V. rossii*, and *V. yazawana*, other types of extraction buffers should be tested for studies of *Viola* in the future. Based on our estimation, the genome sizes of Korean *Viola* range from 0.64 (*V. grypoceras*) ~ 1.89 Gbp (*V. mandshurica*). Interestingly, estimation results in *V. albida*, *V. grypoceras*, *V. kusanoana*, *V. orientalis*, and *V. variegata* support that these species are potential mixoploids composed of diploid and tetraploid cells. To clarify our observations, chromosome counts from multiple meta-phase cells in each individual of these species should be tested in the future. In addition to data deposited in the plant genome size bank, our data will be essential information to understand the evolutionary history of *Viola*.

P16

메꽃과 *Ipomoea heptaphylla* Sweet의 보고

강은수^{1p}, 김창욱², 손동찬¹

¹국립수목원 산림생물다양성연구과, 포천; ²제주야생화, 서귀포

제주도 서귀포시 안덕면 사계리에서 남아메리카 원산의 메꽃과 식물인 *Ipomoea heptaphylla* Sweet가 발견되어 보고한다. 본 종은 5~7개의 소엽으로 구성된 복엽을 가진 특징으로 국내 나팔꽃속(*Ipomoea* L.) 식물들과 쉽게 구분된다. 이외에도 가늘고 긴 화경은 꼬임이 있고, 소포엽은 비늘모양으로 이른 시기에 탈락하며, 꽃은 주로 1개만 달리는 특징이 있다. 본 종은 인도, 아프리카에서도 자라고, 중국의 동남부 지역에도 유입되어 분포하나, 흔히 관찰되는 종은 아닌 것으로 알려져 있다. 국내에서 발견된 *I. heptaphylla*는 약 10년 전 처음 발견되었으며, 발견 당시 경작지 주변으로 확산되고 있었지만, 현재는 제초 작업 등으로 약 10개체 정도만이 유지되고 있는 실정이다. 발견된 장소를 고려해보았을 때, 본 종은 경작 활동을 위한 작물의 종자 수입 또는 운송수단 등에 의해 비의도적으로 유입되어 자라고 있는 것으로 판단된다.

P17

한반도 식물 이름의 기준 “국가표준식물목록”

김영수^P, 최경, 김혁진, 손동찬*

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 유관기관 전문가 등으로 이루어진 국가수목유전자원목록심의회를 구성하고 있으며, 국가적 차원에서 우리 식물자원의 식물명을 체계적으로 관리하고 있다. 2023년 1월 기준 국가표준식물목록(자생식물)에 구축된 학명은 총 18,969개로 정·이명으로 사용할 수 있는 합법명 17,815개, 비합법명 580개, 서명 362개, 동명 212개로 구성되며, 「국가생물종지식정보시스템」과 「국가표준식물목록시스템」에서 누구나 이용 및 확인 가능하도록 서비스 되고 있다. 구축된 한반도 자생식물은 186과 944속 3,943분류군이며, 초본 3,210분류군, 목본 733분류군이다. 이중 남한분포종은 3,217분류군, 북한분포종은 2,455분류군이며, 북한과 남한에 모두 분포하는 분류군은 1,729분류군이다. 국가표준식물목록은 한반도에 분포하는 모든 식물종의 식물명에 대한 지속적인 연구·검토를 통해 국내 식물분류학계의 발전은 물론, 한반도 식물자원의 관리와 연구를 위한 기준을 제시하고, 더 나아가 지구적 차원의 식물종 보전에 기여할 수 있도록 노력할 것이다.

P18

국가표준식물목록 등재 한반도 특산식물

김영수^P, 손동찬*

국립수목원 산림생물다양성연구과, 포천

「수목원·정원의 조성 및 진흥에 관한 법률」에 의거 특산식물은 자생식물 중 우리나라에만 분포하고 있는 식물로 정의된다. 최근 나고야의정서와 「유전자원의 접근·이용 및 이익 공유에 관한 법률」의 시행으로 생물주권에 대한 중요성이 대두되고 있는 상황에, 특산식물은 최우선적으로 고려되어야 할 대상이다. 따라서 우리 식물자원의 발굴 및 보존을 위해 지속적인 특산식물에 대한 과학적 근거의 확보가 필요하다. 한편 기존 특산식물에 대한 목록 연구는 분류학적 실체와 증거분포, 그리고 학명의 합법성 등으로 학자들에 따라 한국특산식물에 대한 견해가 상이하였다. 이에 산림청 국립수목원은 한반도 특산식물에 대한 지속적인 연구·검토를 수행하여, 해당 결과를 「국가표준식물목록」에 반영함과 동시에 「국가생물종지식정보시스템」을 통해 공개하고 있다. 2023년 1월 기준 국가표준식물목록에 등재된 한반도 특산식물은 398분류군이다. 이는 최근 정등 (2017)이 보고한 360분류군과 비교시 53분류군이 특산종으로 새로이 추가되었고, 참장대나물, 오대산새밥 등의 15분류군이 기존 목록에서 제외된 결과이다. 보다 자세한 사항은 국가표준식물목록 홈페이지(<http://www.nature.go.kr/kpni/index.do>)에서 확인할 수 있다.

P19

국내에서 새롭게 발견된 자생 구절초 2배체 집단 보고
New diploid populations of *Chrysanthemum zawadskii* complex in
natural habitat of Korea

문미정^{1p}, 한성경², 김정성¹

¹산림학과 충북대학교, 청주; ²국립백두대간수목원 산림생물자원부, 봉화

구절초(*Chrysanthemum zawadskii* Herbich)는 국화과(Asteraceae)에 속하는 다년생 식물로, 7월에서 11월 사이에 산지를 중심으로 관찰할 수 있다. 국화속의 기본 염색체 수는 $x=9$ 로, 국내에 서식하는 구절초는 2배체($2n=2x=18$)에서 10배체($2n=10x=90$)까지 다양한 배수체가 보고된 바 있다. 지금까지 보고된 2배체 집단은 강원도 정선과 경상북도 영덕에서 발견된 두 집단으로 매우 제한적인 것에 비해 4배체와 6배체 집단은 우리나라 전역의 산 정상이나 능선에 넓게 분포하는 것으로 보고되었다. 울릉구절초($2n=4x=36$), 한라구절초($2n=10x=90$)와 같은 일부 배수체 집단들은 특수한 서식지 환경에서만 제한되어 서식한다. 국내에 서식하는 구절초 무리의 생물다양성 연구를 위해 재료를 수집하던 중 지금까지 보고된 바 없는 새로운 2배체 집단을 발견하였다. 새롭게 발견한 2배체 구절초 집단은 총 4개의 집단으로, Squash method를 통해 체세포 염색체 수를 확인하였으며, 4개 집단이 모두 18개의 염색체를 갖는 2배체임을 확인하였다. 국내 자생하는 구절초 무리의 경우 분류군 내 및 분류군 간의 변이 폭이 넓어, 다양한 형태학적 변이를 보이는 것으로 알려져있다. 따라서, 본 연구를 통해 새로운 2배체 집단을 발견함에 따라 향후 구절초 무리의 유전적 다양성뿐만 아니라 국화속의 배수화(Polyploidization)와 진화(Evolution)과정을 연구하는 데 있어 중요한 재료로 활용될 수 있을 것으로 기대된다.

본 연구는 정부(교육부)의 재원으로 한국연구재단 기초연구사업의 지원을 받아 수행된 연구임 (No.2017R1D1A1A02018573, /2020R111A2053517).

P20

Asplenium pseudocapillipes (Aspleniaceae),
a new fern species from Korea

Sang Hee Park^{1p}, Jung Sung Kim¹, Hyoung Tae Kim²

¹Department of Forest Science, Chungbuk National University; ²Department of Ecology and Environmental System, Kyungpook National University

A new allotetraploid species of the genus *Asplenium*, *A. pseudocapillipes*, originated from the hybridization between *A. capillipes* and *A. tenuicaule*, was newly discovered in two limestone areas of Gangwon Province, South Korea. To characterize this new species, it was conducted the molecular phylogenetic analysis using one chloroplast region (*rbcl*) and three single- or low-copy nuclear regions (*AK1*, *gapCp*, *pgiC*), and a cytological analysis, including genome size measurements. From these results, the maternal origin of *A. pseudocapillipes* was confirmed to be *A. capillipes*, which has never been reported in Korea. All three nuclear data showed this new species had genotypes of both *A. capillipes* and *A. tenuicaule*. A CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic Sequences) marker using the nuclear *pgiC* region was additionally applied for recognizing the new allotetraploid *A. pseudocapillipes* and its parental species in the present study.

* This research was supported by the National Institute of Biological Resources (NIBR) (NIBR202212101) and National Research Foundation of Korea (NRF) funded by Korea Government (2021R111A3A04037448).

P21

미기록 외래식물 *Egeria densa* Planch. (Hydrocharitaceae)

나혜련¹*, 최영민², 조웅래², 현진오¹

¹(주)동북아생물다양성연구소, 하남; ²한국파라텍소노미스트회, 하남

경북 군위군과 부산 강서구에서 남아메리카 원산의 *Egeria densa* Planch.의 분포가 확인되어 보고한다. 본 종은 자라풀과(Hydrocharitaceae)에 속하는 침수성 수생식물로 국내 자생하는 검정말(*Hydrilla verticillata* (L. f.) Royle)과 형태적으로 유사하지만, 줄기가 굵고 엽연의 거치가 미약하며 꽃이 대형인 점에서 구분된다. 또한 검정말은 자웅이주와 자웅동주의 2가지 성 유형이 나타나고 수매화인데 비해서 *Egeria densa*는 자웅이주의 총매화로 자라풀과의 물질경이속(*Ottelia*), 올챙이자리속(*Blyxa*)과 유연관계가 높은 Anacharidoideae아과로 분류된다. 본 종은 브라질 남동부 지역이 원산지로 추정되며 수족관 원예용으로 도입되어 미국, 유럽, 일본 등지에 귀화하였다. 국내에서는 2019년 7월 경북 군위군 내량리 위천에서 처음 발견되었고, 이후 2020년 9월 부산 강서구 봉림동 둔치도 농수로에서 발견되었다. 위천은 낙동강 중류의 지류이고, 둔치도는 낙동강 하류 지역으로 각각의 도입경로는 확실치 않으나 원예용으로 재배하던 개체가 일출한 것으로 판단된다. 두 지역 모두 수꽃이 피는 웅성개체만 확인되었으며, 2년간 실내에서 재배하였을 때도 수꽃만 확인되었다. 본 종의 국명은 원산지와 형태적 유사성에 근거하여 '브라질검정말'로 제안한다. 브라질검정말은 영양번식이 우세하고 생장 속도가 빨라 미국과 일본 등지에서 악성 잡초로 취급되고 있으며, 세계침입종데이터베이스(GISD)에 등재되어있다. 국내에서는 낙동강 수계를 중심으로 분포범위가 확장될 가능성이 높으며, 제거 및 관리를 위한 정밀조사 및 지속적 관찰이 필요하다.

P22

Epilobium parviflorum Schreb. (Onagraceae)의 국내 분포와 국명 제안

나혜련^{1p}, 이만규², 한병우¹, 현진오¹

¹(주)동북아생물다양성연구소, 하남; ²한국교사식물연구회, 서울

2017년부터 2021년까지 전남 완도군과 신안군 일대에서 분포가 확인된 바늘꽃과(Onagraceae)의 *Epilobium parifloraum* Schreb.를 보고한다. 본 종은 국내에 자생하는 바늘꽃속(*Epilobium* L.) 식물 중, 큰바늘꽃(*E. hirsutum* L.)과 유사하나 잎이 줄기를 둘러싸지 않으며 꽃의 크기가 1/2 정도로 작고 색이 연하며, 암술대와 수술대의 길이가 비슷하고 주두가 깊게 갈라지지 않는 점에서 구분된다. 중국, 일본을 비롯한 유라시아와 아프리카에 자생하며, 북아메리카와 뉴질랜드에 귀화하여 분포한다. 그동안 국내 식물도감 및 식물상 문헌에는 기록된 바 없으나 중국식물지에는 한국에 자생하는 것으로 보고되어 있으며, 산림청 국가표준식물목록에는 재배식물인 '소화바늘꽃'으로 등록되어 있다. 연구팀은 2017년 8월 전남 완도군 고금도(세동리)에서 처음으로 분포를 확인한 이후, 2021년 7월까지 완도(대신리), 청산도(창계리)를 비롯하여 신안군 팔금도(진고리), 박지도(박지리), 자라도(자라리), 장산도(팽진리)에서 분포를 확인하였다. 본 종은 해안가 저지대의 묵논, 저수지, 농수로, 임도 주변에 생육하며, 고마리, 골풀, 애기부들 등의 습생 및 정수식물과 섞여 자란다. 본 종의 생육지가 대부분 주거지와 가까운 교란된 개방지역이므로 귀화식물로 판정할 수도 있으나, 국내 도입 유래가 확실치 않고 인접한 중국과 일본에 분포하며, 도서지역에 불연속적으로 분포하는 특성을 고려하면 자생식물일 가능성이 높다. 우리나라 해안·도서지역에 야생으로 분포하는 특성을 고려하여 중국명인 소화바늘꽃 대신에 '갯바늘꽃'을 국명으로 제안한다.

P23

New record of an alien plant, *Juncus torreyi* (Juncaceae) in Korea

Jongduk Jung^{1p}, Kyu Song Lee², Jin-Oh Hyun¹

¹Northeastern Asia Biodiversity Institute, Hanam-si, 12982, Korea

²Department of Biology, Gangneung-Wonju National University, Gangneung-si, 25457, Korea

A member of Juncaceae, *Juncus torreyi* Coville, was found at a pool of beach in Gangwon province, Korea. This rush is native in North America and is belong to sect. *Ozophyllum* (subgen. *Juncus*) according to the morphological characteristics such as racemous inflorescence, and absence of floral bracteole, unitubular leaves with perfect septa. The Korean native species of sect. *Ozophyllum* are *J. wallichianus* Laharpe, *J. papillosus* Franch. & Sav., and *J. krameri* Franch. & Sav. Newly recorded plant is easily distinguishable from the three Korean rushes by long rhizomes with swollen nodes and spherical heads with 25–100 flowers. The Korean name is proposed as ‘Buk-mi-gol-pul’ based on the fact that it is widely distributed naturally in North America. Introduction into Japan and Europe was reported but ecological risk including over dispersal was not known.

P24

사철검은재나무(*Symplocos nakaharae* (Hayata) Masam.)의 분류학적 실체 및 국내 분포

최영민¹, 한병우^{2p}, 조용래¹, 현진오²

¹한국파라텍소노미스트회, 하남; ²동북아생물다양성연구소, 하남

60년 전 문헌으로만 기록된 후, 실체가 확인되지 않았던 사철검은재나무(*Symplocos nakaharae* (Hayata) Masam.)의 자생지를 경상남도 거제도에서 발견하여 보고한다. 사철검은재나무는 한국산 노린재나무속(*Symplocos*) 식물 중 검은재나무(*S. sumuntia* Buch.-Ham. ex D. Don)와 함께 상록수이므로 검노린재나무(*S. tanakana* Nakai), 노린재나무(*S. sawafutagi* Nagam.), 섬노린재(*S. coreana* (H. Lév.) Ohwi) 등 낙엽성 식물들과 구분된다. 또한 사철검은재나무는 제주도에 자생하는 검은재나무에 비해 잎가장자리가 안쪽으로 말리며, 꽃차례는 털이 없고, 대부분 응축된 형태로서 잎겨드랑이에 달린다. 열매에 턱잎이 속존하는 것도 식별형질이다. 거제도 자생지는 면적 약 1,000㎡의 대규모 자생지로서 바닷가에 인접해 있다. 생육지 식생은 곰솔, 소나무 숲으로 아교목층에는 굴피나무, 사스레피나무, 관목층에는 거제딸기, 찔레나무, 초본층에는 으름덩굴, 자금우, 주름조개풀 등이 자라고 있다. 지름 19.5cm, 높이 7m의 개체를 비롯하여, 80여 그루가 자생하고 있다. 그동안 문헌에서만 한반도에 자생하는 것으로 알려졌던 식물들의 자생 여부에 대한 재검토가 필요한데, 매화오리나무(*Clethra barbinervis* Siebold & Zucc.), 거미난(*Taeniophyllum glandulosum* Blume), 황새승마(*Actaea cimicifuga* L.) 등이 문헌에는 기재되어 있으나 실제로는 한반도에 분포하지 않는 대표적인 식물이다. 사철검은재나무도 문헌에만 기록되었을 뿐, 지금까지 한반도에서 채집된 표본이 전혀 없어 한반도 미분포 식물로 여겨져 왔다.

P25

한국특산 신변종: 노랑섬나무딸기
(*Rubus takesimensis* Nakai var. *flavus* J. O. Hyun)

강경숙^P, 장병태, 현진오

(주)동북아생물다양성연구소

울릉도 특산식물 섬나무딸기의 신변종인 노랑섬나무딸기 *Rubus takesimensis* Nakai var. *flavus* J. O. Hyun를 울릉도에서 발견하여 보고한다. 이 변종은 한 개체 내에서 열매가 모두 노란색으로 성숙하는 점이 열매가 붉은색인 섬나무딸기와 구분되며, 잎과 어린 줄기의 색깔도 연노란색을 띠는 녹색이어서 녹색이거나 짙은 녹색인 기본종과 구별된다. 국명은 열매가 노란색으로 성숙하는 특징을 고려하여 ‘노랑섬나무딸기’로 하였으며, Holotype 표본과 Isotype 표본을 지정하고, 주요 형질을 제시하였다.

P26

미기록 자생식물: 영덕취
Klaseopsis chinensis (S. Moore) L. Martins (국화과)

강경숙^{1P}, 이만규², 정종덕¹, 현진오¹

¹(주)동북아생물다양성연구소, ²(사)한국교사식물연구회

우리나라 미기록 자생식물 영덕취(국명 신칭) *Klaseopsis chinensis* (S. Moore) L. Martins를 경상북도 영덕군 산지에서 발견하여 보고한다. 해발 600미터 산지 능선부 숲속에 큰 무리를 지어 자라고 있다. 이 분류군은 그동안 중국 특산종으로 알려져 온 식물로 중국 광둥성, 구이저우성, 후베이성, 장시성, 쓰촨성 등지에 분포한다. 독특한 형질로 인해 속(genus)의 전이가 빈번하게 이루어져 왔는데, 1875년 신종 기재 시에는 산비장이속(*Serratula*)으로 발표되었으나, Kitagawa(1979)는 *Klasea*속으로 전이하여 신조합명을 발표했다. Martins(2006)는 뽕꼭채속(*Rhponticum*) 신조합명을 제시하였고, 같은 해 다른 논문에서 모인꽃싸개 조각이 등글고 가장자리 막질이 매우 좁으며, 가지가 갈라진다는 특징을 들어 신속 *Klaseopsis*(영덕취속, 속 국명 신칭)를 발표하고 이 속의 유일한 종으로 처리하였다.

영덕취(국화과, 영덕취속)

Klaseopsis chinensis (S. Moore) L. Martins (Taxon 55: 974. 2006)

= *Serratula chinensis* S. Moore (J. Bot. 13: 228. 1875)

= *Klasea chinensis* (S. Moore) Kitag. (Neolin. Fl. Manshur. 654. 1979)

= *Rhaponticum chinensis* (S. Moore) L. Martins & Hidalgo (Bot. J. Linn. Soc. 152: 461. 2006)

P27

PPG I 양치식물 분류체계에 따른 과 이상 학명의 국명에 대한 제안

이상준^p, 류세아, 현창우, 김민하

국립생물자원관, 인천, 대한민국

최근 분자계통학적 연구의 결과로 양치식물의 분류체계가 크게 변화하였다. 특히, Pteridophyte Phylogeny Group I(PPG I)은 양치식물을 2강, 14목, 51과로 분류하는 체계를 발표하였으며, 최근 많은 학자들이 이를 사용하고 있다. 또한 최근 국립생물자원관은 표본관의 양치식물 수장체계를 PPG I에 따라 변경하기도 하였다. 국가생물자원의 효율적인 관리를 위해서는 PPG I에 따른 강, 목, 과 등의 학명에 대한 국문화가 요구되나, 이에 대한 통일화된 논의가 부족하다. 본 연구에서는 최근 출판된 주요 문헌을 바탕으로 국내 양치식물의 과명 및 그 국명을 비교하여, 그 결과 한반도에 분포하는 31개 과에 대한 국명을 포함하여 PPG I에 따른 51개 과의 국명을 제안하였다. 또한 과 상위계급의 국명도 제시하였다.

P28

계박쥐나물, 한국산 박쥐나물속(국화과) 1 신종

권민지^P, 남기흠, 조형준, 김재영, 정선, 정규영*

국립안동대학교 산림과학과, 안동

국내에 분포하는 박쥐나물속(*Parasenecio* W. W. Sm. & J. Small)은 실체가 불분명한 분류군을 제외한 계박쥐나물(*P. adenostyloides*), 귀박쥐나물(*P. auriculatus*), 나래박쥐나물(*P. auriculatus* var. *kamschatica*), 병풍쌈(*P. firmus*), 민박쥐나물(*P. hastatus* var. *orientalis*), 어리병풍(*P. pseudotaimingasa*) 등 6 분류군이 있다. 그 중, 한국산 계박쥐나물은 일본 특산으로 알려진 *P. adenostyloides*로 취급되고 있으나 일본산 계박쥐나물과 총포편 수가 다른 것으로 확인되었다. 이에 따라 원기재문과 기준표본을 바탕으로 두 분류군이 동일한 분류군인지 검토하였으며, 외부형태학적 및 분자계통학적 연구를 수행하였다. 외부형태적으로 일본산 계박쥐나물과 총포 형태, 총포편 수, 소화 수 및 화관 판통과 판인 길이 비율 등의 형질에서 차이가 나타났다. nrDNA ITS 구간에 대한 분자계통학적 연구 결과, 두 분류군은 유전적으로 구분되었으며, 외부형태학적 연구 결과를 지지하였다. 따라서 한국산 계박쥐나물은 일본산 계박쥐나물과 다른 독립된 신종으로 인식하였다. 그러므로 총포편의 수가 5개인 형질을 근거하여 *P. pentaphylla*로 학명을 부여하였고, 기재문, 도판 및 검색표를 제시하였다.

P29

한반도 고산·아고산식물 정의 및 종 목록 체계 마련 연구

명현호^{1P}, 김진석², 김종현², 김진원¹, 강대현¹, 박홍철¹

¹ 국립공원연구원 기후변화연구센터, ² 한반도식물다양성연구소

전 세계가 마주한 위기에 대해 우려가 쏟아지면서, “다중위기”가 키워드로 부각되는 시점에서 특히, 기후위기에 대해서는 어느 것 하나 자유롭지 못하다. 고산·아고산생태계는 기온상승, 물공급 감소, 이상기후, 폭염 등 다양한 기후 및 기후요인들에 민감하다. 이중 고산식물들이 가장 많은 스트레스를 받아 변화가 나타나고 있으며, 차후 위기의 순간을 맞이할 것으로 판단 된다. 그러나 우리나라는 고산 및 아고산과 관련된 정의, 공간 및 고산식물 등에 대한 체계가 미흡하고, 다양한 이견들이 있다. 따라서, 고산의 기후변화 대응, 생물다양성 보전기반구축 및 적응방안 수립을 위해서는 고산·아고산에 대한 개념적 체계와 종 목록화에 대한 필요성이 요구되었다. 본 연구에서는 고산의 개념, 고산식물 정의 및 기준체계를 정립하여 고산식물, 아고산식물, 후보종으로 종 목록화를 실시하고, 분야별 전문가 평가를 통해 선정하였다. 그 결과 고산식물은 암매, 홍월굴, 실비녀골풀 등 23과 43속 1아종 7변종 60종 68분류군, 아고산식물은 한라솜다리, 구상나무, 눈향나무 등 40과 82속 1아종 17변종 109종 127분류군, 정보 불충분 및 논의가 필요한 후보종은 만년석송, 세바람꽃 등 30과 60속 3아종 5변종 67종 75분류군을 선정하였다. 본 연구는 추후 현장 조사 및 다양한 정보를 확보하여 고산식물에 대해 기준을 재 정립하고, 최종적으로 고산 및 아고산식물의 보전 순위와 법적보호종 선정에 활용할 수 있을 것으로 기대된다.

P30

보리알이끼과 보리알이끼속(*Diphyscium*)의 미기록 선택 2종 보고

심선희¹*, 김진숙², 김진석², 김원희¹

¹국립생물자원관 생물자원연구부 식물자원과, 인천; ²한반도식물다양성연구소, 김포

보리알이끼과(diphysciaceae) 보리알이끼속(*Diphyscium*) 분류군들은 중·북아메리카, 유럽, 아시아지역과 극지방을 포함하여 넓게 분포하며, 전세계 약 23종이 알려져 있다. 보리알이끼속(*Diphyscium*) 특징으로는 3~4mm 정도의 난형의 삭(포자체)과 함께 포엽이 발달하여 보리알알이 달려있는 것처럼 보여지며, 건조상태에서 잎의 말림유무, 잎 형태 및 횡단면의 엽록세포층 유무, 잎 기저부 세포 형태, 엽육세포층수, 포엽의 갈라짐 정도 등으로 동정할 수 있다. 국내에는 환경부 국가생물종목록 기준으로 4종[보리알이끼(*D. fulvifolium*), 애기보리알이끼(*D. perminutum*), 곰이끼(*D. lorifolium*), 국명미정(*D. mucronifolium*)]이 기록되어 있으며, 울릉도, 한라산, 속리산, 설악산 등지에서 조사를 실시한 결과, 미기록 후보종 2종[*D. chiapense* subsp. *unipapillosum* (Deguchi) T.Y. Chiang and S.H. Lin(국명 미정), *D. foliosum* (Hedw.) D. Mohr(국명미정)]을 발견하여 보고한다. 따라서 보리알이끼속의 4종과 미기록 2종(*D. chiapense* subsp. *unipapillosum*, *D. foliosum*)의 cpDNA 염기서열 구간을 이용하여 계통수를 작성하고, 관찰된 형태적 특징을 바탕으로 국내 보리알이끼속에 대한 검색표를 제시한다.

□ 연계과제

NIBR202305103 자생생물 유전자 다양성 연구(2023년)

P31

연화산(강원도 태백시)의 관속식물상

정현진^P, 장주은, 김알렉세이, 김영수, 김지은,
이정심, 이강협, 이세령, 강은수, 길희영, 한상국*

국립수목원 산림생물다양성연구과, 포천 11186

연화산은 백두대간의 핵심인 함백산, 태백산, 금대봉이 있는 강원도 태백시의 산으로, 함백산으로부터 뺀어 나온 자락에 위치한다. 연화산의 고도는 1,172 m 이며, 북방계 희귀·특산 및 고산식물의 자생지가 있는 태백산과 인접해 이와 유사한 식물상이 나타날 수 있어 생물다양성이 기대되는 지역이다. 그러나 연화산의 서쪽에는 주거, 상가, 관공서가 밀집되어 있고 연화산 유원지에는 오토캠핑장과 간이 체육시설이 설치되어 있어 산행이나 운동, 캠핑을 목적으로 하는 관광객이 다수 방문한다. 때문에 방문객에 의한 산림 훼손과 외래식물의 유입 등 생물다양성 손실과 생태계 교란이 우려되는 상황이다. 따라서 본 연구에서는 연화산의 현재 관속식물상을 파악하여 외래식물 유입 방지 및 식물다양성 보존 방안 수립 등을 위한 기초자료를 제공하고자 한다. 2022년 4월부터 9월까지 총 14회의 현지 조사를 수행하여 조사 중 확보된 표본을 근거로 관속식물목록을 작성하였다. 연화산에서 생육이 확인된 관속식물은 87과 282속 443종 15아종 41변종 8품종으로 총 507분류군이다. 한반도 특산식물은 22분류군, 적색목록 위협범주 및 준위협 식물은 3분류군, 식물구계학적 특정식물은 102분류군을 확인하였다. 침입외래식물은 34분류군이 확인되었으며, 생태계교란식물은 3분류군이었다. 연화산의 도시화지수는 12.8%, 귀화율은 6.3%이었다. 연화산의 생물다양성을 보전하면서 그 생태적 의미와 가치를 교육적인 방향이나 자연경관으로써 향유하기 위해서는 생태계교란식물의 확산과 산림 훼손을 방지하기 위한 구체적인 관리 방안 수립이 필요할 것으로 판단된다.

*(Corresponding author) Email: hansk75@korea.kr, Tel.: +82-31-540-8814

***(Acknowledgement) 본 연구는 국립수목원 한반도 식물 종다양성 이해 증진을 위한 온라인 식물상 기반구축연구(KNA1-1-23, 18-1)의 일환으로 수행되었습니다.

P32

보래봉과 회령봉의 식물상

김지은^P, 김영수, 장주은, 정현진, 김알렉세이, 이정심, 한상국

산림생물다양성연구과, 국립수목원, 포천

식물상 연구는 종 다양성 현황을 파악하며 증거표본을 바탕으로 변화를 평가 및 예측하고 한반도의 기후환경 및 생물다양성을 기록할 수 있다. 한편 보래봉과 회령봉은 자원식물 보전가치를 지니고 있지만 등산로와 임도를 통한 인위적인 간섭이 우려되는 지역이다. 따라서 본 연구는 증거표본 및 사진자료에 기초하여 보래봉과 회령봉의 관속식물을 보고하고 현황을 파악하며 선행연구와 비교를 통해 식물자원 보존과 생태계교란종 추가 유입 방지방안 마련을 위한 기초자료로 활용하고자 수행되었다. 2022년 4월부터 11월까지 총 11회에 걸쳐 현지조사를 조사한 결과, 87과 269속 401종 13아종 35변종 6품종으로 총 455분류군이 확인되었다. 적색목록은 EN 2분류군, NT 2분류군으로 총 4분류군이며 한반도 특산식물은 18분류군, 식물구계학적 특정식물은 V 등급 1분류군, IV 등급 16분류군, III 등급 31분류군, II 등급 31분류군, I 등급 23분류군으로 총 102분류군이 확인되었다. 외래식물은 17분류군, 생태계교란종은 2분류군(환삼덩굴, 미국쑥부쟁이)이 조사되었다. 따라서 자생지 훼손과 개체군 감소가 우려되는 분류군은 지속가능한 이용을 위한 보전전략 및 관리방안이 요구되며, 빠른 확산을 통한 생태계 교란으로 종 다양성을 저해하는 분류군은 각각의 생육특성에 맞는 방제법을 강구해야 한다. 한편 기존 선행연구와 비교를 통해 본 연구에서 38과 76속 86종 1아종 8변종 5품종 총 98분류군이 처음으로 확인되었으며 63과 196속 219종 5아종 28변종 11품종 263분류군이 확인되지 않았으며 이는 조사구역과 선행연구의 오동정에 의한 기록 차이가 있을 것으로 사료된다.

P33

Floristic study of the Freshwater Plants in Taeon

Hwang Yong^{P1}, Jeong-Ki Hong¹, Kyoung-Su Choi¹, Hee-Hyeok Kang², Nae-Kyu Park²

¹Plant Research Team, Nakdonggang National Institute of Biological Resources, Sangju, Korea; ²Chollipo Arboretum, Research Team, Taeon, Korea

This study is a study to identify the distribution status of aquatic and riparian plants distributed of the freshwater area in Taeon. Previous studies have mainly focused on the flora and vegetation structure of coastal dunes (Shin *at al.*, 2015; Kwon, 2021; Kim *at al.*, 2022) and the distribution and habitats characteristics of salt plants, dune plants, exotic plants, and coastal plants in Taeon (Pak *at al.*, 2013; Pak, 2016). In addition to studies focusing on coastal dunes and coastal vegetation zones, research and investigations on the current status of freshwater plants including aquatic and riparian plants in the Taeon area are insufficient. A survey of aquatic and riparian flora was conducted, focusing on 30 points formed by rainfall and surface water in Taeon. In the field survey, industrial drones and lightweight lidar were used to search for plants within the survey range and measure water depth. Flora surveys were conducted according to the guidelines for aquatic ecosystem health surveys and evaluations. Efforts were made to secure specimens of submerged plants, floating plants, floating leaved plant, and emergent plants with recognition traits of flowering and fruiting periods using throwing hooks, landing nets, and pole scissors. As a result, plants of 391 taxa, 94 families, 231 genera, 360 species were identified in the freshwater area. This study is intended to be used as basic data on the freshwater environment and the distribution of aquatic and riparian plants in Taeon area.

P34

복계산(철원군·화천군) 일대의 관속식물상

김영수^P, 김지은, 이정심, 장주은, 정현진, 김알렉세이, 한상국*

국립수목원 산림생물다양성연구과, 포천

복계산(1,057.2m)은 행정구역상 강원도 철원군 근남면과 화천군 상서면의 경계에 걸쳐있는 산으로, 식물구계지리학적으로 중부아구에 속하며, 한반도 산림대 중 온대중부대에 해당한다. 해당 지역은 한북정맥 종주의 시작점으로, 수피령을 찾는 등산객의 방문이 잦으며, 2020년부터 매월대 폭포 인근 숲속야영장 조성공사가 시행되고 있어 주변 환경 훼손 및 관광객 증가로 인한 생태계 교란이 우려되는 상황이다. 따라서 본 연구는 복계산 일대의 관속식물상을 파악하고, 특산식물, 외래식물 등 주요 식물의 분포 현황을 파악하여 식물다양성 보존을 위한 기초자료를 제공하고자 한다. 복계산 일대의 식물상을 파악하기 위하여 2022년 3월부터 9월까지 총 8회에 걸쳐 현지조사를 수행하였다. 그 결과 해당지역의 관속식물은 총 85과 242속 314종 11아종 31변종 5품종으로 총 361분류군이 확인되었다. 이 중 한반도 특산식물은 누른괘이눈, 미치광이풀, 금마타리 등 19분류군, 식물구계학적 특정종은 투구꽃, 금강초롱꽃 등 71분류군이 확인되었다. 침입외래식물은 단풍잎돼지풀, 붉은서나물 등 17분류군으로, 귀화율은 4.4%였다. 이중 생태계교란식물인 돼지풀과 단풍잎돼지풀은 매월대 등산로 초입부터 계곡을 따라 광범위하게 분포하는 것이 확인되었으며, 해당지역은 누른괘이눈, 병조희풀 등 주요 특산식물의 자생지이기 때문에 생태계 교란 방지를 위한 대책 마련이 필요할 것으로 여겨진다. 본 연구 결과는 복계산과 복주산 지역의 생태계 보존을 위한 기초 연구 자료로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

P35

A floristic study of Gyeongju National Park in Korea

Mi-Jung Choi^{P1}, Soonku So², Ju Eun Jang³, Hyeok-Jae Choi⁴

¹Department of variety examination, National Forest Seed & Variety Center, Chungju, Korea; ²Korea National Park Research Institute, Korea National Park Service, Wonju, Korea; ³Korea; Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum, Pocheon, Korea; ⁴Department of Biology & Chemistry, Changwon National University, Changwon, Korea

Gyeongju National Park, the only historical national park in Korea, has many cultural assets and natural sceneries. This region is one of the most important areas to understand the process of forming southeastern flora on the Korean Peninsula. We conducted 27 floristic surveys for the Gyeongju National Park from February to October 2017. The flora of this area summarizes 697 taxa, 121 families, 392 genera, 618 species, 15 subspecies, 52 varieties, eight forms, and four hybrids based on voucher specimens and photographs. Among them, four taxa were endangered plants in Korea, and 23 taxa were rare plants. For the Korean endemic plants were 24 taxa. There were 128 taxa of floristic target species in this area containing 5 taxa of grade V, 17 taxa of grade IV, 29 taxa of grade III, 25 taxa of grade II, and 52 taxa of grade I. This area had 44 taxa of introduced and naturalized plants. The naturalization and urbanization index rates are 6.31% and 12.86%, respectively. In addition, we found five species of ecosystem disturbance plants. These results will contribute to the conservation of endangered species and essential plant resources and efficient park management of Gyeongju National Park.

P36

어청도(군산시)의 관속식물상과 남방계식물의 분포

박민수^{1,2}, 장현도³, 나누리², 남보미⁴, 장창기^{2*}

¹한국생명공학연구원 해외생물소재센터, 대전; ²국립공주대학교 생물교육학과, 공주; ³국립수목원 전시교육연구과, 포천; ⁴국립호남권생물자원관 식물자원연구부, 목포

어청도는 행정구역상 군산시 옥도면에 소속된 16개 유인도 중 하나로, 면적은 1.80km², 해안선의 길이는 10.8km이다. 경위도상 북위 36°06', 동경 125°58'로 고군산열도 중에서 가장 서쪽에 위치하고, 식물구계학적으로 남해안아구에 속하며, 한반도 산림대 중 온대남부림에 해당한다. 본 지역에 대한 선행 조사로는 정(1933)에 의한 281분류군이 최초로 있었고, 이후 김 등(1996)은 78과 213속에 속하는 319분류군을 보고하였으나, 증거표본을 제시가 없기 때문에 목록을 추가로 검토하는데 어려움이 있다. 따라서 본 연구에서는 우선적으로 어청도에 대한 현지조사를 통해 증거표본을 수집하였으며, 증거표본을 기초로 작성된 관속식물상을 바탕으로 정확한 자생식물상을 확인하고 식물지리학적 특이성과 중요성을 파악하여 어청도의 종다양성 보존을 위한 기초자료를 수집하고자 하였다. 어청도 일대의 식물상을 파악하기 위하여 2022년 4월부터 9월까지 총 3회에 걸쳐 현지조사를 수행하였고, 그 결과 어청도에 생육하는 관속식물은 총 83과 232속 312종 5아종 25변종 6품종 2잡종 등 350분류군으로 확인되었다. 이 중 기존의 조사에서는 발견되지 않았으나 본 조사에서 최초로 밝혀진 식물은 160분류군이었다. 어청도 일대에 자생하는 식물들 중에는 한국 특산식물 3분류군, 희귀식물 중 취약종(vulnerable, VU) 2분류군, 침입외래식물 33분류군이 발견되었다. 또한 어청도가 한반도 분포의 남한계인 식물로 다정큼나무, 당광나무 등 7분류군이 새로이 확인되었다. 본 연구결과는 어청도의 생태계 보존 및 한반도 기후변화에 따른 대응책을 마련하기 위한 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

※본 연구는 환경부 산하 국립호남권생물자원관(과제번호: HNIBR202101107)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

P37

Hallasan Mountain, the meeting place of boreal and subtropical bryophytes

Hyun Min Bum^{P1}, Seung Jin Park², Vadim A. Bakalin³, Myung Ok Moon⁴, Seung Se Choi^{5*}

¹Department of Life Science, Jeonbuk National University, Jeonju 54896, Korea; ²Honam National Institute of Biological Resources, Mokpo 58762, Korea ; ³Botanical Garden-Institute, Vladivostok 690024, Russia; ⁴Institute of Forestry, Jeju, 63133, Korea; ⁵Team of National Ecosystem survey, National Institute of Ecology, Seocheon 33657, Korea

We investigated the bryophyte flora of Hallasan mountain National Park in Korea by conducting a total of fifteen field surveys from April of 2022 to October of 2022 at various mountainous sites in the park. A checklist based on a study of 1,500 specimens is provided as well. During the surveys, we recorded 343 taxa belonging to 80 families, 169 genera, 333 species, 4 subspecies, and 9 varieties. Among these, 198 species were reported as new to the flora of the Hallasan Mountains. The valuable species as first recorded for the Hallasan mountain are *Buxbaumia aphylla* Hedw., *Buxbaumia minakatae* S. Okamura., and *Marsupella vermiformis* (R.M. Schust.) Bakalin & Fedosov. The main boreal species are *Anthelia juratzkana* (Limpr.) Trevis., *Radula brunnea* Steph., and *Oligotrichum aligerum* Mitt. The main subtropical species are *Cavicularia densa* Steph., *Pallavicinia subciliata* (Austin) Steph., *Wiesnerella denudata* (Mitt.) Steph. and *Megaceros flagellaris* (Mitt.) Steph. The characteristics of these species suggest that flora of Hallasan mountain in Jeju island is a gained link between boreal and subtropical floras. Also, *Pallavicinia levieri* Schiffn. is recorded for the first time for Korean Peninsula

P38

Flora of Mongolia (2016-2022)

Shukherdorj Baasanmunkh^{P1}, Batlai Oyuntsetseg², Tsegmed Zagarijav³, Takashi Shiga⁴,
Okihito Yano⁵, Kae Sun Chang⁶, Gyu Young Chung⁷, Hyeok Jae Choi^{1*}

¹Department of Biology & Chemistry, Changwon National University, Changwon, Korea;

²Department of Biology, School of Arts and Science, National University of Mongolia, Ulaanbaatar, Mongolia; ³Laboratory of Plant Taxonomy & Phylogenetic, Botanical Garden & Research Institute, Mongolian Academy of Sciences, Ulaanbaatar, Mongolia;

⁴Faculty of Education, Niigata University, Niigata, Japan; ⁵Faculty of Biosphere-Geosphere Science, Okayama University of Science, Okayama, Japan; ⁶Korea National Arboretum, Pochon, Korea; ⁷School of Bioresource Science, Andong National University, Andong, Korea

*Correspondence: hjchoi1975@changwon.ac.kr

Since 2016, the Korea National Arboretum has funded “Flora of Mongolia” project, which focuses on vascular plants in Mongolia. Our initial step is undertaking field surveys in various vegetation types in northern, eastern and western parts of Mongolia. Based on six years field surveys, we collected approximately 15,000 herbarium collections which were deposited in KNA, UBU, and NGU. During the project periods, we have published the new checklist of native vascular plants and endemic plants including 3,140 taxa and 102 taxa, respectively, recognized in Mongolia. Moreover, several genera and families such as Orchidaceae Juss. (26 taxa), Nymphaeaceae Salib. (2 species), Menyanthaceae Dumort (2 species), as well as genera *Primula* L. (13 taxa), *Campanula* L. (11 taxa), and *Gueldenstaedtia* Fisch. (2 species) were revised based on morphology, conservation status, and distribution. Furthermore, two genera and 15 species were newly recorded in the flora of Mongolia. Since 2020, we have been producing a distribution atlas of vascular plants in Mongolia. Finally, we prepared the book “Illustration flora of Mongolia” including 1,160 species which is sharing about 36% compared to the total of vascular plants in Mongolia.

P39

**Anagenetic evolution of *Arisaema takesimense* (Araceae)
on Ulleung Island, Korea**

Ye-Rim Choi^P, Seung-Chul Kim

Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University, Suwon, Korea

Arisaema takesimense, endemic to Ulleung Island, was first described by Nakai (1929) based on its distinct morphological characteristics. However, its taxonomic distinction from continental closest relative, *A. serratum*, and origin on Ulleung Island have never been investigated rigorously. We sampled a total of 19 populations (88 accessions in 11 populations for *A. serratum* and 64 accessions in 8 populations for *A. takesimense*) and utilized six chloroplast noncoding regions to assess phylogenetic relationships between them and to gain insight into the genetic consequence of anagenetic speciation. The phylogenetic analysis showed that *A. takesimense* is strongly supported monophyletic group but is embedded deeply within *A. serratum*, confirming a progenitor-derivative species pair relationship. One rare 20 bp inversion was shared between *A. takesimense* and southern continental populations of *A. serratum*, revealing plausible geographical sources of insular derivative. A split between *A. takesimense* and *A. serratum* was estimated at 1.9 myr, which corresponds to the age of Ulleung Island. We found significant genetic divergence between the species pair and slight reduction in genetic diversity without population differentiation in *A. takesimense*. These results are consistent with other anagenetically derived species on Ulleung Island. The pattern of genetic diversity found in this study will provide vital information for conserving highly threatened endemic plants on oceanic island.

P40

**Molecular evidence of the hybrid origin of
Elaeagnus ×maritima and *E. ×submacrophylla* in Korea**

Young-Jong Jang^{1,2p}, Beom Kyun Park¹, Kang-Hyup Lee¹, Dong Chan Son¹

¹Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum of the Korea Forest Service, Pocheon, Korea; ²Department of Biological sciences and Biotechnology, Chonnam National University, Gwangju, Korea

Elaeagnus ×maritima and *E. ×submacrophylla* have been proposed as hybrid taxa based on morphological characteristics. In this study, phylogenetic relationships analyzed genus *Elaeagnus* sect. *Sempervirentes* taxa based on two nuclear regions (ITS, 5S rDNA) and one chloroplast region (matK), to establish the taxonomic identities of *E. ×maritima* and *E. ×submacrophylla* in Korea. As a result of molecular analysis, *E. ×maritima* individuals showed additive species-specific sites of *E. glabra* and *E. macrophylla* in the nuclear regions (ITS and 5S rDNA). But the plastid donors (maternal origin) could not be estimated, since no species-specific sites between *E. glabra* and *E. macrophylla* were observed in the chloroplast region (matK). *E. ×submacrophylla* individuals showed additive species-specific sites of *E. pungens* and *E. macrophylla* in the nuclear regions, and sequences of *E. pungens* or *E. macrophylla* were observed in the chloroplast region. So, a hybrid speciation has occurred in bidirection. In addition, some *E. ×submacrophylla* individuals showed discrepancies between nDNA and cpDNA. We suggest that backcrossing or introgression with their parental species occurred after hybridization.

This research was funded by Scientific Research Grants (KNA1-1-18, 15-3) from the Korea National Arboretum, Korea.

P41

Chloroplast DNA and MIG-Seq data insight into the anagenetic evolution of Ulleung Island endemic *Adenophora erecta* (Campanulaceae)

Hyeon Soo Kim^{P12}, Ji-Young Yang³, Myong-Suk Cho¹, Seung-Chul Kim¹

¹Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University, Suwon, Korea;

²Department of Forest Bioresources, National Institute of Forest Science, Suwon, Korea;

³Research Institute for Dok-do and Ulleung-do Island, Kyungpook National University, Daegu, Korea

Ulleung Island, which is formed <2 million years ago, is home for approximately 500 native vascular plant species and is known for its exceptionally high level of anagenetic speciation. Two factors, i.e., low-elevation island with low habitat heterogeneity, are correlated with high levels of anagenesis on Ulleung Island. Several endemic plant species on Ulleung Island have been excellent model systems to investigate their anagenetic evolution and to understand the genetic consequences of anagenetic speciation. In this study, we conducted preliminary phylogenetic and population genetic analyses to gain insight into anagenesis of *Adenophora erecta*, which is categorized as CR (critically endangered) in the Korean Red List. The phylogenetic analysis based on the chloroplast DNA suggested reciprocal monophyly between continental progenitor *A. remotiflora* complex and insular derivative *A. erecta*. We found mutually exclusive one and six haplotypes for *A. erecta* and *A. remotiflora* complex, respectively. Based on a total of 464 MIG-Seq SNPs, *A. erecta* has no significant reduction in genetic diversity when compared with its continental progenitor species. In addition, we found significant genetic differentiation between continental and insular species and low population differentiation in Ulleung Island endemic *A. erecta* and continental close relative *A. remotiflora* complex. Despite the need for additional sampling in neighboring countries of *A. remotiflora*, this study provides preliminary phylogenetic and population genetic insights into the anagenetically derived insular endemic *A. erecta* on Ulleung Island.

P42

Taxonomic revision of Snow Lotus group (*Saussurea*, Asteraceae) in Central Asia and South Siberia

Nudkhuu Nyamgerel^{P1}, Shukherdorj Baasanmunkh¹, Batlai Oyuntsetseg², Gun-Aajav Bayarmaa², Inkyu Park¹, and Hyeok Jae Choi^{1*}

¹Department of Biology and Chemistry, Changwon National University, Changwon, Korea; ²Department of Biology, School of Arts and Science, National University of Mongolia, Ulaanbaatar, Mongolia

*Correspondence: hjchoi1975@changwon.ac.kr

Six species of *Saussurea* namely *S. involucrata*, *S. orgaadayi*, *S. bogedaensis*, *S. dorogostaiskii*, *S. revjakinae* and *S. krasnoborovii* are known as the “snow lotus” in Kyrgyzstan, east Kazakhstan, Mongolia, Russia (south Siberia), and China (Xinjiang). These species are globally threatened because of their use as traditional medicines. In addition, all species are decreasing primarily due to illegal harvesting from the wild and climate change. However, taxonomic classification and identification remains unclear due to limited researches with these rare and endangered species. In this study, we critically examined those species based on morphological and molecular data using the samples from Kyrgyzstan, Mongolia and Russia. Based on the results, we found several fundamental results: (i) *S. krasnoborovii* is synonymous with *S. dorogostaiskii*; (ii) *S. involucrata* is excluded from the Mongolian flora due to misidentification as *S. orgaadayi* or *S. bogedaensis* for long time. The morphological characteristics of *S. dorogostaiskii* is belong to the subgenus *Amphilaena* but our phylogenetic results suggest that *S. dorogostaiskii* is closely clustered with *S. baicalensis* (section *Lagurostemon*, subgenus *Saussurea*). Thus, *S. dorogostaiskii* is hold an intermediate position between the subgenus *Amphilaena* and *Saussurea*. During our field surveys, we found also an unknown species of *Saussurea* from Mongolia, which is morphologically similar both *S. dorogostaiskii* and *S. baicalensis*. Overall, the most important morphological character is phyllary (glabrous or pubescence) among the Snow Lotus. In addition, each species is clearly distinguished by ITS and cpDNA (*trnK* and *trnH-psbA*) regions. Finally, we provided the morphological description, distribution map, photo illustration, conservation assessment, taxonomic notes for Snow Lotus and its related species.

P43

**Phylogeny and character evolution of the *Daphne* group
(Thymelaeaceae: Daphneae)**

Su-Chang Yoo^{P1}, Patrikz Mráz², Sang-Hun Oh¹

¹Department of Biology, Daejeon University, Daejeon 300-716, Korea; ²Department of Botany & Herbarium PRC, Charles University, Benátská 2, Czechia

Thymelaeaceae is evergreen or deciduous tree, shrub or herb, consisting of approximately 50 genera and 800 species worldwide, mostly in tropical and temperate regions of Africa, India, and Australia. In Korea, there are ten species in five genera (*Daphne*, *Diarthron*, *Edgeworthia*, *Stellera*, and *Wikstroemia*), which has been classified in the *Daphne* group in subfamily Thymelaeoideae. To investigate the phylogenetic relationship of the genera within the *Daphne* group and to understand patterns of morphological characters, the nucleotide sequences of the ITS, *matK*, and *rbcL* regions were determined from 36 species of 8 genera. Our phylogenetic analyses showed that *Daphne* and *Wikstroemia* did not form monophyletic groups. *Daphne genkwa* was nested within *Wikstroemia*, suggesting that traditional circumscription of *Wikstroemia* should expand to include *D. genkwa*. The broad sense of *Wikstroemia* was sister to *Stellera*, and the core *Daphne* clade sister to *Diarthron*. *Edgeworthia* was a sister to a clade of *Daphne*, *Diarthron*, *Stellera* and *Wikstroemia*. *Daphnopsis* and *Dirca* appeared to be a sister group of all other genera. Reconstruction of evolutionary pattern of several characters that have been used to distinguish *Daphne* from *Wikstroemia*, such as leaves pubescence, inflorescence position, inflorescence type, hypanthium pubescence, and disk shape showed a complex pattern of homoplasy. The results explains the difficulty of traditional delimitation of *Daphne* and *Wikstroemia* using morphological characters.

P44

MatK 구간 염기서열 분석을 통한 한국산 마속의 계통유연관계 분석

정대희¹, 김재영², 조형준², 박홍우^{1*}, 문병철³, 정규영²

¹국립산림과학원 산림약용자원연구소; ²안동대학교 산림과학과;

³한국한의약연구원 한약자원센터

한국산 마속 분류군의 계통유연관계를 알아보기 위해 국내 자생하는 6 분류군과 GenBank의 중국산 19 분류군, 일본산 3 분류군 등을 포함한 총 30 분류군을 대상으로 cpDNA *matK* 구간 염기서열을 분석하였다. 그 결과 군외군(outgroup)으로부터 크게 2 개의 분계군(clade)이 구분되었다. 첫 번째 분계군은 국내에 분포하는 마와 참마가 포함된 마절(*Scet. Enantiophyllum*)을 비롯한 *Opsophyton*절, *Combilium*절, *Shannicorea*절, *Lasiophyton*절 및 *Botryosicyos*절의 분류군으로 형성되었으며, 이 중 마절은 88 %의 bootstrap 신뢰도로 분계군 내에서 하나의 분계조(subclade)로 구분되었다. 두 번째 분계군은 부채마절(*Scet. Stenophora*)의 분류군으로 구분되었으며, 특히 국내 자생 분류군인 부채마, 각시마, 단풍마 및 푸른마는 68 %의 bootstrap 신뢰도로 하나의 분계조를 형성하였다. 또한 그동안 종에 혼동이 있었던 푸른마와 도꼬로마는 분계조 내에서 각 분류군으로 명확하게 유집군을 형성하였다. 이러한 결과는 마속의 외부형태적 형질을 활용한 유집분석 연구에서도 공통적으로 확인되어 분자생물학적 연구 결과의 타당성을 지지하였다. 단순유집계수(SM, simple matching coefficient) 및 비가중평균결합(UPGMA, unweighted pair group method with arithmetic mean) 방법으로 수행한 유집분석에서 2 개의 그룹이 유사도지수 0.250 에서 크게 구분되었다. 첫 번째 그룹에서 마와 참마는 유사도지수 0.8965 에서 종간에 높은 유연관계를 나타내며 마절 그룹으로 유집되었으며, 두 번째 그룹에서 부채마, 단풍마, 각시마 및 푸른마는 부채마절 그룹으로 유집되어 마절과 부채마절의 구분을 나타내었다.

*(Corresponding author) E-mail: redrain39@korea.kr Tel: +82-54-630-5649

** (Acknowledgement) 본 연구는 국립산림과학원 연구개발 사업(과제번호: FP0802-2022-04-2022)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

P45

Applying dna barcodes to identify of Polypodiaceae in Korea

Narae Yun^{1P}, Ja Ram Hong², Chae Eun Lim³, Jina Lim^{3*}

¹Division of Botany, Honam National Institute of Biological Resources, Mokpo 58762, Korea, Korea; ²Division of Life Sciences, Korea University, Seoul, Korea; ³Strategic Planning Division, National Institute of Biological Resources, Incheon

The family Polypodiaceae consists of 65 genera and an estimated 1,652 species distributed worldwide, with most species diversity occurring in tropical and subtropical forests, particularly in the paleotropics. In Korea, 24 species of 10 genera, including *Colysis*, *Lemmarphyllum*, *Lepisorus*, *Loxogramme*, *Microsorium*, *Neocheiropteris*, *Pleurosoriopsis*, *Polypodium*, *Pyrrosia*, *Selliguea* are distributed. Previously, distribution and morphological studies of Polypodiaceae have been conducted in Korea but require more systematic research. In this study, we are to (1)screen and evaluate potential plastid barcodes in Polypodiaceae; (2)discuss guidelines for barcoding Polypodiaceae. Forty-five individuals from 21 taxa were obtained, and the PCR success rates for *psbA-trnH*, *rbcl*, and *matK* were 95.36%, 82.33%, and 74.33%, respectively. The species resolution for each barcode marker region were calculated to be *psbA-trnH*: 84.23%, *rbcl*: 87.52%, and *matK*: 86.36%. The combined marker regions were calculated to be *rbcl+matK*: 85.31%, *trnH-psbA+rbcl+matK*: 87.14%, *trnH-psbA+matK*: 83.45%, *trnH-psbA+rbcl*: 89.22%. The combined experimental data analysis showed that the DNA barcoding of Korean Polypodiaceae using the *trnH-psbA+rbcl* region is effective in obtaining results and the most cost-effective.

This work was supported by a grant from the Honam National Institute of Biological Resources(HNIBR), funded by the Ministry of Environment (MOE) of the Republic of Korea(Grant No. HNIBR202101107) and by the National Institute of Biological Resources(Grant No. NIBR201301014).

P46

Occurrence patterns of gynodioecious taxa in Lamiaceae

Hye-Kyoung Moon^P

Department of Biology, Kyung Hee University, Seoul 20447, Korea

Gynodioecy is a rare sexual system in angiosperms. The presence of gynodioecious populations have been reported in less than 1% of all angiosperm species (ca. 300,000), but they occur widely across approximately 97 families (23%) from 36 orders (56%). In particular, more than 240 gynodioecious taxa have been reported in the family Lamiaceae, which take up 15% of all gynodioecious species recorded so far. However, the occurrence of gynodioecious taxa in Lamiaceae remains unclear with respect to their phylogenetic position, and recent updates to the phylogenetic relationships of Lamiaceae further call for reexamination. Based on the latest phylogenetic information, I will show the occurrence patterns of gynodioecious taxa in Lamiaceae according to taxonomic levels, from which the ecological and phylogenetic correlates of the gynodioecious species in Lamiaceae will be discussed.

*This study is supported by the National Research Foundation of Korea (NRF-2021R111A2059940).

P47

한국산 광의의 끈끈이장구채속(석죽과)의 DNA 바코드 연구
 Phylogenetic relationships of the genus *Silene* in Korea
 base on ITS sequence

최지은^{1,p}, 김원희¹, 오상훈^{2,*}

¹국립생물자원관 식물자원과; ²대전대학교 생명과학과

끈끈이장구채속(*Silene*)은 석죽과(Caryophyllaceae)에서 가장 큰 속으로 주로 동북아시아를 포함한 북반구 온대지역, 아프리카 및 남아메리카에 분포하며, 전 세계적으로 약 900 여 종이 분포한다. 끈끈이장구채속은 계통학적 연구에 기반하여 장구채속(*Melandrim*)을 포함하는 광의의 속으로 처리되고 있다. 한반도산 끈끈이장구채 식물은 귀화종을 포함하여 약 23 종이 분포하는 것으로 보고되어 있으며, 각 분류군은 암술대 수, 삭과의 거치 수 및 모양, 심피모양, 화피열편 수, 종자의 형태에 따라 식별되나 자생하는 생육지의 외부 환경적 요인으로 형태 형질의 변화가 심하다. 예를 들어 장구채의 경우, 자생 환경과 성장 단계에 따라 털의 변이가 빈번하여 중간형질을 지니는 개체들을 털장구채로 구분하기도 하고 장구채로 통합하기도 하는 등 많은 분류학적 혼란이 있어 왔다. 본 연구에서는 한반도산 끈끈이장구채속 식물 20종을 대상으로 ITS 구간의 염기서열을 결정하여 DNA 바코드의 유용성을 분석하였다. 계통분석 결과, 모든 분류군이 독립된 단위로 구분되는 것으로 확인되어 ITS 구간의 종 해상능은 100%로 산출되었다. 또한 형태형질에서 장구채와 유사한 털장구채는 장구채와 독립된 분계조를 형성하였으며, 계통적으로 끈끈이대나물의 자매군으로 나타났다. 한편, 장구채는 한라산의 고유종인 한라장구채와 울릉도의 고유종인 울릉장구채의 분계조와 자매군을 형성하는 것으로 나타나, 이들 두 고유종이 장구채에서 기원하였음을 시사한다. 본 연구 결과, ITS 기반 DNA바코드 구간은 한반도산 끈끈이장구채속의 종 식별 유용성이 높은 것으로 파악되었으며, 주요식별형질을 포함하여 자세한 분류학적 연구가 필요가 있다고 사료된다.

※ 본 연구는 국립생물자원관(자생생물 유전자 다양성 연구(2023), NIBR20200000)의 지원으로 수행되었음.

P48

제주도에서 수집된 제비꽃속(*Viola* L.) 2가지 변이체에 대한 DNA 염기서열 분석

김혜빈^P, 유기역

강원대학교 자연과학대학 생명과학과

본 연구는 제주도에서 수집된 제비꽃속 2가지 변이체(*Viola* sp. A, B)에 대해 DNA 염기서열에 기초한 분류학적 위치를 확인하고자 수행되었다. *Viola* sp. A는 자색 꽃이 피고 개화 후 삼각상 잎을 가지는 제비꽃(*V. mandshurica*), 호제비꽃(*V. philippica*), 털제비꽃(*V. phalacrocarpa*), 서울제비꽃(*V. seoulensis*), 화살잎제비꽃(*V. inconspicua*), 그리고 중국과 일본 등에 분포하는 *V. betonicifolia*를 포함한 총 7 분류군을 함께 분석하였다. *Viola* sp. B는 흰색 꽃이 피고 개화 후 삼각상 잎을 가지는 흰제비꽃(*V. patrinii*), 흰젓제비꽃(*V. lactiflora*), 그리고 흰들제비꽃(*V. betonicifolia* var. *albescens*)을 포함한 총 4 분류군을 함께 비교하였다. 염기서열 분석은 핵 DNA의 ITS 지역과 엽록체 DNA의 9개 지역(*trnL-F*, *atpB-rbcL*, *rbcL*, *matK*, *psbA-trnH*, *trnD-trnY*, *petA-psbJ*, *trnG-trnR*, *ndhF-trnL*) 등 총 10개 지역을 대상으로 하였다. 분석결과, *Viola* sp. A가 포함된 7 종류는 ITS 지역, 9개 cpDNA 지역 통합 및 ITS-cpDNA 지역을 합한 분석결과에서 모두 단계통을 형성하였다. *Viola* sp. A는 모든 분석에서 *V. betonicifolia*와 subclade를 형성하는 것으로 나타나 가장 유사한 종류로 생각된다. 하지만 *V. betonicifolia*는 우리나라에 분포하지 않고 *Viola* sp. A도 제주도 특정 지역에만 분포해 근래에 도입된 미기록 종류일 가능성이 높은 것으로 판단된다. 한편, *Viola* sp. B가 포함된 분석에서 ITS 지역 결과는 흰젓제비꽃이 가장 기부에 위치하고, 나머지 종류는 polytomy를 형성하였으며, 9개 cpDNA 지역 통합 및 ITS-cpDNA 지역을 합한 분석결과에서는 흰제비꽃이 흰들제비꽃-*Viola* sp. B의 tritomy subclade와 흰젓제비꽃 사이에 위치하여 계통학적 결과가 다소 차이를 보였다. *Viola* sp. B는 흰들제비꽃 2개체 및 흰제비꽃과 tritomy 또는 polytomy를 형성하여 비슷한 종류로 생각되지만, 흰제비꽃은 대부분 높은 지역에 분포하므로 제주도의 낮은 지역에서 주로 발견되는 *Viola* sp. B는 흰들제비꽃과 관련성이 더 높은 종류로 판단된다.

P49

**Assessment of phylogenomic relationships of *Orostachys* (Crassulaceae)
and its related genera using Angiosperms 353**

Ha-Rim Lee^{P1}, Kyung-Ah Kim², Halam-Kang¹, Yoo-Jung Park¹, Yoo-Bin Lee¹,
Kyeong-Sik Cheon¹

¹Department of Biological Science, Sangji University, Wonju 26339, South Korea;

²Environmental Research Institute, Kangwon National University, Chuncheon 24341,
South Korea

Genus *Orostachys* is classified into two subsections, *Orostachys* and *Appendiculatae*, which differ by leaf shape (flat or fleshy) and the presence of absence of leaf appendages. However, recently molecular phylogenetic studies revealed a large phylogenetic distance between the two subsections. Additionally, the external morphology characteristics among species of *Orostachys* are very similar, and there is wide variation in external morphological characteristics within each taxon. For these reasons, although several taxonomic studies have been conducted, the phylogenetic relationships among the species and the taxonomic position of many taxa remain unclear. Here, we present analyses of the phylogenomic relationships of *Orostachys* and its related genera, *Meterostachys* and *Hylotelephium*, and the taxonomic position of some *Orostachys* taxa were evaluated based on Angiosperm 353 probe set. The phylogenomic analyses showed that two subsections such as *Orostachys* and *Appendiculatae* were clustered with related to *Meterostachys* and *Hylotelephium*, respectively, supporting the conclusion that each subsection should be considered as an independent genus. Furthermore, the results of this study supported the taxonomic position of *O. margaritifolia* and *O. iwarenge* f. *magnus*, which were treated as synonyms for *O. iwarenge* in a previous study, as independent taxa.

This work was supported by the National Institute of Biological Resources (NIBR) [No. NIBR202206101].

P50

Analysis of plant biodiversity from soil eDNA of the Nari basin on Ulleungdo Island

Geun-Mo Park^P, Yun-Gyeong Choi, Sang-Hun Oh

Department of Biological Science, Daejeon University, Daejeon, Korea

Environmental DNA (eDNA) is traces of DNA released by organisms into their environments and extracted without the isolation of target organisms. eDNA samples that contain intracellular and extracellular DNA have provided rich sources to detect biodiversity in the aquatic environment and permafrost regions. The recovery of plant biodiversity from soil samples, particularly in temperate regions, has not been studied. This study aimed to develop a method to uncover plant diversity from soil eDNA and to compare the metagenomic results with flora determined by morphology. Ulleungdo Island is an excellent model case to investigate plant biodiversity using soil eDNA because the volcanic island has been isolated in the East Sea since its origin and because the flora is well-studied. 54 eDNA samples from soil were collected from three sites at the Nari Basin for six months in 2021 and 2022. A next-generation sequencing method (Mi-seq) was employed to identify molecular OTU using a two-marker system of the nuclear ITS2 region and chloroplast *rbcL*. Results of plant mOTU analysis showed that mOTUs of ITS2 were members of Magnoliophyta only and that those of *rbcL* belonged to various Embryophyta. The plant biodiversity of the three sites determined from eDNA is consistent with local flora, indicating that eDNA may successfully uncover the species composition of the sampled site. This study is the first report of plant diversity from soil eDNA in the temperate region, providing a valuable tool for biodiversity study.

P51

**First record of the complete chloroplast genome of
Polygonatum infundiflorum (Asparagaceae), a Korean endemic species**

Se Ryeong Lee^P, Young-Ho Ha, Dong Chan Son, Sang-Chul Kim*

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

Polygonatum infundiflorum Y.S. Kim, B.U. Oh & C.G. Jang is a Korean endemic species. It is the first report on the complete chloroplast genome of *P. infundiflorum*. Total length of the complete chloroplast genome of *P. infundiflorum* was 154,578 bp, with a GC content of 37.7%. The genome had a large single-copy (LSC) region with 83,527 bp and a small single-copy (SSC) region with 18,457 bp. The LSC and SSC regions were separated by a pair of 26,297 bp inverted repeats (IRs). A total of 113 genes are reported, including 78 protein-coding genes, four rRNA genes, 30 tRNA genes, and one pseudogene (*infA*). Our results are consistent with those reported for total gene numbers, gene order, and CP structure in CP genomes of other *Polygonatum* species. Phylogenetic analysis suggested that genus *Polygonatum* is monophyletic, composed of the sect. *Verticillata*, which was in a basal clade, and sections *Polygonatum* and *Sibirica*, which clustered together. *Polygonatum infundiflorum* belonged to sect. *Polygonatum*, where it clustered with *P. macropodum* (100% bootstrap support) and both were sister to *P. inflatum* (88% bootstrap support). This complete chloroplast genome of *P. infundiflorum* will aid taxonomic identification and study on genetic diversity of related species.

P52

**Complete chloroplast genome sequence of
Adenostemma madurense (Asteraceae)**

Ji Eun Kim^P, Sang-Chul Kim, Ju Eun Jang, Hee-Young Gil

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

Adenostemma madurense D.C. belongs to the family Asteraceae and is a wild annual herb found in Korea. In this study, we determined the phylogenetic position of *A. madurense* by identifying its complete chloroplast sequence. The result indicated a genome size of 150,054 bp, which was composed of a large single copy of 82,008 bp, two inverted repeats of 24,952 bp each, and a small single-copy of 18,142 bp. Overall, 128 unique genes were identified, including 85 protein-coding, 35 tRNA, and 8 rRNA genes. A comparison of the *A. madurense* and *A. lavenia* chloroplast genomes revealed seven variations. Phylogenetic analysis revealed that *A. madurense* formed a clade with *A. lavenia* and had a well-supported phylogenetic relationship with Asteraceae. The first complete chloroplast genome of *A. madurense* was obtained, which would be helpful in explaining the process of speciation in *Adenostemma* and the development of molecular markers.

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

P53

**The new structure of the plastid genome in *Silene takeshimensis*
(Caryophyllaceae), endemic to Ulleung Island, Korea**

Tae-Hee Kim^P, Ju Eun Jang, Sang-Chul Kim, Young-Ho Ha, Hyuk-Jin Kim*

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

Silene takeshimensis Uyeki & Sakata is a perennial herbaceous plant in Caryophyllaceae and it is endemic to Ulleung Island of Korea. Here, we investigated the complete plastid genome of *S. takeshimensis* based on next-generation sequencing. The plastome was 157,699 bp in length, with a large single copy (82,969 bp), a small single copy (13,268 bp), and a pair of inverted repeats (30,731 bp). Compared to the plastid genomes of other *Silene*, it was found that *S. takeshimensis* had a new plastid genome structure: three large inversions (*matK-psaA*, *trnT-UGU-pafII*, *petA-rps12*) and about 6 kb of IR expansions, resulting in the relocation and duplication of many genes. In addition, molecular phylogenetic analysis using protein-coding genes, comparative plastid genome analysis, and the analysis for the investigation of the repeats were performed to determine the phylogenetic relationships between *S. takeshimensis* and related species. It is expected that the new plastid genome structure of *S. takeshimensis* and the phylogenetic relationships within this genus discussed in this study will be the foundation of further molecular evolutionary studies of Caryophyllaceae.

*(Corresponding author) Email: jins77@korea.kr, Tel.: +82-31-540-8811

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

P54

**Comparative plastome analysis of fleabanes
(*Erigeron*: subtribe Conyzinae, Asteraceae) for molecular evolution and
species relationships in the Juan Fernandez Archipelago**

Seon-Hee Kim^{1,#}, JiYoung Yang^{P2,#}, Myong-Suk Cho³, Tod F. Stuessy⁴, Daniel J.
Crawford⁵ and Seung-Chul Kim^{3,*}

¹Department of Botany, Graduate School of Science, Kyoto University, Kyoto, Japan;
²Research Institute for Dok-do and Ulleung-do Island, Kyungpook National University,
Daegu, Korea; ³Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University, Suwon,
Korea; ⁴Department of Evolution, Ecology, and Organismal Biology, The Ohio State
University, Columbus, OH, USA; ⁵Department of Ecology and Evolutionary Biology and
the Biodiversity Institute, The University of Kansas, Lawrence, KS, USA

Erigeron is the third most species-rich genus with two large genera *Dendroseris* and *Robinsonia* in the Juan Fernandez Archipelago. Molecular evolution and species relationships of this fascinating insular group, however, have been limited and unlike two large genera, *Erigeron* is known to colonize and speciate younger Alejandro Selkirk Island first. In this study, we sequenced six complete plastome of *Erigeron* accessions (two accessions of *E. fernandezianus* in Alejandro Selkirk and Robinson Crusoe Island, *E. ingae*, *E. luteoviridis*, *E. rupicola*, and *E. turricola*). With inclusion of 15 additional available plastome sequences from GenBank, we performed various comparative plastid genome analyses and inferred species relationships within the archipelago. The plastomes were highly conserved, size ranging from 152,740 bp (*E. turricola*) to 153,030 bp (*E. fernandezianus*_MT), with identical GC contents of 37.2 %. The frequency of codon usage showed similar patterns amongst six endemic *Erigeron* species in the Juan Fernandez Archipelago. Several mutation hotspots were also identified, including *clpP/psbB*, *trnS-GCU/trnC-GCA*, *rps4/trnT-UGU/trnL-UAA*, *ndhF/rpl32* and *ycf1* genic region. Maximum likelihood analysis based on 15 representative plastomes of *Erigeron* confirmed the monophyly of *Erigeron* on the Juan Fernandez Archipelago and further identified two major lineages, *E. turricola*-*E. luteoviridis* and *E. fernandezianus*-*E. ingae*-*E. rupicola*.

[#]These authors contributed equally.

This research was funded by the Basic Science Research Program through the National Research Foundation of Korea (NRF) (Grant Number 2022R1I1A2063355).

P55

Complete chloroplast genome of *Adonis mongolica* (Ranunculaceae), a Mongolian endemic species, and comparison with tribe Adonideae

Nudkhuu Nyamgerel^{P1}, Shukherdorj Baasanmunkh¹, Batlai Oyuntsetseg², Gun-Aajav Bayarmaa², Andrey Erst³, Inkyu Park^{1*}, Hyeok Jae Choi^{1*}

¹Department of Biology and Chemistry, Changwon National University, Changwon, Korea; ²Department of Biology, School of Arts and Science, National University of Mongolia, Ulaanbaatar, Mongolia; ³Central Siberian Botanical Garden, Siberian Branch of the Russian Academy of Science, Novosibirsk, Russia

*Correspondence: pik6885@changwon.ac.kr; hjchoi1975@changwon.ac.kr

Adonis mongolica Simonov. is a Mongolian endemic plant that has been used for heart disease in traditional medicine. This species is becoming threatened due to illegal collection and livestock in Mongolia. However, conservation strategy and genetic study of *A. mongolica* is limited, to date. This study carried out a new chloroplast (cp) genome of *A. mongolica*. Moreover, we performed a comparative and phylogenetic analysis of *A. mongolica* with related nine species within tribe Adonideae. The cp genomes of Adonideae were ranged from 155,834 bp - 160,940 bp in length and exhibited a conserved quadripartite structure. A total of 131 genes in the cp genome out of which 114 are unique and 18 were repeated in IR region. The ten Adonideae cp genomes are similar in overall size, but reveal genus-specific large inversion (*rps4-rps16*; 43kb) in *Adonis*. A comparison of ten cp genomes revealed locally divergent regions, most of which were found within intergenic spacer regions. The highest divergent regions in the non-coding *trnK-rps16* and *trnW-trnP* in LSC region. Furthermore, species-specific mutations in the genus *Adonis* were detected using pairwise alignment by criterion. The highest mutations have detected in *psbT-psbN* among *A. mongolica* and *A. coerulea*, and *trnK-rps16* among *A. mongolica* and *A. sutchensis*. The *rpl32* was found to be in a completely gene loss in the *Adonis* cp genomes. The phylogenetic results in this study were suggested that the tribe Adonideae separated into two major clades (*Adonis* and *Trollius + Megaleranthis*), which was supported by strong bootstrap values and posterior probabilities. The present cp genomic result provides useful information for future studies, such as taxonomic, phylogenetic, evolutionary analysis and safe medical applications of *A. mongolica*.

P56

Complete chloroplast genome of *Maesa japonica* (Myrsinaceae)

Beom Kyun Park^P, Young-Jong Jang, Se Ryeong Lee, Young-Soo Kim, Dong Chan Son*

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

Maesa Forssk. is a genus belonging to the family Myrsinaceae with approximately 200 species distributed in the world tropics. Among these, *Maesa japonica* is distributed in China, Japan, Taiwan, Vietnam and Korea. In Korea, this species only distributed in Jeju Island. The complete chloroplast (cp) genome sequence of *Maesa japonica* (Myrsinaceae) was determined to be 157,189 bp in length, consisting of large (87,780 bp) and small (18,143 bp) single-copy regions and a pair of identical inverted repeats (25,633 bp). The overall GC content of the chloroplast genome was 37.3%, and in the LSC, SSC, and each of IRs it was 35.2%, 30.9%, and 43.1%, respectively. The total of 131 gene genome contains 86 protein-coding genes, 37 tRNA genes, 8 rRNA genes. Phylogenetic analysis of 11 taxa inferred from the chloroplast genome showed a closely relationship with *M. salicifolia* and *M. japonica*. The complete cp genome sequence of *M. japonica* reported here provides important information for future phylogenetic and evolutionary studies in genus *Maesa*.

P57

Comparative analysis of the chloroplast genome sequence of four *Celastrus* species in Korea

Beom Kyun Park^P, Young-Jong Jang, Kang-Hyup Lee, Dong Chan Son*

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

The genus *Celastrus* L. (Celastraceae) comprises about 30 species with the worldwide distribution including tropical, subtropical, and temperate zones of Asia, Australia and North and South America. Among them, four species, *C. flagellaris*, *C. orbiculatus*, *C. stephanotiifolius* and *C. punctatus* have been reported in Korea. In this study, we carried out the comparative analysis and the phylogenetic analysis of the complete chloroplast genome (cp genome) of *Celastrus* species in Korea. As the result, the lengths of four genomes were 159,084 to 159,106bp. A total of 133 genes were predicted, including 88 protein-coding genes, 37 transfer RNA genes and eight ribosomal RNAs genes. Three genes (*trnS-GCU*, *ycf1*, *ndhF*) and six intergenic regions (*trnH-UUU-psbA*, *trnS-GCU-trnG-UCC*, *psbZ-trnG-GCC*, *petA-psbJ*, *rpl32-trnL-UAG* and *ndhD-psaC*) were identified as mutational hot-spots by their high nucleotide diversity (Pi) values (≥ 0.003). The comparative analysis with four species displayed a generally high level of sequence resemblance in structural organization, gene content, and arrangement. The cp genome-based phylogenetic analyses using maximum-likelihood (ML) and Bayesian showed that the two trees were congruent. In addition, each species formed clades, and among them, *C. punctatus* and *C. flagellaris* showed a closer relationship than other plants and clustered together in the same clade. The genetic information obtained from this study will provide valuable genomic resources for the identification of additional species and for deducing the phylogenetic evolution of Celastraceae.

P58

Plastome evolution and phylogenomic study of Cucurbitales using the complete plastome sequence of *Datisca cannabina* L. (Datiscaceae)

Sangjin Jop¹, Na-Rae Yun², Komiljon Sh. Tojibaev³, Ziyoyiddin Yusupov³, Sangho Choi¹,
and Jin-Hyub Paik¹

¹International Biological Material Research Center (IBMRC), Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), Daejeon 34141, Republic of Korea;

²Department of Botany, Honam National Institute of Biological Resources, Mokpo 58762, Republic of Korea; ³Institute of Botany, Academy of Sciences, Durmon yuli str. 32, Tashkent 100125, Uzbekistan

In this study, we firstly report the complete plastome sequence of *Datisca cannabina* (NCBI acc. no. OP432690). This plastome shows typical quadripartite structure. The plastome size is 162,914 bp, which consist of 90,890 bp large single copy (LSC), 19,296 bp small single-copy (SSC), and 26,364 bp inverted repeat (IR) regions. The plastome contains 112 genes, including 78 protein-coding, 30 tRNA, and four rRNA genes. The *infA* gene is pseudogenized. Sixteen genes contain one intron and two genes (*clpP* and *ycf3*) have two introns. Unlike Datiscaceae, Begoniaceae underwent plastome rearrangement. Our phylogenetic tree shows that the sister of the Datiscaceae is Begoniaceae. Datiscaceae formed BDT clade with Begoniaceae and Tetramelaceae in previous studies. However, their relationship is unclear. Therefore, further studies by adding samples from Tetramelaceae are needed to clarify the relationship between the BDT clades and the plastome evolution in Cucurbitales.

P59

The complete chloroplast genome of bryophyte, *Porella gracillima* (Porellaceae)

Jae Kyeong Lee^P, Min-Ju Park, Seung Jin Park, Iseon Kim, and Jong-Soo Park

Division of Botany, Honam National Institute of Biological Resources, Mokpo, Republic of Korea

Porella gracillima Mitt. (Jungermanniiidae, Porellaceae), a bryophytic species, is widespread in temperate Asia and North America. In Korea, *P. gracillima* is mainly observed in shade and dry rocks or tree trunks on mountains. Here, we determined the complete chloroplast (cp) genome sequence of *P. gracillima* to provide useful genetic information in phylogenetic relationship, phylogeographic history, and conservation of the species. The complete cp genome of *P. gracillima* was assembled using NGS Illumina HiSeqX ten platform. The cp genome was 121,867 bp in length (GC contents, 33.7%) and showed a typical quadripartite structure, consisting of a large single copy (LSC) of 83,406 bp, a small single copy (SSC) of 19,692 bp, and two inverted repeats (IRs) of 9,385 bp. The *P. gracillima* cp genome encoded 131 genes (87 protein coding genes (PCGs), eight rRNAs, and 36 tRNAs). Furthermore, eight genes (*ndhB*, *rpoC1*, *atpF*, *petB*, *petD*, *rpl16*, *rpl2*, *ndhA*) possess a single intron, three PCGs (*rps12*, *pafl*, *clpP*) has two introns, and then 76 genes have no intron. Maximum likelihood analysis was performed using the related 42 taxa (45 accessions) and 95 genes. Phylogenetic analysis shows that Porellaceae was sister groups of Radulaceae, which agrees with the finding of previous phylogenetic studies. Our cp genome data of *P. gracillima* may contribute to a better understanding of the evolution of the *Porella* in Porellaceae and will help to infer its molecular identification, thereby providing a guideline for conservation.

P60

**The complete chloroplast genome of
Albizia kalkora (Roxb.) Prain in Korea**

Jong-Soo Park^P, Youngsung Kim, Iseon Kim, and Changkyun Kim

Division of Botany, Honam National Institute of Biological Resources, Mokpo-si,
Republic of Korea

Albizia kalkora (Roxb.) Prain (Fabaceae) is a temperate and subtropical deciduous tree distributed in E Asia and SE Asia. In Korea, the taxonomic position of *A. kalkora* is contentious. Since *A. coreana* was reported as a new species by Nakai, it was treated as a synonym of *A. kalkora*. The taxonomic difficulties in *A. kalkora* are due to high degree of morphological variability and the frequent occurrence of interspecific hybridization. Thus, it is necessary to clarify the taxonomic delimitation of the *A. kalkora* using useful molecular markers. Here, we provide the complete chloroplast (cp) genome of *A. kalkora* to clarify its taxonomic position and the phylogenetic relationship within the genus. The cp genome was assembled using Illumina HiSeq platform and was 176,402 bp in length. The GC contents of the species was 35.4%. The cp genome of *A. kalkora* revealed a typical quadripartite structure, consisting of a pair of IRs (inverted repeats; 39,716 bp) separated by the LSC (large single copy; 91,867 bp) and SSC (small single copy; 5,108 bp) regions, respectively. The constructed ML phylogenetic tree using 73 coding-genes revealed that *A. kalkora* is placed in Albizia clade which sister to the Arechidendron clade. Unexpectedly, the Korean *A. kalkora* was found to be sister to *A. julibrissin*, instead of the individual of *A. kalkora* from China. Our complete cp genome data of *A. kalkora* may be useful in assessing the genetic diversity, population structure, and phylogeographic history of the species and will be helpful to infer its molecular identification, thereby providing a guideline for conservation.

P61

Identification of phylogenetic relationship and difference of simple sequence repeats in chloroplast genome sequence between confederate rose (*Hibiscus mutabilis*) and Scarlet rose mallow (*H. coccineus*)

Soon-Ho Kwon^P, Hae-YunKwon, Hanna Shin

Department of Forest Bio-Resources, National Institute of Forest Science, Suwon 16631, Republic of Korea

Confederate rose (*Hibiscus mutabilis*) and Scarlet rose mallow (*H. coccineus*), belonging to the *Hibiscus* spp., have origins of East Asia and the United States, respectively, however, are known to be able to crossbreed. In this study, chloroplast genome sequences of the two species were compared and genetic relationship analyses were conducted with other species of the genus *Hibiscus*. In the phylogenetic analysis of nine *Hibiscus* species and Amur linden (*Tilia amurensis*) as an out-group, *H. mutabilis* and *H. coccineus* showed a paraphyletic relationship, and these two species were differentiated relatively later than other species. Sequence similarity of the chloroplast genome between the two species was 97.6%. The average SSRs number of nine species was 300.3. Among them, the average SSRs number of shrub woody plants; *H. syriacus*, *H. sinosyriacus* and *H. rosa-sinensis* was about 282, while the number of SSRs of both *H. mutabilis* and *H. coccineus* were 312 and 304, respectively, and more than that of other woody *Hibiscus* species. From this study, it was identified that the above two *Hibiscus* species are phylogenetically and genetically close.

This study was supported by the research program of National Institute of Forest Science (Project no. FG0403-2023-02-2023).

P62

**Preliminary chloroplast phylogenomic inference of
Saussurea (Asteraceae) in Korea: an initial step towards building
Saussurea phylogeny in East Asia**

Ui-Chan Jung^{P#}, Ji-HyeonJeon[#], Seung-ChulKim^{*}

Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University, Suwon, Korea

^{*}Correspondence: sonchus96@skku.edu

[#]Both authors contributed equally to this research

The genus *Saussurea* is one of the most species-rich genera in the Cardueae, Asteraceae and of the approximately 40 species of *Saussurea* in Korea, nearly 40% are endemic, mostly occurring in small-sized populations in isolated regions. Despite *Saussurea* being one of the specious genera and ecologically and ethnomedicinally important members in Korea, obtaining a well-resolved, robust phylogenetic relationship has been exceptionally challenging due to recent diversification, insufficient species diagnostic features, and potential reticulation events. As an initial step towards building robust phylogenetic framework of the genus in East Asia, we sampled a total of ten accessions of six *Saussurea* species and characterized their complete plastome sequences. In addition, plastome-level comparative genomic analysis and phylogenetic analysis in the genus *Saussurea* including several Korean endemic species were conducted to assess the degree of plastome variation and to infer interspecific relationships. Each nucleotide sequences of six Korean *Saussurea* species were respectively assembled into the single circular plastomes, of which lengths ranged from 152,409 to 152,769 bp. The plastome sequences were annotated with 113 or 114 genes. Five genetic regions were suggested as variation hotspots across the plastomes of the genus *Saussurea*. The ingroup *Saussurea* species were clustered into three clades based on maximum-likelihood phylogenetic inference. Among them, the close phylogenetic relationships among six Korean *Saussurea* species were inferred in clade 3. The results of a future study based on extensive species sampling will shed light on the relationships among species and the major lineages of Korea and East Asia.

P63

**The two complete chloroplast genome of *Senecio nemorensis* L.
(Asteraceae) isolated in Korean islands**

Iseon Kim^P, Changkyun Kim, Min-Ju Park, Seahee Han, Yongsung Kim

Division of Botany, Honam National Institute of Biological Resources, Mokpo-si,
Republic of Korea

Senecio nemorensis L. is a perennial herb of the family Asteraceae, widely distributed throughout Europe and Central and East Asia. *Senecio nemorensis* has been considered as a species complex, rather than a single homogeneous entity due to its high morphological variation. According to recent taxonomic studies, *S. nemorensis* is divided into several species based on morphological characteristics. The morphological distinctiveness of this species is also observed between the western islands of the Korean Peninsula (KW) and Jeju Island (JJ). In this study, two chloroplast (cp) genomes were sequenced to understand genetic difference of *S. nemorensis* that are morphologically and geographically distinguished on Korean islands. Despite their structural conservation, the cp genome sequence of KW accession (151,223 bp) was slightly longer than that of JJ accession (151,211 bp) in length. Both sequences contain 121 genes (87 protein-coding genes, eight rRNAs, and 35 tRNAs) and have 99.9% sequence identity with a total of 56 SNPs and 192 indels. Maximum-Likelihood and Bayesian inference phylogenetic trees showed that both accessions of *S. nemorensis* formed a monophyletic group, which was sister to the clade comprising *S. roseiflorus*, *S. squalidus*, and *S. keniophytum* within the subtribe Senecioninae.

P64

콩제비꽃 엽록체 유전체 분석과 제비꽃속내 계통분류학적 의의

박진희¹, 이이², 김의주³, 유영한³, 이민지⁴, 이정호⁴

¹국립낙동강생물자원관, 식물연구팀, 상주시; ²충북대학교, 특용식물학과, 청주시; ³공주대학교, 생명과학과, 공주시; ⁴녹색식물연구소, 용인시

콩제비꽃(*Viola verecunda* A.Gray.)은 한국, 중국, 일본, 러시아 등 동북아시아 지역에 분포하는 제비꽃과 식물로 우리나라 전국에 흔히 분포하는 다년생 초본식물이다. 본 연구에서는 한국 및 러시아 연해주를 포함한 3개 지역집단 3개체의 콩제비꽃 엽록체 유전체를 분석하였으며, 이들의 완전한 엽록체 유전체 길이는 157,852-157,870bp이었다. 콩제비꽃 엽록체 유전체는 크게 네 부분으로 구성되어 있었다: 86,349-86,355bp의 large single-copy (LSC) region, 17,295-17,302bp의 small single-copy (SSC) region, 27,103-27,111bp의 두 개의 inverted-repeat (IR) regions(역반복서열 IRa 및 IRb)이 그것이다. 콩제비꽃 엽록체 유전체는 77개의 단백질 유전자, 30개의 tRNA 유전자 및 4개의 rRNA 유전자 등 111개의 유전자를 가지고 있는 것으로 나타났다. 콩제비꽃 3개 지역집단을 포함한 제비꽃속 대표적인 종들을 계통분석한 결과, 콩제비꽃은 선제비꽃(*V. raddeana*)과 자매군을 형성하는 것으로 나타났으며, 줄기가 있는 유경종인 님시제비꽃(*V. grypoceras*), 넓은잎제비꽃(*V. mirabilis*) 및 왕제비꽃(*V. websteri*)과 함께 계통수의 기부를 형성하며, 유경종들과 긴밀한 계통적 유연관계를 갖는 것으로 나타났다.

P65

**Molecular identification of two Korean endemic species,
Heloniopsis koreana and *H. tubiflora*, based on plastid genome sequences**

Hye One Kim^P, Joonhyung Jung, Shayan Jamshed, and Joo-Hwan Kim

Department of Life Science, Gachon University, 1342 Seongnamdaero, Seongnam-si
13120, Korea

The genus *Heloniopsis* A.Gray (Melanthiaceae) comprises six species and is distributed in East Asia. Among them, two species, *H. koreana* Fuse, N.S.Lee & M.N.Tamura and *H. tubiflora* Fuse, N.S.Lee & M.N.Tamura, are known as Korean endemic perennial herbs. Several morphological characters like leaf shape, leaf margin, and flower direction were suggested to identify them, but those are ambiguous. We have completed plastid genome analyses of *H. koreana* (158,146 - 158,179 bp) and *H. tubiflora* (158,003 bp) based on the next generation sequencing to identify genetic variations. We also developed single nucleotide polymorphism (SNP) markers for each species based on amplification-refractory mutation system (ARMS) technique. Result showed that two species-specific plastid fragments were additionally amplified in each species using multiplex PCR method. This study was successful in identifying the two endemic species and is expected to be beneficial for future studies on phylogenomics and historical biogeography of the genus *Heloniopsis*.

P66

**A phylogenomic study of Iridaceae Juss.
based on complete plastid genome sequences**

Kashish Kamra^P, Joonhyung Jung, Joo-Hwan Kim

Department of Life Science, Gachon University, 1342 Seongnamdaero, Seongnam-si
13120, Korea

Iridaceae, comprising more than 2,000 species, include numerous economically significant taxa that are frequently utilised in food industries, medicines, and for ornamental and horticulture purposes. The current subfamilial classification of Iridaceae recognises seven subfamilies: Isophysioideae, Nivenioideae, Iridoideae, Crocoideae, Geosiridaceae, Aristeoideae, and Patersonioideae, which are supported by limited plastid DNA regions. To date, no comparative phylogenomic studies have been conducted on the family Iridaceae. We assembled and annotated the 24 plastid genomes using the Illumina MiSeq platform and performed comparative genomics with seven published data representing all the seven subfamilies of Iridaceae. Phylogenetic analysis of the plastome sequences based on maximum parsimony, maximum likelihood, and Bayesian inference analyses suggested that *Watsonia* and *Gladiolus* were closely related, supported by strong support values, which differ considerably from recent phylogenetic studies. In addition, we identified genomic events, such as sequence inversions, deletions, mutations, and pseudogenisation, in some species. Our study is a preliminary report of a comparative study of the complete plastid genomes of 7/7 subfamilies and 9/10 tribes, elucidating the structural characteristics and shedding light on plastome evolution and phylogenetic relationships within Iridaceae. Additionally, further research is required to update the relative position of *Watsonia* within the tribal classification of the subfamily Crocoideae.

P67

Phylogenomic Analyses of *Hepatica* Mill. and Comparative Analyses within Ranunculaceae

Kyu Tae Park^P, Seonjoo Park

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

Hepatica Mill. is a small genus of Ranunculaceae and consists of 11 taxa. It is distributed in the temperate regions of northern hemisphere. In this study, we complete chloroplast (cp) genome sequence of 10 *Hepatica* taxa, which ranged from 159,549 to 161,081bp in length and had a typical quadripartite structure. The cp genomes of *Hepatica* were annotated with 110 unique genes including 76 protein-coding genes (PCGs), 29 tRNA and four rRNA genes. Several structural variation events were detected by comparative analyses with other Ranunculaceae cp genomes; a conserved 5-kb IR expansion and multiple inversions. Two genes (*rps16* and *infA*) were identified as pseudogenes. In contrast, *rpl32* gene was completely lost. The phylogenetic analysis based on 76 PCGs resolved the phylogeny of *Hepatica* and its related genera. Especially, *Hepatica nobilis* var. *japonica* needs to be reclassified as independent species, not a variety of *H. nobilis*. Also, we estimated the divergence time of *Hepatica*. The origin of the genus had diverged at the middle of the Miocene around 15.44Ma (HPD=19.76~11.7Ma).

P68

**Genetic diversity and structure of two limestone endemic
Saussurea species (*S. calcicola* and *S. chabyoungsanica*) in Korea**

Seona Yun^{1,2}, Seung-Chul Kim^{1,P}

¹Department of Biological Sciences, Sungkyunkwan University, Suwon, Korea;

²Department of Environmental Biology, State University of New York (SUNY) College
of Environmental Science and Forestry, Syracuse, NY, USA

*Correspondence: sonchus96@skku.edu

Limestone areas are regarded as the southern limits of many northern plants and the limestone areas in South Korea are located within the Baekdudaegan mountain range. Of the 120 vascular plant species which occur favorably in these limestone regions, 18 are endemic. Many edaphic endemic species are particularly vulnerable to human activity and climate change owing to their unique soil habitat and restricted distribution. In this study, we conducted population genetic study of two limestone endemics, *Saussurea chabyoungsanica* and *S. calcicola*, based on cpDNA haplotypes and nuclear SSR markers. We sampled a total of six populations (110 accessions) and four populations (69 accessions) for *S. calcicola* and *S. chabyoungsanica*, respectively, and utilized four (*S. calcicola*) and three (*S. chabyoungsanica*) cpDNA noncoding region sequences and ten SSR markers for two species. The haplotype distribution of *S. calcicola* showed the presence of geographical barriers, while clear differentiation among populations of *S. chabyoungsanica* in both haplotype distribution and genetic structure based on SSRs was found. SSR genotyping of both species revealed moderate genetic diversity. *S. calcicola* showed low levels of differentiation due to gene flow, while all populations of *S. chabyoungsanica* were distinguishable due to limited gene flow and asexual reproduction. The existence of unique haplotypes and alleles in *S. calcicola* and *S. chabyoungsanica* provided further evidence that the Baekdudaegan served as refugia during the LGM.

P69

Genotyping-by-sequencing을 이용한 섬현호색(양귀비과: 현호색아과)의 집단유전학적 분석

전지현^{P1#}, 김혜빈^{1,2#}, 조명숙^{1#}, 길희영³, 양지영⁴, 김선희⁵, 김현수^{1,6}, 최예림¹, 김승철¹

¹성균관대학교 생명과학과; ²코스맥스비티아이(주) R&I Center; ³국립수목원
산림생물다양성연구과; ⁴경북대학교 울릉도·독도 연구소; ⁵Department of Botany, Graduate
School of Science, Kyoto University, Kyoto, Japan; ⁶국립산림과학원 산림생명정보연구과

섬현호색(*Corydalis filistipes* Nakai)은 양귀비과(Papaveraceae)의 현호색아과(Fumarioideae)에 속하는 다년생 초본으로 울릉도에만 제한적으로 분포하는 한국특산식물이다. 섬현호색은 그 분포뿐만 아니라 형태학적 특징과 유전적 계통이 현호색속 내 다른 분류군과 뚜렷이 구분되는 등의 특이적인 계통분류학적 특징을 가지고 있다. 하지만 섬현호색은 국가생물적색자료집에서 취약(Vulnerable; VU)종으로, 한국희귀식물목록에서 멸종위기(Critically Endangered; CR)종으로 지정 및 평가를 받아, 자생지 훼손 및 개체수 감소에 의한 심각한 유전다양성 감소 가능성이 우려된다. 섬현호색 자생 집단의 전반적인 분포 조사와 유전학적 연구를 통한 효과적인 종 보전 및 관리 대책을 마련하고자, 차세대염기서열분석법에 기반을 둔 genotyping-by-sequencing (GBS) 기법을 이용하여 섬현호색 집단의 유전형, 유전적 구조, 다양도 및 분화도 분석 등을 진행하였다. 총 11개 집단 143개체의 섬현호색 샘플에 대한 GBS 기반의 집단유전학적 분석 결과, 섬현호색은 울릉도라는 제한적인 분포역 내에서 집단 간 유전적 거리와 분화도가 낮게 나타났으며 적은 수의 변이만이 집단 간 분화에서 기인한 것으로 제시되었다. 즉, 울릉도에 분포하는 섬현호색 집단들은 집단 간에 지속적인 유전적 교류가 존재하는 하나의 메타개체군을 형성하는 것으로 판단되었다. 다만 섬현호색 메타개체군의 전체적인 유전적 다양성이 크지 않아 집단 수 혹은 크기 감소에 따른 유전형 감소가 섬현호색 전체 메타개체군의 지속 가능성에 큰 영향을 미칠 수 있다고 판단되었다.

#본 저자들은 동일하게 기여하였음

P70

**Population genomic analysis of *Forsythia ovata*
based on genotyping-by-sequencing**

Yoo-Bin Lee^P, Halam-Kang, Yoo-Jung Park, Ha-Rim Lee, Kyeong-Sik Cheon

Department of Biological Science, Sangji University, Wonju 26339, South Korea

Forsythia ovata is a deciduous broad-leaved shrub endemic to Korean Peninsula that grows naturally in only a very limited region of Gangwon-do Province. Given its geographical characteristics, it is more vulnerable than more widely distributed species. Despite the need for comprehensive information to support conservation, population genetic information for this species is very scarce. In this study, we analyzed the genetic diversity and population structure of 72 individuals from nine populations of *F. ovata* using a genotyping-by-sequencing (GBS) approach to provide important information for proper conservation and management. Our results, based on 5102 single nucleotide polymorphisms (SNPs), showed a mean expected heterozygosity (He) of 0.229, no sign of within population inbreeding except GN, and moderate level of genetic differentiation ($F_{ST} = 0.064$). Analysis of molecular variance (AMOVA) indicated that the principal molecular variance existed within populations (87%) rather than among populations (6%). The results of this study will serve as important information for the population conservation and management of this species.

This work was supported by the National Institute of Biological Resources (NIBR) [No. NIBR202206201].

P71

GBS를 활용한 연잎평의다리 및 꼭지연잎평의다리 집단유전학 연구

정의권^{P1}, 이정훈², Homervergel Ong², 김보윤³, 신재서¹, 강민재¹, 강대현⁴, 김영동¹

¹한림대학교 자연과학대학 생명과학과, 춘천; ²한림대학교 융복합유전체연구소, 춘천;

³국립생물자원관 식물자원과, 인천 ⁴국립공원연구원 기후변화연구센터, 원주

연잎평의다리(*Thalictrum coreanum* H. Lév)는 미나리아재비과에 평의다리속에 포함되는 다년생 초본이며, 환경부 멸종위기 야생생물 II급으로 지정된 한국 고유식물로 IUCN 적색목록 기준에 따라 환경부는 취약(VU), 산림청은 위기(EN)로 각각 평가하고 있다. 국내에서 연잎평의다리는 근연종인 꼭지연잎평의다리와 형태적으로 매우 유사하여(잎이 순형인 점) 종 동정 및 분포역 등에 있어서 많은 오류가 존재한다. 본 연구에서는 GBS 기법을 활용하여 집단 수준에서 연잎평의다리 및 꼭지연잎평의다리의 유전적 특성을 파악하고자 연잎평의다리 7개 집단 72개체, 꼭지연잎평의다리 3개 집단 24개체를 대상으로 집단유전학적 분석을 수행하였다. GBS 결과 확보된 2,649개의 SNP를 분석한 결과 두 분류군은 각각 비교적 낮은 수준의 유전적 다양성을 지니는 것으로 확인되었다(연잎 $He=0.153$; 꼭지 $He=0.166$). PCoA, STRUCTURE 분석 등을 통해 집단의 유전적 구조를 분석한 결과 두 분류군은 확연히 구분되는 유전형질을 지니는 것이 확인되었다. 또한 연잎평의다리의 경우 집단(특히 설악산과 평창 지역 집단) 사이에 유전적으로 분화가 일어난 것이 확인되었다. 조사 과정에서 확보된 생태적 정보와 각 집단의 유전적 분석 결과는 연잎평의다리의 자생집단 보전을 위한 중요한 자료로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.