www.koseb.org

2026 한국환경생물학회
정기학술대회

One Health 관점에서 본 환경·생물·인간의 공존

Coexistence of Environment, Biodiversity, and Human Health:
A One Health Perspective

2026년 10월 28일(수)~30일(금)

부산 해운대 한화리조트



주최 한국환경생물학회 Korean Society of Environmental Biology

후원 ExtecBio 엑스텍바이오㈜ · (주)베스트텍코리아 Best Tech Korea Co., Ltd. · 사단법인 한국방역협회 Korea Pest Control Association · BRUKER · 삼육대학교 부설 환경생태연구소 Institute of Environmental Ecology · 기후에너지환경부 국립생물자원관 · 서울대학교 SEOUL NATIONAL UNIVERSITY · 국립낙동강생물자원관 · 국립백두대간수목원 Baekdudaegan National Arboretum · 제주대학교 JEJU NATIONAL UNIVERSITY · 국립공원공단 국립공원연구원 KOREA NATIONAL PARK RESEARCH INSTITUTE · KOPRI 극지연구소 · MOSCOM ㈜모스콤 · MARINE EUGENT KOREA · 솔안장학회

www.koseb.org

2026 한국환경생물학회
정기학술대회

One Health 관점에서 본 환경·생물·인간의 공존

Coexistence of Environment, Biodiversity, and Human Health:
A One Health Perspective

2026년 10월 28일(수)~30일(금)

부산 해운대 한화리조트

QR코드 스캔후, 초록집 다운로드 가능합니다.
2026년 한국환경생물학회 추계학술대회 초록집

주 최 : 한국환경생물학회

후 원 : 엑스텍바이오㈜, 베스트텍코리아㈜, (사)한국방역협회, 브루커코리아㈜, 삼육대학교 대발생사업단, 국립생물자원관, 서울대학교, 국립낙동강생물자원관, 국립백두대간수목원, 제주대학교 아열대사업단, 국립공원연구원, 극지연구소, ㈜모스콤, (재)마린유겐트코리아, 솔안장학회

Opening remarks



존경하는 한국환경생물학회 회원 여러분,

2026년도 한국환경생물학회 정기학술대회를 맞아 소중한 연구성과를 발표해 주신 회원 여러분과 학술대회에 함께해 주신 모든 분께 깊은 감사와 환영의 말씀을 드립니다. 올해 정기학술대회는 “One Health 관점에서 본 환경·생물·인간의 공존(Coexistence of Environment, Biodiversity, and Human Health: A One Health Perspective)”을 주제로 개최됩니다.

오늘날 기후위기와 생물다양성 감소, 생태계 교란, 감염병 확산과 환경오염은 서로 독립된 문제가 아니라 환경과 생물, 인간의 건강이 긴밀하게 연결되어 있음을 보여주고 있습니다. 이러한 변화 속에서 환경생물학은 생태계의 변화를 과학적으로 이해하는 것을 넘어, 환경과 생물 그리고 인간이 건강하게 공존할 수 있는 지속 가능한 미래를 제시하는 학문으로 그 역할이 더욱 중요해지고 있습니다. 이러한 취지를 담아 이번 학술대회에서는 매개체전파질병 관리와 One Health, 기후위기 대응을 위한 해양 탄소 제거를 비롯하여 대발생 생물 관리, 내륙습지 탄소흡수원, 아열대화와 해양생태계, 도시 야생동물과의 공존, 극지환경 변화와 생물다양성 등 다양한 환경생물학적 현안을 폭넓게 논의하고자 합니다. 특히 이번 초록집에 수록된 연구성과 하나하나는 우리나라 환경생물학의 현재를 보여주는 동시에 앞으로의 연구 방향을 제시하는 소중한 학술적 자산이라고 생각합니다. 다양한 연구 분야와 세대의 연구자들이 서로의 성과와 아이디어를 공유함으로써 새로운 연구주제를 발굴하고, 학제 간 공동연구와 실질적인 협력으로 발전하는 계기가 되기를 기대합니다.

한국환경생물학회는 앞으로도 기후·환경 변화와 생물다양성에 관한 과학적 지식을 축적하고, 연구성과가 환경정책과 사회적 문제 해결로 이어질 수 있도록 학술적 플랫폼으로서의 역할을 충실히 수행하겠습니다. 아울러 신진연구자와 학생들이 자유롭게 연구성과를 발표하고 성장하며 미래 환경생물학을 이끌어 갈 수 있는 학술 생태계를 만들어 나가겠습니다.

귀중한 연구성과를 제출해 주신 모든 발표자 여러분과 학술대회의 성공적인 개최를 위해 애써 주신 여러분께 깊이 감사드립니다.

이번 학술대회가 환경·생물·인간의 건강한 공존을 위한 새로운 지식과 지혜를 나누고, 환경생물학의 미래를 함께 만들어가는 뜻깊은 학술 교류의 장이 되기를 바랍니다.

감사합니다.

2026년 10월

한국환경생물학회 회장 **서 종 복** 올림

축 사



존경하는 한국환경생물학회 회원 여러분, 그리고 오늘 이 뜻깊은 자리를 빛내주신 귀빈 여러분, 안녕하십니까. 한국방역협회 회장 김성수입니다.

아름다운 해운대의 바다를 품은 이곳 부산에서, '2026년 한국환경생물학회 정기학술대회'가 열리게 된 것을 전 방역인을 대표하여 진심으로 축하드립니다. 뜻깊은 자리에 초청해 주시고, 소중한 축사의 기회를 주신 한국환경생물학회 서종복 회장님과 행사 준비를 위해 애써주신 임직원 여러분의 노고에 깊은 감사의 말씀을 전합니다.

한국환경생물학회는 1981년 창립 이래 지난 45년간, 환경과 생물 간의 상호작용 연구를 선도해 온 대한민국 대표 중추 학술단체입니다. 1,600여 명의 학자분들께서 기후변화, 유해생물 및 재난미생물에 이르기까지 인류가 직면한 환경 난제를 해결하기 위해 쏟아오신 열정에 깊은 경의를 표합니다.

오늘 학술대회의 주제인 'One Health 관점에서 본 환경·생물·인간의 공존'은 감염병의 위협이 일상화된 지금, 우리가 나아가야 할 방향을 가장 정확하게 제시해 주고 있습니다. 인간의 건강은 동·식물 생태계, 그리고 환경의 건강과 결코 분리될 수 없습니다. 한국방역협회와 한국환경생물학회는 이미 업무협약(MOU)을 체결하고 '원헬스'의 가치를 실현하기 위해 함께 발을 맞춰오고 있는 든든한 동반자입니다.

한국방역협회는 전국적으로 구축된 방역 및 해충조사 네트워크와 함께 전문 교육과정을 거친 우수한 전문가 인력을 보유하고 있습니다. 학회가 축적해 온 깊이 있는 연구 성과와 과학적 데이터가 저희 협회의 전국적인 네트워크망 및 전문가 역량과 결합할 때, 양 기관의 협력은 더욱 강력한 빛을 발할 것입니다.

이번 학술대회를 계기로 양 기관이 맺은 협력의 틀을 한층 더 공고히 하고, 기후변화 대응 대발생곤충 모니터링, 유해생물 실태 조사, 친환경 방역 기술의 현장 적용 등 다양한 연계 사업과 공동 연구를 더욱 튼튼히 실현해 나가기를 기대합니다.

이론적 연구와 현장의 실천적 역량이 만나 단단한 시너지를 낼 때, 우리는 국민의 보건안전과 생태계 보전이라는 시대적 사명을 더욱 완벽하게 달성할 수 있을 것입니다. 오늘부터 3일간 열리는 이번 정기학술대회가 환경·생물·인간의 건강한 공존을 이끄는 풍성한 학술적 결실을 맺기를 바라며, 양 기관의 우호와 협력 관계 또한 더욱 깊어지기를 기원합니다.

다시 한번 학술대회 개최를 진심으로 축하드리며, 참석하신 모든 분들의 건승과 학회의 무궁한 발전을 기원합니다.

2026년 10월

(사)한국방역협회 회장 **김성수**

2026년도 한국환경생물학회 정기학술대회 프로그램

일 자	2026년 10월 28일(수) ~ 10월 30일(금)
장 소	부산해운대 한화리조트
주 제	One Health 관점에서 본 환경·생물·인간의 공존 (Coexistence of Environment, Biodiversity, and Human Health: A One Health Perspective)

10월 27일(화)	
시 간	프 로 그 램
17:00~18:00	이사회의

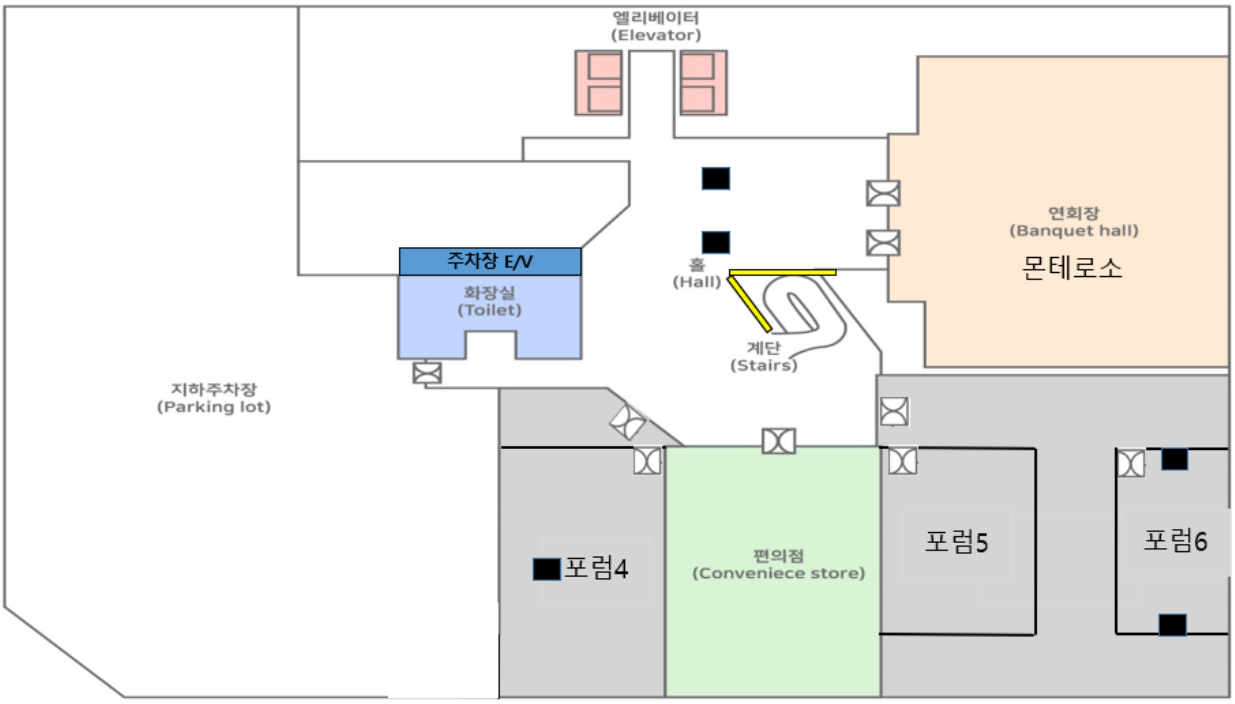
10월 28일(수)				
12:00~	**등록 및 포스터 게시**			Posters & Exhibitions
13:00~14:30	**신진연구자 구두발표** (몬테로소)	**학생구두발표 1** (포럼 1)	**학생구두발표 2** (포럼 4)	
14:30~14:40	Coffee Break			
14:40~14:55	**개회식** (몬테로소) 사회: 김동건 총무이사(삼육대학교) 개회사: 서종복 회장(한국기초과학지원연구원) 축사: 김성수 회장((사)한국방역협회)			
14:55~15:00	**단체사진 촬영** (몬테로소)			
15:00~15:30	**기조 강연 1** (몬테로소) 이희일 박사(질병관리청) **"매개체전파질병 관리를 위한 원헬스의 역할"**			
15:30~16:00	**기조 강연 2** (몬테로소) 임운혁 박사(한국해양과학기술원) **"기후위기 대응을 위한 해양 탄소제거: 과학적 가능성과 환경생태적 과제"**			
16:00~16:30	**평의원회** (수석부회장 선임 관련) (몬테로소)	Coffee Break		
16:30~18:30	**특별세션 1** (몬테로소) **"대발생 생물 관리방안"**	**특별세션 2** (포럼 1) **"내륙습지 탄소흡수원의 과학적 가치와 미래 전략"**		

10월 29일(목)				
09:00~	**등록**			Posters & Exhibitions
09:30~11:30	**특별세션 3** (몬테로소) **"아열대화와 해양생태계 보호"**	**특별세션 4** (포럼 1) **"국가 종자클러스터 _산림종자 거점은행"**	**특별세션 5** (포럼 4) **"도시 야생동물과의 공존 강화를 위한 과학적 관리와 정책적 활용"**	
11:30~13:00	Lunch			
13:00~15:00	**특별세션 6** (몬테로소) **"대발생 생물 모니터링을 위한 전문인력 양성계획"**	**특별세션 7** (포럼 1) **"변화하는 극지환경과 생태계 반응: 남극 생물다양성 베이스라인 구축과 활용"**	**일반구두발표** (포럼 4)	
15:00~16:00	**수다스런 포스터발표** (베르나차 - 3층)			
16:00~16:30	**2026년 제5회 구양환경생물학상 시상식** 및 사진촬영 (몬테로소)			
16:30~17:00	**특별강연 1 / 제5회 구양환경생물학상 수상자** (몬테로소) 조기종 교수(고려대학교) **"Towards a systems perspective on ecosystem sustainability: The potential of emergy approaches"**			
17:00~17:50	**정기총회**(수석부회장 선출) **및 시상식** (몬테로소)			
18:00~	**간친회** (만찬 제공) (블루시걸)			

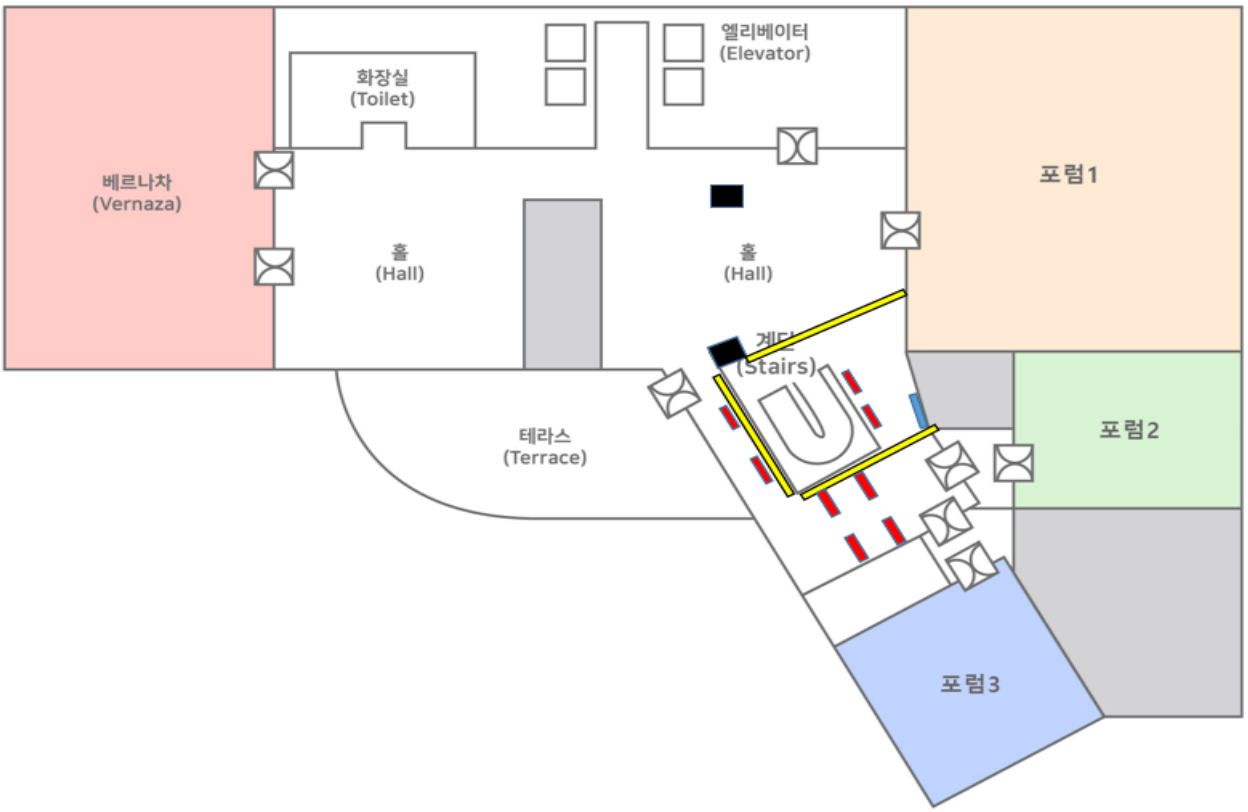
10월 30일(금)			
09:00~	**등록**		Posters & Exhibitions
09:00~11:00	**특별세션 8** (몬테로소) **"변화하는 환경, 변화하는 생물: 생물다양성과 생태적 상호작용"**	**특별세션 9** (포럼 4) **솔안장학회**	
11:00~11:20	Coffee Break		
11:20~11:50	**특별강연 2 / 2026 과총 과학기술우수논문상 수상자** (몬테로소) 이윤식 교수(부산대학교) **"Collembola as bioindicators of soil ecosystem health : From individual to community"**		
11:50~12:30	**시상식 및 폐회식** (몬테로소) 사회: 김동건 총무이사(삼육대학교) 폐회사: 서종복 회장(한국기초과학지원연구원)		

부산해운대 한화리조트 행사장 도면 안내

지하 1층



3층



Contents

■ 모시는 글 ····· i
■ 축 사 ····· ii
■ Schedule ····· iii

▣ 기조강연 1 ····· 1
↳ 매개체전파질병 관리를 위한 원헬스의 역할

▣ 기조강연 2 ····· 5
↳ 기후위기 대응을 위한 해양 탄소 제거: 과학적 가능성과 환경 · 생태적 과제

▣ 특별강연 1 ····· 9
↳ Towards a systems perspective on ecosystem sustainability: The potential of emergy approaches

▣ 특별강연 2 ····· 13
↳ Collembola as bioindicators of soil ecosystem health : From individual to community

▣ 특별세션 1 ····· 19
↳ 대발생 생물 관리방안

▣ 특별세션 2 ····· 29
↳ 내륙습지 탄소흡수원의 과학적 가치와 미래 전략

▣ 특별세션 3 ····· 37
↳ 아열대화와 해양생태계 보호

▣ 특별세션 4 ····· 45
↳ 국가 종자클러스터_산림종자 거점은행

▣ 특별세션 5 ····· 53
↳ 도시 야생동물과의 공존 강화를 위한 과학적 관리와 정책적 활용

▣ 특별세션 6 ····· 61
↳ 대발생 생물 모니터링을 위한 전문인력 양성계획

▣ 특별세션 7 ····· 67
↳ 변화하는 극지환경과 생태계 반응: 남극 생물다양성 베이스라인 구축과 활용

▣ 특별세션 8 ····· 75
↳ 변화하는 환경, 변화하는 생물: 생물다양성과 생태적 상호작용

▣ 특별세션 9 ····· 83
↳ 솔안장학회

▣ 구두 발표 ····· 89
↳ 일반 구두발표 / 91
↳ 신진연구자 구두발표 / 101
↳ 학생 구두 발표 1 / 107
↳ 학생 구두 발표 2 / 115

▣ 포스터 발표 ····· 123
↳ 1. 유해생물 / 133
↳ 2. 바이오에너지 / 141
↳ 3. 동물생태 · 분류 · 유전 / 143
↳ 4. 식물생태 · 분류 · 유전 / 156
↳ 5. 미생물생태 · 분류 · 유전 / 166
↳ 6. 생물다양성 및 생물모니터링 / 178
↳ 7. 생태독성 및 환경호르몬 / 210
↳ 9. 기타 / 221

기조강연 1 (Plenary Lecture 1)

일 시: 2026년 10월 28일(수) 15:00 – 15:30
장 소: 몬테로소 (지하 1층)

좌장: 이철현/충북대학교

15:00 - 15:30	PL-1	**매개체전파질병 관리를 위한 원헬스의 역할** 이희일 (질병관리청)

PL-1

매개체전파질병 관리를 위한 원헬스의 역할

이희일[pc]

질병관리청 매개체분석과

말라리아, 일본뇌염, SFTS 등 다양한 매개체전파질병이 인간의 생명과 건강을 위협하고 있다. WHO에 따르면 매개체전파질병은 전체 감염병 발생의 17%를 차지하며, 전세계적으로 매년 70만명의 사망자를 발생시키고 있다. 매개체전파질병을 효과적으로 관리하기 위해서는 사람, 매개체, 그리고 매개체의 숙주에 대한 관리가 필요하다. 사람의 측면에서 보면, 정확한 진단 및 치료와 함께 사람과 매개체가 접촉하는 행태에 대한 정보가 필요하다. 매개체의 경우 정확한 분류, 생태 및 습성, 천적 유무, 살충제에 대한 감수성 등과 관련한 다양한 정보가 필요하고, 매개체가 발달하는 과정에 숙주가 필요하다면, 숙주에 대해서도 동일한 정보가 필요하다. 따라서 매개체전파질병관리를 위해서는 원헬스적 접근은 매우 중요하다. 최근에 국내에서 가장 중요시되는 SFTS의 경우, 매년 200명 이상의 환자가 발생하고 누적사망율은 18%에 이른다. SFTS는 3숙주 진드기인 참진드기가 전파하는 것으로 알려져 있으며, 모든 발달단계마다 흡혈을 통해 성장한다. 이 과정에서 참진드기는 병원체에 감염되기도 하고, 감염을 전파 시키는 역할도 수행하게 된다. 따라서 정확한 관리전략 마련을 위해서는 참진드기와 사람, 참진드기와 병원체, 참진드기와 숙주, 숙주와 바이러스 관계에 대한 정보가 필요하다. 참진드기는 발달단계에 따라서 다른 종류의 숙주를 활용하기 때문에 더욱 복잡한 전파경로를 가진다고 할 수 있다. 모기가 전파하는 대표적인 질병인 말라리아와 일본뇌염도 마찬가지이다. 그러나 이 둘은 동물의 관여도에 잇어서 매우 큰 차이가 난다. 말라리아는 오직 사람과 모기 사이의 전파경로를 가지지만, 일본뇌염은 사람-모기 이외에도 돼지와 같은 증폭숙주가 관여한다. 따라서 일본뇌염 관리를 위해서는 사육하는 돼지와 같은 증폭숙주에 대한 정보 뿐만 아니라 야생에서 생존하는 멧돼지와 같은 종류에 대한 정보도 필요하다. 이러한 다양한 정보를 취득하기 위해서는 다양한 협력이 요구됨으로, 질병관리청, 농림부의 농림축산검역본부, 그리고 환경부 산하의 야생동물질병관리원은 매년 원헬스 협의체 운영을 통해 서로가 가진 정보를 공유함으로서 다양한 질병을 효율적으로 관리하는 노력을 수행하고 있다. 이러한 협의체 등이 보다 활성화 된다면 매개체전파질병에 대한 실질적인 관리가 가능할 수 있을 것이다. 특히 질병관리청에서는 매개체전파질병을 관리하기 위해서 매개체 뿐만 아니라 숙주에 대한 감시도 수행하고 있다. 이러한 정보를 바탕으로 매개체의 생태적 특성에 기반한 방제전략을 마련하여 보급하고 있으며, 이렇게 만들어진 방제 전략이 효율적으로 작동할 수 있도록 보건소 등에 대한 주기적인 교육을 실시하고 있다. 매개체전파질병의 특성상 다양한 정보를 획득하여 분석해야 하기 때문에 원헬스적 접근은 선택이 아닌 필수적 사항이다. 이를 효율적으로 추진하기 위해서 다양한 정보를 보유하는 기관 사이의 다양한 협력이 절실하다.

교신저자 E-mail: isak66kr@gmail.com

기조강연 2 (Plenary Lecture 2)

일 시: 2026년 10월 28일(수) 15:30 – 16:00
장 소: 몬테로소 (지하 1층)

좌장: 신현호/부경대학교

15:30 - 16:00	PL-2	**기후위기 대응을 위한 해양 탄소 제거: 과학적 가능성과 환경·생태적 과제** 임운혁 (한국해양과학기술원)

PL-2

기후위기 대응을 위한 해양 탄소 제거: 과학적 가능성과 환경·생태적 과제

임운혁[pc]

한국해양과학기술원 생태위해성연구부

온실가스 감축 노력에도 불구하고 완전한 감축이 어려운 잔여배출과 장기적인 기후 안정화를 고려할 때, 대기 중 이산화탄소를 제거하는 탄소제거(Carbon Dioxide Removal, CDR)의 필요성이 커지고 있다. 해양은 지구 탄소순환의 거대한 탄소 저장고이자 대기와 지속적으로 탄소를 교환하는 기후조절 시스템으로, 해양의 탄소흡수 및 저장 능력을 활용하거나 증진하는 해양 이산화탄소 제거(marine CDR, mCDR)가 새로운 기후위기 대응 수단으로 주목받고 있다. mCDR에는 해양알칼리도증진, 직접해양탄소제거, 해양생물학적 탄소펌프 증진 등 다양한 물리·화학·생물학적 접근법이 포함된다. 각 방법은 탄소제거 기작과 저장 형태, 지속성, 확장성 및 환경적 불확실성에서 차이를 가지지만, 해양 탄소순환을 능동적으로 변화시킨다는 공통점을 가진다. mCDR의 실현 가능성을 판단하기 위해서는 실제 CO_2 제거량, 추가성, 지속성, 누출 및 전과정 배출을 정량적으로 평가하는 측정·보고·검증(Monitoring·Reporting·Verification, MRV)이 필수적이다. 더 나아가 해양환경의 물리·화학적 변화와 미생물, 플랑크톤, 저서생물 등 생태계 반응을 함께 추적하고, 자연변동성과 mCDR에 의한 변화를 구분하여 생태학적 중요성과 회복 가능성을 평가하는 환경 MRV(environmental MRV, eMRV)가 요구된다. 향후 mCDR 연구는 실험실, 메조코즘, 제한적 현장실증으로 단계적으로 확대하면서 탄소제거 효과와 환경·생태계 안전성을 동시에 검증하는 방향으로 추진되어야 한다.

교신저자 E-mail: uhyim@kiost.ac.kr

특별강연 1 (Special Lecture 1)
(제5회 구양환경생물학상 수상자 발표)

일 시: 2026년 10월 29일(목) 16:00 – 16:30
장 소: 몬테로소 (지하 1층)

좌장: 최종순/한국기초과학지원연구원

16:00 - 16:30	SL-1	**Towards a systems perspective on ecosystem sustainability: The potential of emergy approaches** Kijong Cho (Korea University)

SL-1

Towards a systems perspective on ecosystem sustainability: The potential of emergy approaches

Kijong Cho[pc]

Division of Environmental Science & Ecological Engineering, Korea University, Seoul 02841, Korea

Understanding ecosystem sustainability from a holistic and ecological perspective is increasingly important in the face of complex environmental challenges, such as climate change and the natural system degradation. Emergy theory, originally developed by H. T. Odum, offers a robust framework for examining how ecosystems are organized and sustained through the availability, transformation, and use of energy. Grounded in the finite nature of energy inputs to the geobiosphere and hypotheses on complex system evolution, this framework provides a distinctive perspective on ecosystem development, organization, and persistence. In this regard, emergy theory shifts the focus from an anthropocentric lens to a system-centered perspective, emphasizing the intrinsic organization, functioning, and energetic foundations of ecosystems. Building on this system-centered paradigm, the further development and application of emergy-based approaches can contribute to more holistic assessments of ecosystem sustainability, while deepening our understanding of how ecosystems reorganize under changing environmental conditions.

Corresponding author E-mail: kjcho@korea.ac.kr

특별강연 2 (Special Lecture 2)
(2026년 과총 과학기술우수논문상 수상자 발표)

일 시: 2026년 10월 30일(금) 11:20 – 11:50
장 소: 몬테로소 (지하 1층)

좌장: 이혁제/상지대학교

11:20 - 11:50	SL-2	**Collembola as bioindicators of soil ecosystem health : From individual to community** Yun-Sik Lee (Pusan National University)

SL-2

Collembola as bioindicators of soil ecosystem health: From individual to community

Yun-Sik Lee[pc1,2]

[1]Department of Biology Education, Pusan National University, Busan 46241, Republic of Korea
[2]Institute for Future Earth, Pusan National University, Busan 46241, Republic of Korea

Belowground biodiversity is essential to sustaining terrestrial ecosystem services. Collembola, among the most abundant soil mesofauna, regulate microbial communities and nutrient cycling, making them promising bioindicators of soil ecosystem health. Since 1999, disturbance assessments using the survival and reproduction of Collembola as endpoints have been conducted. This presentation reviews studies that use Collembola as indicators across three levels of ecological integration, and discusses how Collembola-based endpoints are expanding in environmental ecology. At the individual level, species-specific environmental DNA markers for Allonychiurus kimi enabled detection without microscopic counting and were applied to an ecotoxicity test. At the population level, standard reproduction tests (ISO 11267) were extended beyond conventional endpoints by separating egg production and hatching success, and avoidance behavior was examined as a more sensitive endpoint. Recent work applies deep-learning- based counting and body-area measurement to resolve sublethal effects and shifts in cohort structure that abundance data cannot capture. At the community level, field surveys showed that bioavailable arsenic fractions, rather than total concentrations, explain collembolan community structure in mine-waste soils, and that herbicides restructure communities indirectly through changes in vegetation. Advances in our understanding of soil ecosystems and analytical tools are extending the indicator role of Collembola beyond survival and reproduction to molecular endpoints, finer population-level endpoints, and the detection of direct and indirect disturbance effects at the community level. This expansion suggests that Collembola-based endpoints can serve as a building block for predicting the ecosystem services they support under large-scale ecosystem changes such as climate change.

Corresponding author E-mail: yunsiklee@pusan.ac.kr

특 별 세 션



특별세션 1 (Special Session 1)

대발생 생물 관리방안

일 시: 2026년 10월 28일(수) 16:30 – 18:30
장 소: 몬테로소 (지하 1층)

좌장: 위준/충남대학교

16:30 - 16:45	S1-1	**붉은등우단털파리(*Plecia longiforceps*)에 대한 *Bacillus thuringiensis israelensis* (Bti)의 현장 방제 효과 평가** 손성욱 (삼육대학교)
16:45 - 17:00	S1-2	**Seasonal variation in larval density of *Plecia longiforceps* (Diptera: Bibionidae) on Mt. Gyeyang** Song-Ju Ha (Chungbuk National University)
17:00 - 17:15	S1-3	**Instar determination for *Plecia longiforceps* (Diptera: Bibionidae) using head capsule widths with insights into annual larval phenology** Seong Hyeon Yeo (Chungnam National University)
17:15 - 17:30	S1-4	**Vegetation and soil environmental characteristics of *Plecia longiforceps* (Diptera: Bibionidae) habitats** Nam Gon Yoo (Hankyong National University)
17:30 - 17:45	S1-5	**서울시 민원자료를 활용한 붉은등우단털파리(*Plecia longiforceps*)와 동양하루살이(*Ephemera orientalis*)의 발생확률 예측모델 구축** 한승호 (고려대학교)
17:45 - 18:00	S1-6	**민원 데이터를 활용한 붉은등우단털파리 확산에 따른 서울시 도시사회취약성 평가** 김서현 (고려대학교)
18:00 - 18:15	S1-7	**붉은등우단털파리에 대한 시민 인식·경험과 관리방안의 중요도 -만족도 분석** 이주호 (고려대학교)
18:15 - 18:30	S1-8	**Environmental DNA (eDNA)-based early detection of *Plecia longiforceps* larvae in soil** Yu Rim Kim (Sangji University)

S1-1

붉은등우단털파리(*Plecia longiforceps*)에 대한 *Bacillus thuringiensis israelensis* (Bti)의 현장 방제 효과 평가

손성욱[p1], 변진석[2], 송호준[2], 이장호[1], 김동건[c2,3]

[1]삼육대학교 융합과학과
[2]삼육대학교 환경생태연구소
[3]삼육대학교 교양교육원

붉은등우단털파리(*Plecia longiforceps*)는 시민모니터링 자료 확인 결과 2015년 국내 첫 관찰 기록이 확인되었으며, 2022년 이후 서울 은평구, 경기 고양시 등을 시작으로 매년 6~7월 수도권 일대에서 대발생하여 시민들의 불편을 초래하고 있다. 기존 연구 결과 북중국에서 일부 개체군이 유입된 것으로 추정되며, 발생 지역이 매년 지속적으로 확대되고 발생 규모의 연도별 변동성이 크기 때문에 친환경적인 관리방안 마련이 필요한 실정이다. 본 연구는 붉은등우단털파리의 개체수 저감을 위해 미생물제제인 *Bacillus thuringiensis israelensis* (Bti)를 이용하여 유충 단계 방제의 현장 적용 가능성을 평가하였다. 실험은 유충 서식 및 과거 성충 발생이 확인된 수도권 일대 15개 산림지역에서 2026년 4월 22일부터 5월 29일까지 Bti 수화제(1,200ITU/mg)와 입제(7,000ITU/mg)를 살포한 후, 유충 및 성충의 개체수 감소를 확인하였다. 수화제의 경우 용수 1톤당 약제 2kg, 입제의 경우 10kg을 희석하여 고압 살수기를 이용하여 각각 900㎡에 살포를 진행하였다. 유충의 경우 6개의 산림에서 살포 구역과 미살포 구역의 유충을 정량 채집한 뒤, 미살포 구역 대비 살포 구역에서의 개체수 감소율을 추정하였으며, 성충의 경우 15개의 산림지역에 우화트랩을 이용하여 미살포 구역 대비 살포구역의 성충 발생 개체수 감소량을 추정하였다. 조사 결과 유충은 6개의 지역 중 3개의 지역에서 미살포 구역 대비 살포 구역에서의 개체수가 감소한 것으로 확인이 되었으며, 수락산에서 가장 높은 72%의 감소율을 보였다. 성충의 경우 15개의 산림 중 9개의 산림에서 개체수가 감소한 것으로 확인되었으며, 불암산에서 84.32%로 가장 높은 감소율을 보였다. 반면 일부 지역에서는 살포 구역에서의 유충 또는 성충의 발생량이 미살포 구역보다 높은 것으로 확인되었으나, 이는 넓은 살포 면적에 따른 약제의 불균일한 살포, 약제 살포 시기 및 유충의 집중분포 특성 등이 영향을 미쳤을 가능성이 있는 것으로 판단된다. 향후 소규모 구역을 이용한 반복 실험과 유충의 성장 전 적정 살포 시기 검토를 통해 Bti의 방제 효과와 현장 적용 조건을 구체화할 필요가 있을 것으로 사료된다.

** 본 연구는 기후에너지환경부의 재원으로 국립생물자원관의 지원을 받아 수행하였습니다 (NIBR202610201).

교신저자 E-mail: ecology@syu.ac.kr

S1-2

Seasonal variation in larval density of *Plecia longiforceps* (Diptera: Bibionidae) on Mt. Gyeyang

Song-Ju Ha[p1], Ui-Joung Byeon[2], and Jong-Seok Park[c1]

[1]Chungbuk National University, Department of Biological Sciences and Biotechnology
[2]Lakehead University, Faculty of Natural Resources Management

As human activities intensify, ecological disturbances such as climate change and the introduction of invasive species have emerged as global issues. Such disturbances can provide opportunities for establishment and thrive for certain invasive species, which can lead to a rapid increase in population, known as mass outbreaks. Mass outbreaks not only serve as critical indicators of imbalances or collapses within ecological food webs, but also act as sanitary pests, causing direct inconvenience to human life. In this study, we conducted monitoring for one year on Mt. Gyeyang, Incheon, to track the larval density changes of *Plecia longiforceps* Duda, 1933, which exhibited a mass outbreak in 2025. Investigations were performed once a month from September 2025. Sampling was conducted across four aspects (East, West, South, and North) and four elevations (100, 200, 300, and 390 m). At each survey, we collected a total of 80 soil samples with five replicates per site. The results showed that the larval density peaked in autumn, decreased in winter, recovered in spring, and dropped sharply during the adult emergence period. In addition, higher density was observed on the eastern and southern slopes, and there was no significant difference in density among elevations. No correlation was found between predator group density and larval density.

Corresponding author E-mail: jpark16@chungbuk.ac.kr

S1-3

Instar determination for *Plecia longiforceps* (Diptera: Bibionidae) using head capsule widths with insights into annual larval phenology

Seong Hyeon Yeo[p1], Ji-Yong Song[1], Young Min Park[2], and June Wee[c1,2]

[1]Department of Applied biology, Chungnam National University, Daejeon 34143, Korea
[2]Department of Agricultural biology, Chungnam National University, Daejeon 34143, Korea

Plecia longiforceps Duda, 1934 (Diptera: Bibionidae) has been increasingly reported in Korea since 2022, and a large outbreak in June 2025 raised major social concern. However, ecological information necessary for management remains limited. This study examined the distribution and head capsule width of *P. longiforceps* larvae collected from Gyeyang Mountain, Incheon, a major outbreak site in 2025. From September 2025 to August 2026, soil samples were collected from four slope aspects at four elevations. Larvae were extracted using Berlese funnels, counted, and measured for head capsule width. Our results showed that larval head capsule widths progressively increased from July to November, reflecting a continuous, month-by-month progression of instars after hatching. However, the measurements remained stable from December through May, indicating that the larvae enter an overwintering period at a constant instar. While further laboratory rearing studies are needed to obtain more conclusive results, these findings provide foundational knowledge for predicting larval growth patterns and developing effective management strategies.

Corresponding author E-mail: junewee@cnu.ac.kr

S1-4

Vegetation and soil environmental characteristics of *Plecia longiforceps* (Diptera: Bibionidae) habitats

Nam Gon Yoo[p1], Yong Ho Lee[2], Si Eun Kong[3], Ye Rin Seo[3], Ji Yeon Woo[1], Ye Jin Heo[1], Hyun Sik Kim[3], Je Won Lee[3], Seong Wook Lim[3], Poudel Anil[2], Prabhat Adhikari[2], and Sun Hee Hong[c2,3]

[1]Hankyong National University Department of Carbon Neutrality Biosystems Convergence
[2]Hankyong National University Laboratory for Humanities-Ecology Convergence and Resilience
[3]Hankyong National University Department of Plant Resources and Landscape Architecture

To characterize habitat conditions associated with the mass occurrence of *Plecia longiforceps*, abundance, vegetation, and soil environmental conditions were investigated at 16 sites on Gyeyangsan Mountain and 102 sites across Korea. At Gyeyangsan, cumulative abundance from repeated surveys was used to classify the upper and lower 25% of sites as relative high- and low-abundance groups. Environmental differences were tested using Welch's t-test, and associations between maximum monthly abundance and environmental factors were assessed using Spearman's rank correlation. Available phosphorus was significantly higher in the high-abundance group, and maximum monthly abundance was positively correlated with elevation. In the nationwide survey, 801 individuals were recorded at 33 of 102 sites. Presence and absence sites were compared using the Mann–Whitney U test and Fisher's exact test. Presence sites had a significantly thicker litter layer, and *Quercus mongolica* dominance in the tree layer was significantly associated with the occurrence of *P. longiforceps*. These results suggest that *P. longiforceps* occurrence is related to litter accumulation, *Q. mongolica* dominance, elevation, and soil available phosphorus.

Corresponding author E-mail: shhong@hknu.ac.kr

S1-5

서울시 민원자료를 활용한 붉은등우단털파리(*Plecia longiforceps*)와 동양하루살이(*Ephemera orientalis*)의 발생확률 예측모델 구축

한승호[p1], 정혜민[1], 이윤노[1], 김동건[2], 이상철[c1]

[1]고려대학교 생명과학대학 환경생태공학과
[2]삼육대학교 교양교육원 융합교양부

최근 서울시에서는 붉은등우단털파리와 동양하루살이 등 특정 곤충의 대발생이 반복적으로 관찰되며 관련 민원이 지속적으로 발생하고 있다. 이에 본 연구는 서울시 민원자료를 활용하여 두 종의 발생확률을 예측하고 주요 환경요인을 분석하고자 하였다. 2022–2025년을 분석기간으로 설정하고, 민원 위치를 출현지점으로 정의하였다. 출현 셀을 제외한 분석영역에서 출현 지점 수와 동일한 수의 비출현 지점을 무작위 추출하여 출현·비출현 지점을 1:1 비율로 구축하였다. 붉은등우단털파리는 연도별 모델을 구축하였으며, 동양하루살이는 2022–2025년 자료를 통합하여 단일 모델로 분석하였다. 입력변수는 종별 발생기의 평균기온, 평균최고·최저기온과 누적강수량, 월동기(전년도 12월–당해연도 2월)의 평균최저기온과 고도, 경사, 방위, TWI, 토지피복유형 및 건물밀도를 공통으로 적용하였다. 붉은등우단털파리에는 계양산과의 거리, 영하일수 및 임상유형을, 동양하루살이에는 수계와의 거리와 가로등 밀도를 추가하였다. 전체 자료를 Train과 Test 자료로 7:3 비율로 분할하고, Train 자료를 대상으로 총 9개 머신러닝 모델에 대해 5-fold 교차검증과 베이지안 최적화를 수행하였다. 모델 성능은 Accuracy, F1-score 및 ROC-AUC로 평가하였다. 최적모델의 Test Accuracy, F1-score 및 ROC-AUC는 붉은등우단털파리에서 각각 0.77, 0.78, 0.84 이상이었으며, 동양하루살이 통합모델에서는 각각 0.80, 0.80, 0.89로 나타났다. 최적모델을 이용해 발생확률 지도를 구축하고, 발생확률 0.6 이상 지점을 대상으로 SHAP 분석을 수행하였다. 본 연구는 서울시 내 잠재적 대발생 지역을 파악하고 향후 모니터링 및 대응 우선지역을 설정하기 위한 기초정보를 제공한다.

교신저자 E-mail: slee2024@korea.ac.kr

S1-6

민원 데이터를 활용한 붉은등우단털파리 확산에 따른 서울시 도시사회취약성 평가

김서현[p1], 이주호[1], 허지원[1], 김동건[2], 이정아[c3]

[1]고려대학교 환경생태공학과
[2]삼육대학교 교양교육원
[3]고려대학교 환경생태공학부

붉은등우단털파리는 생태계 익충임에도 불구하고, 떼를 지어 출몰하는 특성 탓에 시민들에게 심각한 불쾌감과 생활 불편을 야기하며 주요 도시 생태 이슈로 부각되었다. 이러한 생태적 유익성과 사회적 피해 간의 대립은 생태적 서식 특성과 사회시스템의 구조적 민감도가 상호작용하는 도시 환경의 건강성 문제를 보여준다. 따라서 효과적인 붉은등우단털파리 대발생 대응을 위해서는 생물·환경적 요인과 사회적 요인을 아우르는 유기적 원헬스 관점의 접근이 요구된다. 본 연구의 목적은 민원 데이터를 활용해 붉은등우단털파리 확산에 따른 도시 사회취약성을 도출·해석하여 우선 관리 지역을 식별하고, 방제 전략 수립을 위한 객관적 근거를 제공하는 것이다. 이를 달성하기 위한 세부 목적은 다음과 같다. 첫째, 환경 변수와 민원 데이터를 통합하여 공간적 노출도를 산출한다. 둘째, 사회적 변수들을 기반으로 사회적 민감도를 도출한다. 셋째, 노출도와 민감도를 가중합산하여 취약성 지도를 구축하고 우선 관리 지역을 식별한다. 연구 과정에서는 토지피복, 지형, 기온 및 강수 등 환경 변수와 민원 데이터를 활용하여 종분포모델인 MaxEnt을 통해 생태적 노출도를 작성하고, 상업·서비스업 밀도, 주거 형태, 야외활동 지수 등 사회적 변수로 주성분 분석을 수행해 사회적 민감도 지수를 산출하였다. 이어 균등 가중치 기반 가산 모델을 통해 최종 도시 사회취약성 지도를 도출하였으며, 핫스팟 분석을 통해 우선 관리 지역을 식별하고 그 위험 특성을 분석하였다. 분석 결과, 생태적 노출도와 사회적 민감도 모두 서울시 내에서 격자 간 유의미한 편차를 보였다. 인공광, 수계 및 기후 등 환경 변수의 영향으로 고밀도 상업·주거 지역에서 높은 노출도가 나타났으며, 노후·저층 주거지와 1인가구 비율이 높은 지역에서 사회적 민감도가 높게 나타났다. 도시사회 취약성 역시 서울시 내 유의미한 공간적 편차를 나타냈으며, 우선 관리 지역은 구도심 고밀도 상업·주거 및 지역과 통계적으로 유의미한 중첩 특성을 보였다. 본 연구는 붉은등우단털파리의 생태특성과 환경 조건, 그리고 도시의 사회구조적 취약성을 결합하여 대발생 문제를 분석함으로써 원헬스 관점의 통합적 평가 틀을 제시했다는 의의를 지닌다. 나아가, 도출된 우선 관리 지역 기반의 방제 전략이 향후 사회적 민감도 완화 및 적응능력 제고로 환류되는 실효적 정책 기초자료를 제공한다는 점에서 큰 의의를 가진다.

** 본 연구는 서울특별시의 「2026년 대발생곤충 감시 및 예방관리」 용역과제(R26KB05948352)의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: archjung@korea.ac.kr

S1-7

붉은등우단털파리에 대한 시민 인식·경험과 관리방안의 중요도-만족도 분석

이주호[p1], 김서현[1], 허지원[1], 심현균[1], 김동건[2], 이정아[c3]

[1]고려대학교 환경생태공학과
[2]삼육대학교 교양교육원
[3]고려대학교 환경생태공학부

대발생 곤충의 관리는 발생 취약지역 예측과 방제기술 개발에 더해 시민이 체감하는 불편과 관리 수요를 함께 고려할 필요가 있다. 본 연구는 서울시민의 붉은등우단털파리(*Plecia longiforceps*)에 대한 인식·경험과 관리방안별 중요도·만족도를 분석하여 시민 불편 완화를 위한 관리 우선순위와 개선 과제를 도출하는 데 목적이 있다. 서울시민 300명을 대상으로 붉은등우단털파리에 대한 불쾌감과 공공 방제 필요성, 노출·피해 경험, 방제방식의 선호와 대응 경험, 전년 대비 상황 변화 인식 및 관리방안에 대한 평가를 조사하였다. 수집 자료는 R을 이용하여 빈도분석과 집단 간 차이 및 관련성 분석을 수행하였다. 행정적 방제연구 5개 항목은 중요도를 비교하고, 과학적 방제연구 7개와 시민 홍보 및 인식개선 4개 항목은 분야별 중요도-만족도 분석(IPA)을 적용하여 상대적 개선 우선순위를 검토하였다. 분석 결과, 시민의 노출·피해 경험에 따라 불편 인식과 공공 방제 필요성에 대한 평가 양상이 달리 나타났다. 행정적 방제연구에서는 발생 예측과 모니터링 등 사전 대응을 위한 관리 기반의 중요성이 인식되었다. 과학적 방제연구와 시민 홍보·인식개선 분야에서는 중요도와 만족도가 일치하지 않는 항목이 나타났으며, 분야별 IPA를 통해 관리방안의 상대적 개선 우선순위를 도출하였다. 이러한 분석 결과는 시민의 불편 경험과 관리방안 평가를 함께 검토하여 방제자원 배분과 홍보·대응 전략의 개선 방향을 설정하는 데 활용될 수 있다. 기존 발생 취약지역 예측 결과와 연계하면 공간적 발생 위험과 시민의 관리 수요를 함께 고려한 우선관리지역 선정의 근거를 보완할 수 있다. 본 연구는 시민의 관점에서 관리방안의 상대적 우선순위를 평가함으로써 선제적 관리체계의 실행 방향을 구체화하는 데 의의가 있다.

** 본 연구는 서울특별시의 「2026년 대발생 곤충 감시 및 예방관리」 용역과제(R26KB05948352)의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: archjung@korea.ac.kr

S1-8

Environmental DNA (eDNA)-based early detection of *Plecia longiforceps* larvae in soil

Yu Rim Kim[p1], Hee-kyu Choi[1], Young Rae Kim[1], Hye Jin Park[1], Soon Young Hwang[1], Dae Ho Kim[1], Dong Gun Kim[2], and Hyuk Je Lee[c1]

[1]Molecular Ecology and Evolutionary Laboratory, Department of Biological Science, Sangji University, Wonju 26339, Korea
[2]Faculty of General Education, Sahmyook University, Seoul 01795, Korea

Recent ecological shifts driven by climate change and urbanization have triggered recurrent mass outbreaks of several insect species. In Korea, mass emergences of the so-called "lovebug", *Plecia longiforceps*, have been repeatedly reported in the Seoul metropolitan area since 2022, causing increasing public complaints. Because the larvae of *P. longiforceps* inhabit the soil, direct surveys of their distribution are challenging. This study therefore evaluated the potential of soil environmental DNA (eDNA) for early detection and surveillance of larval distribution. Soil samples were collected from seven regions in Chungcheong Province (63 samples) and 22 regions in the Seoul metropolitan area (50 samples), and eDNA was extracted from every sample. COI metabarcoding was performed using the metazoan universal primers mlCOIintF and jgHCO2198, and detections were further verified using a species-specific primer set developed for *P. longiforceps*. Metabarcoding-positive samples were subsequently analyzed using species-specific quantitative PCR (qPCR) to independently confirm detections and compare eDNA abundance among samples. COI metabarcoding of the 63 samples from Chungcheong Province yielded 42,913 amplicon sequence variants (ASVs) and 2,446,983 reads, of which 25 ASVs and 2,017 reads were assigned to *P. longiforceps*. In the Seoul metropolitan area, *P. longiforceps* was detected in 19 regions, with 308 ASVs and 22,419 reads assigned to the species. ASVs identified as *P. longiforceps* showed high sequence similarity to reference sequences, and phylogenetic analysis including closely related bibionid species placed them within the same clade as the *P. longiforceps* reference sequences. Species-specific qPCR was subsequently applied to metabarcoding-positive field soil samples to independently confirm detections and quantitatively compare eDNA abundance among samples. Overall, the combined use of broad-scale metabarcoding and species-specific qPCR highlights the potential of soil eDNA as an effective tool for early surveillance of *P. longiforceps* before adult mass emergence.

** This research was supported by the National Institute of Biological Resources (NIBR2026 10201), funded by the Ministry of Environment of the Republic of Korea, and by the ANCHOR Program through the Gangwon ANCHOR Center, funded by the Ministry of Education (MOE) and Gangwon State, Republic of Korea (2026-ANCHOR-10-005).

Corresponding author E-mail: lhjk622@gmail.com

특별세션 2 (Special Session 2)

내륙습지 탄소흡수원의 과학적 가치와 미래 전략

일 시: 2026년 10월 28일(수) 16:30 – 18:30
장 소: 포럼 1 (3층)

좌장: 이창수/국립낙동강생물자원관

16:30 - 16:45	S2-1	**블루카본(갯벌)의 탄소 흡수계수 개발에 관한 연구** 김승도 (한림대학교)
16:45 - 17:00	S2-2	**내륙습지 부문 국가 온실가스 인벤토리 산정체계의 개선 방향과 과제** 임정철 (국립생태원)
17:00 - 17:15	S2-3	**내륙습지의 탄소 저장 특성과 미세조류의 기여 연구** 이상득 (국립낙동강생물자원관)
17:15 - 17:30	S2-4	**내륙습지 탄소흡수원 평가를 위한 Bio-mineral Flocculation 기반 탄소 Flux 모델링** 이병준 (경북대학교)
17:30 - 17:45	S2-5	**담수 생태계의 메탄 배출과 관리 - 낙동강 유역 사례를 중심으로** 박지형 (이화여자대학교)
17:45 - 18:00	S2-6	**국내 댐저수지 온실가스 배출계수 개발 및 탄소 저장·조절 기능 평가** 박형석 (K-water연구원)
18:00 - 18:30	종합토론	**주제: 내륙습지 탄소흡수원의 과학적 가치와 미래 전략 토의** **<자문 및 토론자>** 조영준 사무관 (기후에너지환경부 자연생태정책과) 허진 교수 (세종대학교) 서승오 센터장 (동아시아람사르지역센터) 명수정 선임연구위원 (한국환경연구원) 최준영 선임연구원 (한국환경산업기술원) 이원석 본부장 (국립낙동강생물자원관) 김의진 실장 (국립낙동강생물자원관)

S2-1

블루카본(갯벌)의 탄소 흡수계수 개발에 관한 연구

김승도[pc]

한림대학교 환경생명공학과

기후위기가 심각해지면서 흡수원이 탄소중립 달성에 주요 역할을 담당하리라 기대하고 있다. 그동안에 흡수원으로 추정되나, 과학적 자료가 부족하여 IPCC에서 정식 흡수원으로 인정받지 못한 분야가 많았다. 지난 20년 동안 흡수원에 관한 연구가 활발히 진행되어, 흡수 메커니즘이 밝혀지고, 관련 흡수계수도 학계에서 인정받았다. IPCC는 2027년 목표로 신규 흡수원에 대한 방법론을 개발하고 있으며, IPCC는 갯벌을 신규 흡수원으로 인정하여 흡수 방법론과 계수를 개발하고 있다. 갯벌에서의 탄소 거동(Carbon Dynamics)은 조상대(Supratidal Zone)와 상부 조간대(Intertidal Zone)로부터의 유기탄소 유입, 저서미세조류(Microphytobenthos)의 광합성에 의한 대기 중 CO_2 흡수, 생물체의 호흡에 의한 CO_2 배출, 갯벌 퇴적층의 유기탄소의 미생물 분해에 의한 CO_2와 CH_4 배출로 설명할 수 있다. 따라서 갯벌 퇴적층의 탄소축적률(Carbon Accumulation Rate, 이하 CAR)은 위 그림에서 보는 것처럼 탄소 유입률(외부 유기탄소 유입과 저서미세조류의 광합성에 의한 대기 중의 CO_2 흡수)에서 유출률(갯벌 퇴적층 생물체의 호흡에 의한 CO_2 배출과 미생물에 의한 퇴적층 유기탄소의 분해에 의한 CO_2와 CH_4 배출)을 빼준 값으로 설명할 수 있다. 그러나, 갯벌의 탄소축적률은 퇴적층의 온실가스 흡수와 배출을 구분하여 산정하기보다는 갯벌 퇴적층 탄소가 안정화되어 있다는 가정을 토대로 퇴적물의 침전 속도와 침전물 내의 유기탄소 함량을 기반하여 산정하고 있다. 갯벌의 CAR에 영향을 미치는 요인은 1) 퇴적물 유형 및 입도, 2) 퇴적물 공급 및 퇴적률, 3) 유기탄소의 기원, 양 및 질, 4) 온도, 기후대 및 위도, 5) 산화·환원 조건 및 조석 침수, 6) 수리역학적 특성, 퇴적물 재부유 및 침식, 7) 염분, 8) 생물교란, 9) 영양염 부하, 10) 인위적 교란 등이다(Chen and Lee, 2022; Wang et al., 2026).

교신저자 E-mail: sdkim@hallym.ac.kr

S2-2

내륙습지 부문 국가 온실가스 인벤토리 산정체계의 개선 방향과 과제

임정철[pc]

국립생태원 탄소흡수연구팀

내륙습지는 식생과 토양에 탄소를 흡수하고 저장하는 동시에 온실가스를 배출하는 생태계로, 기후변화 완화 기능을 평가하기 위해서는 배출과 흡수를 함께 고려해야 한다. 그러나 국내 내륙습지 부문의 국가 온실가스 인벤토리는 침수지의 배출량 산정을 중심으로 이루어져, 식생이 분포하는 지역의 탄소흡수와 저장량 변화를 충분히 반영하지 못하고 있다. 본 연구는 우리나라 내륙습지의 생태적 특성과 활동자료 및 계수 구축 현황을 바탕으로 현행 산정체계의 한계를 검토하고, 온실가스 배출량과 흡수량을 통합적으로 산정하기 위한 개선 방향을 제시하고자 한다. 산정체계 개선을 위해서는 첫째, 내륙습지를 수역, 목본식생, 초본식생 등으로 구분하고, 유형별 면적과 토지이용 변화를 파악할 수 있는 공간 기반 활동자료를 구축해야 한다. 이때 다른 토지이용 범주와의 중복 및 누락을 방지하고, 과거부터 현재까지 일관된 분류기준을 적용하여 연도별 변화와 전환 이력을 확보할 필요가 있다. 둘째, 유형별 특성에 따라 바이오매스, 고사유기물, 토양 등 탄소저장고의 변화와 주요 온실가스 배출을 산정할 수 있도록 국가 고유 계수를 개발해야 한다. 특히 국내 내륙습지의 주요 식생과 무기토양을 대상으로 탄소축적량, 생장에 따른 변화량 및 온실가스 플럭스에 관한 기초자료를 축적해야 한다. 셋째, 현재 추진 중인 활동자료 구축과 계수 개발을 실제 인벤토리 산정으로 연결하기 위해 자료의 대표성과 불확도를 평가하고, 지속적인 조사와 갱신 체계를 마련해야 한다. 향후에는 자료 확보 수준에 따라 산정 가능한 유형과 탄소저장고부터 단계적으로 반영하고, 장기 관측을 통해 배출과 흡수를 종합적으로 검증할 필요가 있다. 아울러 국내 연구성과를 국제적으로 공유하여 IPCC 방법론의 보완에 기여해야 한다. 이러한 개선은 내륙습지의 온실가스 수지를 보다 정확하게 파악하고, 습지 보전과 복원 및 관리의 기후변화 완화 효과를 평가하는 기반이 될 것이다.

교신저자 E-mail: limsu8002@nie.re.kr

S2-3

내륙습지의 탄소 저장 특성과 미세조류의 기여 연구

이상득[pc1], 박채홍[2], 구민화[3], 신경훈[3], 이병준[4], 박미례[1], 이창수[1],
박지형[5], Maidina Zhumabieke[5], 이선민[5]

[1]국립낙동강생물자원관 원생생물연구부
[2]㈜생태와조우
[3]한양대학교 해양융합과학과
[4]경북대학교 환경안전공학과
[5]이화여자대학교 환경공학과

우포늪은 국내 최대 규모의 내륙습지로서 생물다양성 보전뿐만 아니라 탄소 저장 및 온실가스 순환 측면에서도 중요한 생태적 기능을 수행하는 것으로 알려져 있다. 본 연구는 우포늪의 형성과 발달 과정을 규명하고, 담수 미세조류 기반 탄소 저장 기능과 메탄 생성·산화 과정을 통합적으로 분석함으로써 내륙습지의 탄소순환 체계를 종합적으로 평가하고자 수행되었다. 우포늪 전역(우포, 사지포, 목포, 쪽지벌)을 대상으로 시추 코어를 확보하여 퇴적상 분석, 입도 분석, 방사성탄소·납·세슘 연대측정, 총유기탄소(TOC), 탄소안정동위원소($\delta^{13}C$), 돌말류 군집 분석 등을 수행하였다. 또한 메탄 생성 및 산화 특성을 평가하기 위해 퇴적토 및 수체를 활용한 배양 실험과 메탄 탄소·수소 안정동위원소 분석을 실시하였다. 연구 결과, 우포늪 수중 퇴적층의 총 탄소 저장량은 약 102,000 ton C(약 375,000 ton CO_2eq)로 산정되었으며, 연간 탄소 축적량은 약 93 ton C yr^{-1}로 평가되었다. TOC 함량이 높은 구간에서는 돌말류를 중심으로 한 담수 미세조류의 높은 세포 밀도가 관찰되었으며, TOC 함량 및 $\delta^{13}C$ 값을 종합적으로 고려할 때, 우포늪 퇴적층에 저장된 유기탄소의 상당 부분은 담수 미세조류 기원일 가능성이 높은 것으로 나타났다. 본 연구는 우포늪이 단순한 온실가스 배출원이 아니라, 지형적 특성에 의해 형성된 장기 탄소 저장 시스템이며 담수 미세조류 기반 탄소 고정과 메탄 산화 과정이 함께 작동하는 복합 탄소순환 체계임을 제시한다. 이러한 결과는 향후 내륙습지 기반 국가 온실가스 흡수원 평가, MRV 체계 구축 및 담수형 Teal Carbon 개념 정립을 위한 과학적 기반 자료로 활용될 수 있을 것으로 기대된다.

교신저자 E-mail: diatom83@nnibr.re.kr

S2-4

내륙습지 탄소흡수원 평가를 위한 Bio-mineral Flocculation 기반 탄소 Flux 모델링

이병준[pc1], Qilong Bi[2], 이상득[3], 박미례[3]

[1]경북대학교 환경안전공학과
[2]Deltares, 네덜란드
[3]국립낙동강생물자원관 원생생물연구부

내륙습지는 높은 생물생산성과 유기물의 퇴적·저장 기능을 통해 중요한 자연기반 탄소흡수원으로 인식되고 있다. 그러나 습지에서 생성된 유기탄소가 수층 내에서 어떻게 입자화되고 침강하여 퇴적층으로 전달되는지에 대한 과정 기반 이해는 여전히 제한적이며, 이는 내륙습지의 탄소흡수 및 저장 기능을 정량적으로 평가하는 데 중요한 불확실성으로 남아 있다. 특히 자연계의 입자는 광물, 식물플랑크톤, 유기물 및 세포외고분자물질(EPS) 등이 결합된 bio-mineral floc 형태로 존재하며, 이러한 응집 과정은 유기탄소의 수직 이동과 퇴적을 직접적으로 조절할 수 있다. 본 연구에서는 기존 two-class population balance framework를 확장하여, 광물 및 생물기원 입자의 응집과 파괴, 입자 조성 변화 및 이에 따른 침강 특성을 동시에 모의할 수 있는 다성분 모델인 TCNPBE를 개발하였다. 모델은 bio-mineral floc의 형성과 구조적 변화를 모의하고, 이에 연계된 탄소, 질소, 인 및 규소의 이동을 추적할 수 있도록 구성하였다. 또한 EPS에 의한 입자 부착 효과를 포함함으로써 생물활동과 입자 응집 간의 상호작용을 과정 기반으로 표현하였다. 개발된 모델은 Delft3D-DELWAQ에 구현하고 이상화된 1차원 연직(1DV) 모의를 통해 평가하였다. 모의 결과, 조류와 광물 입자의 응집에 따른 floc 성장과 침강 증가, 그리고 이에 따른 입자성 유기물의 수층–저층 간 이동을 재현할 수 있음을 확인하였다. 이러한 결과는 생물량, 광물 입자 및 EPS의 상대적 변화가 탄소의 침강 및 퇴적 flux를 결정하는 중요한 요인이 될 수 있음을 보여준다. 본 연구에서 제시한 TCNPBE는 수층에서 생성된 유기탄소가 bio-mineral flocculation을 통해 침강·퇴적되는 과정을 정량화함으로써, 내륙습지의 탄소흡수 및 저장 기능을 평가할 수 있는 process-based scientific framework를 제공한다. 향후 습지의 수문·생태·퇴적물 환경과 연계한 3차원 모델링으로 확장할 경우, 내륙습지의 carbon sink potential을 정량적으로 평가하고, 기후변화 대응을 위한 습지 보전·복원 우선순위 설정 및 탄소흡수원 관리전략 수립을 지원하는 과학적 도구로 활용될 수 있다.

교신저자 E-mail: bjlee@knu.ac.kr

S2-5

담수 생태계의 메탄 배출과 관리 – 낙동강 유역 사례를 중심으로

박지형[pc1], 이현지[1], 매디나 주마비케[1], 이선민[1], 이상득[2]

[1]이화여자대학교 환경공학과
[2]국립낙동강생물자원관 원생생물연구부

습지를 포함한 담수 생태계는 전 세계 메탄 배출량의 50% 이상을 차지하는 가장 중요한 배출원이다. 한국의 경우 '생태계 기반 기후 해법'에 대한 높은 관심에도 불구하고, 담수 생태계의 메탄 배출 현황을 파악하지 못해 메탄 배출을 저감하는 탄소흡수원 전략을 제대로 수립하지 못하고 있다. 본 연구에서는 낙동강 본류와 유역 내 대표적 자연 습지인 우포늪에서 실시한 현장 조사 결과에 기초해 자연 하천, 저류화 구간 및 습지 유형별 메탄 배출의 시공간적 변동 특성과 주요 조절 기작을 파악함으로써 유역 차원의 배출 저감을 위한 생태계 관리 방안을 도출하고자 한다. 낙동강의 최상류부터 하구역까지 15개 정점과 우포늪 1개 정점의 표층 메탄 농도를 1-3년에 걸쳐 다년 관측한 후 기체 확산 모형에 기초해 배출량을 추정하였으며, 우포늪에서는 부유식 체임버와 버블 트랩을 이용해 배출량을 추가 검증하였다. 낙동강은 8개의 보에 의해 저류화된 중류 구간의 메탄 배출량(diffusive flux, 84 mmol CO_{2eq} m^{-2} d^{-1})이 자연 형태를 유지한 상류 구간과 하굿둑이 위치한 하구역에 비해 21-27배 높았으며, 식물성플랑크톤의 광합성에 의한 이산화탄소 흡수량(52 mmol CO_{2eq} m^{-2} d^{-1})을 크게 상회했다. 낙동강 보 구간의 메탄 농도 및 배출량은 4월에 비해 7-8월에 현격하게 높았으며, 수온, 총인(TP), 남세균 세포수 등과 높은 상관관계를 나타냈다. 우포늪 표층의 메탄 배출량은 기포(ebullition)의 영향을 반영하는 체임버 측정 결과가 확산 모형의 추정치보다 10배 이상 높았으며, 확산 배출량은 고수위 조건에서 수체 내 메탄 산화로 인해 감소하는 경향을 보였다. 이상의 결과를 통해 저류화와 같은 인위적 교란뿐만 아니라 고수온과 저수위 같은 자연적 요인에 의한 메탄 매출의 변동성을 확인하였으며, 이러한 관측 자료에 기반해 하천의 자연성 회복과 습지 생태계 관리를 통해 메탄 배출을 저감하는 생태계 흡수원 전략을 수립할 것을 제안한다.

교신저자 E-mail: jhp@ewha.ac.kr

S2-6

국내 댐저수지 온실가스 배출계수 개발 및 탄소 저장·조절 기능 평가

박형석[pc], 김동균, 최정규, 정선아, 이혜숙, 이승윤, 심연보

K-water연구원 수자원환경연구소

내륙습지 국가 온실가스 인벤토리 산정 시 IPCC 기본계수(Tier 1)를 획일적으로 적용함으로써 국내 수체 환경의 고유 특성이 배제되는 한계가 존재한다. 특히, 다목적댐 저수지는 수위 변동에 따른 수면적 변화와 수질 환경 등 핵심 인자를 고려하지 못해 배출량이 과대 계상되는 문제점이 지속적으로 지적되고 있다. 이에 본 연구는 대청댐과 보현산댐의 현장 관측 자료를 기반으로 국가 고유(Tier 2) 온실가스 배출계수를 산정하고, 2차원 수리·수질 해석 모형인 CE-QUAL-W2를 적용하여 저수지 내 시·공간적 탄소수지를 정량화하였다. 관측 결과, 국내 댐 수체는 특정 시기에 CO_2를 흡수하는 양상을 보였으나 연간 누적 기준으로는 CH_4 배출원으로 작용하였다. 실측 기반 배출계수는 대청댐 CO_2 0.144, CH_4 0.012 kg/ha/d, 보현산댐 CO_2 0.038, CH_4 0.041 kg/ha/d로 산정되었으며, 이는 기존 IPCC 기본값의 25%를 밑도는 수준이다. 신규 계수를 적용할 경우 연간 총배출량은 기존 대비 65.8～97.8% 대폭 하향 조정되는 것으로 확인되었다. 대청댐 2차원 수치해석(2018년)에서는 전체 유입 탄소원 가운데 9.6%인 2,131 ton(흡수 118 ton, 배출 2,249 ton)만이 대기로 순배출되었고, 1.4%(211 ton)는 호내에 안정적으로 포집·저류되었다. 본 연구는 현장 관측과 수치 모델링을 통해 기존 IPCC 기본계수가 국내 댐 저수지의 온실가스 배출량을 과대평가하고 있음을 일부 규명하였으며, 수체의 탄소 저장 및 조절 기능을 규명하였다. 이는 댐 저수지를 단순 배출원으로 분류하던 기존 인벤토리의 한계를 극복하는 결과로, 국내 다목적댐이 기후변화 대응 관점에서 내륙습지 고유의 역동적인 탄소 순환 및 저장 공간으로 재평가될 수 있는 과학적 근거를 제공한다.

교신저자 E-mail: qwrs07@kwater.or.kr

특별세션 3 (Special Session 3)

아열대화와 해양생태계 보호

일 시: 2026년 10월 29일(목) 09:30 – 11:30
장 소: 몬테로소 (지하 1층)

좌장: 박상율/제주대학교

09:30 - 09:50	S3-1	**Subtropicalization and its impact on ecosystem: green tides on Jeju Island coasts** Sang Rul Park (Jeju National University)
09:50 - 10:10	S3-2	**The study on the poleward shift of the subtropical region inudced by sea surface warming** Young Baek Son (Korea Institute of Ocean Science & Technology)
10:10 - 10:30	S3-3	**안정동위원소 분석을 이용한 아열대 해양생태계 먹이망 구조 변동 연구** 박현제 (강원대학교)
10:30 - 10:50	S3-4	**Molecular approaches for monitoring and managing invasive and bloom-forming seaweeds along the Korean coast** Hyuk Je Lee (Sangji University)
10:50 - 11:10	S3-5	**MPA/OECM 도출을 위한 방법론 개발-생태모델링 기법 적용을 중심으로** 구경아 (한국환경연구원)
11:10 - 11:30	S3-6	**에이전트 기반 모델을 활용한 고등어 난·자치어의 공간분포 분석 및 해양보호구역 선정** 강전영 (경희대학교)

S3-1

Green tides on Jeju Island coasts: nitrogen sources, species composition and management

Hyun Woo Jeong[1], Ji Hwan Oh[1], Jun Hyun Lim[1], Suhyeon Kim[1], Kyung Jung Chung[1], Huijin Jeong[1], Yun Hee Kang[2], and Sang Rul Park[pc1,3]

[1]Estuarine & Coastal Ecology Laboratory, Department of Marine Life Sciences, Jeju National University, Jeju 63243, Korea
[2]Center for Climate Change Response, Jeju National University, Jeju 63243, Korea
[3]NAVI Hyper-Tropicalization Research Institute, Jeju National University, Jeju 63243, Korea

Green tides caused by excessive proliferation of *Ulva* spp. have increasingly affected coastal ecosystems of Jeju Island, where nutrient enrichment and ocean warming occur concurrently. This study evaluated the environmental and biological factors associated with green-tide development and examined management implications. Water column nutrients (ammonium, nitrate+nitrate and phosphate), *Ulva* biomass, tissue nitrogen content, $\delta^{15}N$, nitrate reductase activity, species composition, seasonal succession, and thermal responses were assessed. These results conducted from 2013 to 2015 revealed pronounced spatial and seasonal variability in *Ulva* biomass, with annual standing biomass estimated at approximately 12,400 tonnes fresh weight. Stable isotope signatures indicated multiple nitrogen sources, including aquaculture effluents, submarine groundwater discharge, and sewage inputs. *Ulva ohnoi* and *U. australis* were major bloom-forming species, and seasonal succession among *Ulva* taxa contributed to prolonged bloom persistence. Thermotolerant species maintained substantial growth at elevated temperatures, indicating that ocean warming may enhance bloom persistence and magnitude. Effective mitigation requires integrated management incorporating nutrient-load reduction, improved seawater circulation, early biomass removal, and ecosystem-based monitoring. Collectively, multiple nitrogen inputs, species succession, and thermal tolerance contribute to the initiation, persistence, and intensification of green tides on Jeju Island, indicating the need for integrated management strategies.

Corresponding author E-mail: srpark@jejunu.ac.kr

S3-2

The study on the poleward shift of the subtropical region inudced by sea surface warming

Young Baek Son[pc1], Elsa Dianita Aulia[1,2], Sun Kyeong Choi[1], and Seonggil Go[1]

[1]Tropical·subtropical Research Center, Korea Institute of Ocean Science & Technology(KIOST), Jeju 63349, Korea
[2]Department of Ocean Science, KIOST School, University of Science & Technology(UST), Daejeon 34113, Korea

Recent Pacific Ocean warming has expanded warm-water environments poleward, a process known as "tropicalization". However, the extent and spatial patterns of this poleward expansion across the Pacific remain unclear. Here, we use 22 years of MODIS observations (2003–2025) to quantify shifts in sea surface temperature (SST)-defined latitudinal zones, assess the intensity of warming, and examine changes in surface chlorophyll a (Chl-a) conditions. To examine the coupled spatial variability between SST and Chl-a, Singular Value Decomposition (SVD) was performed on both raw and annual-anomaly values. Proxies for marine waters were established using the 28°C (warm-pool), 25 °C (tropical), 20 °C (subtropical), and 10 °C (temperate) isotherms across multiple longitudinal ranges in the North and South Pacific. Poleward migrations of these boundaries were evident, with total area above the isotherms increased by 0.11-0.35 million km^2/yr. In the North Pacific, the 28 °C isotherm in the western part migrated fastest (20kmyr-1). Total net displacement between the early and recent five-year periods of all isotherms ranged from 29 to 356km. The South Pacific's 28 °C isotherm also led to poleward shifts (11-13 km yr-1). However,while most isotherms expanded poleward across the South Pacific (57–252 km), some were shifted equatorward by 1–111 km during the middle and recent periods. Regarding warming intensity, the strongest warming occurred in the temperate zone of the North Pacific (10–20 °C), 0.685 °C/decade. Furthermore, Chl-a isopleths at 0.07 and 0.2 mg/m^3 also shifted poleward, accompanied by an expansion of oligotrophic waters. SVD analysis indicated strong seasonal and El Niño-related variability, while the second mode derived from anomaly data showed a long-term increase in SST coefficients accompanied by a decrease in Chl-a coefficients. These results provide quantitative evidence of large-scale poleward thermal shifts and associated changes in Chl-a across the Pacific.

Corresponding author E-mail: sonyb@kiost.ac.kr

S3-3

안정동위원소 분석을 이용한 아열대 해양생태계 먹이망 구조 변동 연구

박현제[pc], 김동영, 이동영

강원대학교 해양융합과학과

기후변화에 따른 해양 온난화로 한반도 연근해의 아열대화가 가속화됨에 따라, 해양생태계 내 에너지 흐름과 종 간 영양학적 상호작용의 변동을 정량적으로 규명하는 것은 지속 가능한 수산자원 관리의 핵심 과제이다. 본 연구에서는 탄소($\delta^{13}C$) 및 질소($\delta^{15}N$) 안정동위원소 분석을 적용하여 아열대화가 진행 중인 한반도 해역 주요 수산자원의 섭식생태와 먹이망 구조 변동을 평가하였다. 이를 위해 제주해역을 포함한 남해과 동해 해역의 어류 군집과 기초생산자, 저차소비자(동물플랑크톤, 저서무척추동물)의 안정동위원소비를 측정하고, Isotopic niche 분석과 Bayesian mixing model을 활용하여 기능적 연결성을 분석하였다. 연구 결과, 어류 군집의 영양구조는 서식 수층, 지리적 공간 구배 및 수괴 환경 변화에 유기적으로 연동되어 뚜렷한 기능적 분화를 나타냈다. 첫째, 부어류와 두족류는 상대적으로 낮은 $\delta^{13}C$ 값과 중간 수준의 $\delta^{15}N$ 값을 나타내며 외양성 부유생태계 기반의 에너지 흐름에 결합된 반면, 저어류는 높은 $\delta^{13}C$ 및 $\delta^{15}N$ 값을 보이며 pelagic-benthic coupling에 기반한 먹이망을 형성하였다. 둘째, 주요 어종들은 성장 단계별 뚜렷한 섭식 전환(ontogenetic diet shift)과 함께, 먹이생물 생물량 변동에 대응하는 유연한 기회주의적 섭식을 통해 isotopic niche의 확장을 보였다. 셋째, 공간 구배에 따라 연안역 군집은 육상 기원 유기물 유입과 높은 영양다양성을 나타냈으나, 외양 및 난류 유입 해역에서는 아열대성 어종 유입에 따른 자원분할(resource partitioning)과 수괴별 기저 동위원소 지문(fingerprint)의 뚜렷한 분화가 관찰되었다. 종합적으로 본 연구는 안정동위원소 기법을 통해 아열대화에 따른 수산생물의 먹이원 기원, 영양단계, 개체군 간 먹이경쟁을 정량화하였다. 본 결과는 향후 해양 온난화 환경에서 생태계 기반 수산자원 관리(Ecosystem-based fisheries management) 체계를 고도화하기 위한 핵심 과학적 근거로 활용될 것이다.

교신저자 E-mail: phj13579@kangwon.ac.kr

S3-4

Molecular approaches for monitoring and managing invasive and bloom-forming seaweeds along the Korean coast

Hye Jin Park[1], Seo Yeon Byeon[2], and Hyuk Je Lee[PC1]

[1]Molecular Ecology & Evolution Laboratory, Department of Biological Science, Sangji University, Wonju, Korea
[2]Oceanic Climate and Ecology Research Division, National Institute of Fisheries Science, Busan, Korea

Climate change, eutrophication, and escalating anthropogenic pressures are driving shifts in the distribution and occurrence of invasive and harmful seaweeds along the Korean coast. In particular, recurrent green tides caused by massive *Ulva* blooms can expand rapidly and extensively across coastal areas, highlighting the need for an effective monitoring system capable of detecting changes in *Ulva* communities before large-scale blooms develop. Because morphology-based identification often fails to distinguish *Ulva* species, molecular genetic approaches are essential for species-level monitoring and early detection. In this study, we aim to establish an integrated monitoring framework for green-tide-forming *Ulva* species by combining specimen-based molecular identification with seawater environmental DNA (eDNA) metabarcoding. Field surveys initially conducted on Jeju Island and the southern coast were expanded in 2026 to the east coast, including Gyeongpo Lake and the adjacent Gangmun Beach. Species were identified using the chloroplast *tuf* A gene as the primary marker, supplemented by *rbc* L. *Ulva* species composition exhibited distinct regional and spatial patterns: Jeju Island showed site-specific dominance of *Ulva australis* and *Ulva ohnoi*, the southern coast *U. australis*, and the east coast sharp lagoon – open coast contrast, with *U. lacinulata* dominating Gyeongpo Lake and *U. australis* prevailing at Gangmun Beach. To complement traditional specimen-based surveys, seawater eDNA metabarcoding was evaluated for direct detection of *Ulva* from the water column. Comparative assessment of three candidate primer sets [Dsea (18S V9), minirbcL, and tufAM] showed that Dsea consistently retrieved *Ulva*-derived sequences, establishing its suitability for genus-level screening. Dsea-based metabarcoding of seawater samples collected during 2025–2026 is currently underway to assess spatiotemporal dynamics. By integrating molecular species identification, eDNA metabarcoding, and field distribution data, the study develops a comprehensive monitoring framework for the early detection and risk assessment of harmful *Ulva* blooms along the Korean coast.

** This work was supported by the Ministry of Oceans and Fisheries of Korea (Development of Adaptation Strategies for Marine Environments in Response to Subtropicalization: Scenarios, Solutions, and Utilization; RS-2025-02304432).

Corresponding author E-mail: lhjk622@gmail.com, hyukjelee@sangji.ac.kr

S3-5

MPA/OECM 도출을 위한 방법론 개발-생태모델링 기법 적용을 중심으로

구경아[pc], 이슬기

한국환경연구원 국토환경연구본부

본 연구는 기후변화에 따른 해양생물종 서식지 변화를 예측하고, 이를 해양보호구역(MPA) 및 기타 효과적인 지역기반 보전수단(OECM)의 발굴·우선순위 선정에 활용하기 위한 앙상블 종분포모델(SDM) 프레임워크 개발을 목적으로 한다. 보호종, 기후민감종, 해양생태계 지표종, 주요 수산자원종을 포함한 총 94종을 분석 대상종으로 선정하였으며, 국가 해양생물다양성조사 및 정부 데이터베이스로부터 종 출현자료를 수집하여 종합 지리공간 데이터베이스를 구축하였다. 예측 정확도 제고 및 불확실성 저감을 위해 다중 개별모델을 통합하는 앙상블 모델링 기법을 적용하였으며, 수온·염분·해류·해수면 조건 등의 환경변수와 2020년대부터 2100년대까지의 기후변화 시나리오별 미래 예측치를 반영하였다. 종별 선호 수심대 및 계절별 환경 임계값 등 서식지 요건은 전문가 자문 및 생태학적 검토를 통해 설정하였다. 모델 산출물은 잠재서식지, 생물다양성 핫스팟, 생태통로, 기후 피난처를 도출하고, 이는 MPA/OECM 평가체계 내 서식지 기반 및 생태계 서비스 평가를 지원하고 보호·복원·적응관리 우선순위 지역 발굴에 기여한다. 생물다양성 자료와 기후변화 예측을 통합한 본 SDM 프레임워크는 생태계 기반 해양공간계획을 위한 핵심 의사결정 지원도구로서, MPA·OECM 지정의 과학적 근거를 강화하고 생태적 연결성 및 보전가치 평가를 개선하며, 한국의 장기적 해양생물다양성 보전 및 기후적응 전략 수립에 기여할 것으로 기대된다.

교신저자 E-mail: kakoo@kei.re.kr

S3-6

에이전트 기반 모델을 활용한 고등어 난·자치어의 공간분포 분석 및 해양보호구역 선정

강전영[p1,2], 차승민[2], 이슬기[3], 구경아[c3]

[1]경희대학교 지리학과
[2]경희대학교 기후사회과학융합학과
[3]한국환경연구원 국토환경연구본부 자연환경연구실

고등어는 우리나라 연근해의 주요 수산자원 중 하나로, 지속가능한 자원관리를 위해서는 산란에서 초기 성장단계에 이르는 생활사와 해양환경의 상호작용을 공간적으로 이해하는 것이 필요하다. 특히, 고등어의 알과 자치어는 해수온도, 먹이생물의 분포, 해류 등의 다양한 해양환경의 영향을 받으며, 산란 이후의 이동 및 생존과정은 향후 개체군의 유지와 자원량에 영향을 미칠 수 있다. 이에 본 연구는 에이전트 기반 모델(agent-based mode; ABM)을 활용하여 한국 연근해에서 고등어의 산란부터 자치어 단계까지의 공간적 분포와 이동과정에 대해서 시뮬레이션을 실시하고, 이를 기반으로 고등어 초기 생활사를 보호하기 위한 해양보호구역의 선정 가능성을 탐색하는 것이다. 모델에서는 고등어의 주요 산란지역을 초기 발생지로 설정하고, 알과 자치어 군집을 개별 에이전트로 구현하였다. 각 에이전트의 이동과 생존은 해수온도, 플랑크톤의 분포 및 해류의 이동 패턴과 연계하여 구성하였다. 시간의 흐름에 따른 고등어의 난·자치어의 공간적 분포와 주요 이동경로를 분석하였다. 이를 통해 산란 이후 알과 자치어가 지속적으로 집중되거나 높은 생존 가능성을 보이는 지역을 잠재적인 보호지역으로 탐색한다. 또한 보호구역의 위치, 범위 및 어업활동 제한 수준을 다르게 설정한 시나리오를 구축하여, 보호구역 선정 방식에 따른 자치어 생존 개체수와 잠재적 가입량의 변화를 비교한다. 본 연구는 고등어의 산란지역만을 기준으로 보호지역을 설정하는 기존의 정적인 접근에서 벗어나, 산란 이후 초기 생활사의 공간적 이동과 해양환경의 동적인 변화를 동시에 고려한다는 점에서의 의가 있다. 향후 모델의 보정 및 검증과 생활사 단계의 확장을 통해 고등어 자원관리와 해양보호구역의 공간적 의사결정을 지원하는 시뮬레이션 기반 방법론으로 활용될 수 있을 것으로 기대한다.

교신저자 E-mail: kyungah.koo@gmail.com

특별세션 4 (Special Session 4)

국가 종자클러스터_산림종자 거점은행

일 시: 2026년 10월 29일(목) 09:30 – 11:30
장 소: 포럼 1 (3층)

좌장: 정규영/국립경국대학교

09:30 - 09:50	S4-1	**산림종자 유전자원의 장기보전을 위한 시드뱅크 품질관리 및 저장수명 연구** 김현민 (국립백두대간수목원)
09:50 - 10:10	S4-2	**한국의 작물 재래원종 여정: 보전에서부터 아시아 협력까지** 김준혁 (국립백두대간수목원)
10:10 - 10:30	S4-3	**Transcriptome-based insights into the molecular basis of abiotic stress tolerance in crop wild relatives** Taekyeom Kim (Kongju National University)
10:30 - 10:50	S4-4	**산림 내 작물 재래원종 활용지원에 따른 산업화 사례** 이환 ((주)스피어코퍼레이션)
10:50 - 11:10	S4-5	**BioOne!, New wave of Bio R&D** Tae-Eun Jin (Korea Research Institute for Bioscience and Biotechnology)
11:10 - 11:30		**종합 토론**

S4-1

산림종자 유전자원의 장기보전을 위한 시드뱅크 품질관리 및 저장수명 연구

김현민[p], 신운섭, 김건모, 김가은, 문미정, 이형주, 손연화, 나채선[c]

국립백두대간수목원 산림생물자원본부 야생식물종자실

산림종자 유전자원의 장기보전을 위해서는 수집된 종자의 초기 활력을 정확히 평가하고, 저장 중 활력 변화를 지속적으로 모니터링하여 종별 저장특성과 적정 관리주기를 설정하는 것이 중요하다. 특히 야생식물 및 산림종자는 종별 발아·휴면 및 저장특성이 다양하여 작물종자에 비해 장기저장을 위한 기초정보가 부족하다. 국립백두대간수목원 시드뱅크에서는 수집 종자를 대상으로 정선, 건조, 수분함량 및 형태 측정, X-ray 충실률 평가, 발아 및 활력검정 등을 수행하여 종자 품질 및 저장정보를 구축하고 있다. 이를 기반으로 2025년부터 산림종자의 장기보전을 위한 저장수명 연구를 본격적으로 추진하였다. 2025년에는 저장수명 연구대상 종자 17과 26속 34종 43점에 대한 천립중, 충실률 및 형태 등 기초 품질정보를 구축하였으며, 2020년부터 시드뱅크 내 저장된 14과 20속 24종 25점을 대상으로 장기 활력 모니터링 및 정기 발아검정을 수행하였다. 또한 저장 중 종자 활력 저하와 관련된 생리·생화학적 지표를 탐색하기 위해 RNA degradation 6건, DSC 분석 7건, 조지방 및 조단백 분석 각 5건, 등온흡습곡선 분석 5건을 수행하였다. 이러한 결과를 기반으로 2026년에는 장기 활력 모니터링을 누적 53종 94점으로 확대하고, Ellis-Roberts viability equation을 활용하여 저장기간에 따른 활력 변화와 잠재 저장수명을 분석하고 있다. 아울러 인공노화 및 가속노화 처리를 통해 종자의 활력 저하 양상을 평가하고 저장수명 예측모델 구축을 위한 기초자료를 축적하고 있다. 향후 장기 활력 모니터링과 노화처리 결과, 생리·생화학적 지표를 종합하여 산림종자의 종별 저장수명과 적정 재검정 주기를 제시하고, 이를 시드뱅크 품질관리 및 저장관리 체계에 적용함으로써 산림종자 유전자원의 과학적이고 안정적인 장기보전 기반을 구축하고자 한다.

** 본 연구는 산림청(한국임업진흥원) 연구과제(사업번호: RS-2025-02253003)의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: chaesun.na@koagi.or.kr

S4-2

한국의 작물 재래원종 여정: 보전에서부터 아시아 협력까지

김준혁[p], 나채선[c]

국립백두대간수목원 야생식물종자실

작물 재래원종(Crop Wild Relatives, CWR)은 기후변화에 대응하는 작물 육종과 미래 식량자원 확보에 활용할 수 있는 유전자원이다. 본 발표에서는 국립백두대간수목원을 중심으로 추진 중인 한국형 CWR 프로젝트의 1단계(2021～2026년) 주요 성과를 종합하고, 지속가능한 활용과 국제 협력 확대 방향을 제시하고자 한다. 한국 CWR의 체계적 보전 및 활용을 위해, 글로벌 CWR 프로젝트를 밴치마킹하여 인벤토리 구축, 수집, 저장, 특성정보 구축 등 6개의 단계로 프로젝트를 운영하였다. 그 결과, 보전현황을 포함하여 우선순위를 도출할 수 있는 206종 한국 inventory를 구축하였고, 국립경국대학교와 협력하여 218종 1,900점의 국내·외 CWR 종자를 확보하였다. 또한, 안전한 저장을 위한 종자 품질관리 정보를 구축하는 한편, 국립공주대학교와 협력하여 기후적응형 품종 육종 소재 활용을 위한 스트레스 저항성 특성 정보와 ㈜스피어코퍼레이션과 협엽하여 건강기능성식품 또는 화장품에 활용될 수 있는 유용 특성 정보 등 총 7,136건의 정보를 구축하였다. 특히, 국립백두대간수목원은 대국민 종자 공개 플랫폼인 씨앗피디아를 통해 CWR을 포함하는 2,273종의 종자 정보와 소재 분양을 위한 안내를 제공하고 있다. 국제협력은 중앙아시아 4개국과의 종자 수집, 기술교육 등을 기반으로 조지아와 영국왕립식물원 등 유럽 연구기관, FAO, IUCN 등 국제기구로 그 범위를 확대하고 있다. 또한, 올해 발족한 아시아 13개국이 참여한 CWR 워킹그룹을 통해, 국가별 목록 구축과 중복보전, 역량 강화 등을 단계적으로 추진하는 국제사회와 상응하는 협력 모델을 제안한다. 이러한 성과들을 통해, 국립백두대간수목원은 호라이즌 유럽 프로그램과 국제 식용식물 보전 협의체(GCCFP) 등 국제 공동연구 프로그램에 도전 중에 있다. 향후 2단계(2027～2031년)에는 국제 협력과 보전 대상 확대, 난저장성 종자의 초저온 보전기술 개발 및 육종·식품 소재 활용을 추진할 계획이다. 또한, 전통지식을 기반으로 나물, 도토리묵과 같은 야생자원의 이용 경험을 미래 식품자원 탐색과 연결하고자 하며, 자원 발굴, 과학적 평가, 제품 개발, 시민 참여 및 지역 협력의 흐름으로 생물다양성 보전과 식품산업 활용을 함께 추진할 계획이다. 이러한 접근은 CWR의 보전과 활용을 연결하여 농업생물다양성 보전과 미래 식량자원 확보에 기여할 것이라 판단된다.

** 산림 내 작물 재래원종 확보 및 활용 지원 사업(사업번호: RS-2021-KF001796)

교신저자 E-mail: chaesun.na@koagi.or.kr

S4-3

Transcriptome-based insights into the molecular basis of abiotic stress tolerance in crop wild relatives

Taekyeom Kim[p] and Jae Yoon Kim[c]

Department of Plant Resources, College of Industrial Science, Kongju National University, Yesan, Republic of Korea

Abiotic stress limits crop survival and productivity, yet decades of selective breeding have narrowed the genetic diversity of modern crops, restricting the pool of tolerance traits available. Crop wild relatives (CWRs), wild species related to cultivated crops, retain broader diversity and have adapted to diverse stresses, making them a promising source of novel traits. This study conducted transcriptome analysis on CWRs to identify useful genes associated with abiotic stress resistance, examining changes in gene expression under various stress conditions. The resulting gene sets were subjected to analyses including metabolic pathway expression profiling, alternative splicing (AS) prediction, and comparative proteomic analysis. These analyses identified various candidate genes and pathways—including those involving AS regulation and specific metabolic processes—that likely contribute to the abiotic stress response in CWRs. These findings are expected to serve as foundational data for future functional validation studies and the development of materials for breeding stress-tolerant crops.

Corresponding author Email: jaeyoonkim@kongju.ac.kr

S4-4

산림 내 작물 재래원종 활용지원에 따른 산업화 사례

이환[p1], 송나연[1], 최성민[1] ,나채선[2], 정진부[C3]

[1]스피어코퍼레이션
[2]국립백두대간수목원
[3]국립경국대학교

본 연구개발 사업의 배경은 산림종자의 가지 창출과 소재의 자립화, 산림종자의 보전 및 산업화의 필요성에 있습니다. 종자은행은 전 세계 약 1,400여개가 운영되고 있으며, 국내 국립백두대간수목원에서는 우리나라 자생식물의 약 65%인 1500여종의 종자를 보전하고 있고, 더 많은 종을 보전하기 위해 노력하고 있습니다. 산업계에서 식품이나 관상용으로 활용되는 산림 바이오소재의 약 67%가 수입에 의존하고 있고, 국토 복원용 종자의 90% 이상이 수입하여 사용 되고 있어 우리 연구목표인 종자 보전과 정보구축 등의 연구가 중요한지 알 수 있습니다. 이에 본 연구과제에서는 한국의 산림내 작물재래원종 소재인 산돌배와 길경 등을 활용하여 위 소재의 산업화를 위한 기능성식품 및 화장품 소재 개발을 수행하고 있습니다. 산돌배 소재를 활용하여 원료 표준화를 수행하였고, 선모충에서 항노화를, 위건강과 장건강에 대한 In Vivo test를 수행하였고, 길경을 활용하여 호흡기 건강 시험을 통해 기능성을 검증하였습니다.

교신저자 E-mail: jjb0403@anu.ac.kr, hwan.lee@spherecorp.kr

S4-5

BioOne!, New wave of Bio R&D

Tae-Eun Jin[pc]

Korea Bioinformation Center, Korea Research Institute for Bioscience and Biotechnology, DaeJeon 34141, Korea

The rapid growth of biological data has created a paradox: data availability is at an all-time high, yet fragmentation across institutions remains a critical bottleneck for data-driven research. Following the Korean government's 2020 shift from bioresource accumulation to utilization, which reorganized 274 individual banks into 14 specialized bioresource clusters, we developed the Bioresource ONE-stop platform (BioOne, bioone.re.kr), operated by the Korea Bioinformation Center (KOBIC). BioOne links the 14 cluster portals—including the microbial, wildlife, freshwater, and marine clusters—through a standardized linkage protocol and connects each resource record to publications, patents, genes, diseases, and drugs via entity matching, currently integrating over 116 million records including 1.85 million domestic bioresources. Users can start from a strain name, a disease, a gene, or a molecular formula and move to a resource detail page and directly to the cluster bank's request system. A data map visualizes these associations as an interactive network. BioOne-GPT, a retrieval-augmented conversational service grounded in BioOne's own data, summarizes evidence with source tags and explicitly reports what the data do not contain, reducing hallucination. Representative use cases show how BioOne turns a fragmented landscape into an accessible knowledge infrastructure. Building on this, the 2026–2031 roadmap extends BioOne from a search-and-request platform toward an AI-ready, experimentally validated research infrastructure linked to international bioresource networks.

Corresponding author E-mail: tejin@kribb.re.kr

특별세션 5 (Special Session 5)

도시 야생동물과의 공존 강화를 위한 과학적 관리와 정책적 활용

일 시: 2026년 10월 29일(목) 09:30 – 11:30
장 소: 포럼 4 (지하 1층)

PART I 좌장: 이우신/서울대학교
PART II 좌장: 박선재/국립생물자원관

	09:30 - 09:35	**개회 및 내빈 소개**	이승기 (국립생물자원관)
	09:35 - 09:40	**환영사**	유호 관장 (국립생물자원관)
PART I	09:40 - 09:55	S5-1	**도심 출몰 야생멧돼지의 서식지 분석 및 모니터링** 정승규 (국립생물자원관)
	09:55 - 10:10	S5-2	**도심 야생동물 관리를 위한 야생동물 실태조사의 활용 체계 개선** 송영근 (서울대학교)
	10:10 - 10:25	S5-3	**국내 야생조류 갈등 현황과 공존을 위한 관리 방향** 최유성 (국립생물자원관)
	10:25 - 10:40	S5-4	**도시와 야생동물의 공존을 위한 관리체계와 제도적 접근** 이종구 (인천대학교)
	10:40 - 10:55	S5-5	**도시 야생동물과의 안전한 공존: 갈등관리에서 과학적 위험관리로** 이후승 (한국환경연구원)
PART II	10:55 - 11:25	패널토론 및 질의응답	**<패널 위원>** 송영근 (서울대학교) 이종구 (인천대학교) 이후승 (한국환경연구원) 정승규 (국립생물자원관) 최유성 (국립생물자원관) 김경석 (기후에너지환경부)
	11:25 - 11:30		**폐회 및 기념사진 촬영**

S5-1

도심 출몰 야생멧돼지의 서식지 분석 및 모니터링

정승규[p], 김유진, 황인재, 이승기[c]

국립생물자원관 기후환경생물연구과

최근 도심 인접 산림지역에서 야생멧돼지의 출몰이 증가함에 따라, 출몰 가능 지역을 사전에 예측하고 현장 대응을 지원할 수 있는 공간 기반 관리체계가 필요하다. 본 연구는 무인센서카메라, GPS 추적 및 드론 조사자료를 통합하여 도심 출몰 야생멧돼지의 서식지 예측모델을 구축하고, 주요 출몰위험지역을 대상으로 효율적인 모니터링 방안을 제시하는 것을 목적으로 한다. 무인센서카메라를 통해 야생멧돼지의 출현 여부와 활동 특성을 조사하고, GPS 추적자료를 활용하여 개체의 이동경로 및 공간 이용 양상을 분석하였다. 이를 바탕으로 지형, 토지피복, 식생, 산림과 도시 경계, 도로 및 인공시설물과의 거리 등 GIS 기반 환경변수를 구축하였다. 야생멧돼지의 출현·이용자료와 환경변수 간의 관계를 분석하여 서식 및 출몰 가능성이 높은 지역을 예측하고, 이를 출몰위험지도로 제시하였다. 예측된 고위험지역은 드론을 활용하여 정기적으로 모니터링함으로써 야생멧돼지의 실제 출현 여부, 이동 징후 및 도심 접근 가능성을 확인하고자 한다. 본 연구는 현장 관측자료와 공간분석을 연계한 도심 야생멧돼지 관리모형을 제안한다는 점에서 의의가 있으며, 향후 출몰위험지역의 우선 관리, 드론 기반 감시체계 운영, 주민 안전대책 및 예방적 대응계획 수립을 위한 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 기대된다

교신저자 E-mail: metany@korea.kr

S5-2

도심 야생동물 관리를 위한 야생동물 실태조사의 활용 체계 개선

송영근[pc]

서울대학교 환경대학원

도시화와 인간 활동 영역의 확대로 인간과 야생동물의 접촉이 증가하면서 다양한 갈등이 나타나고 있 다. 검토한 국내외 인간-야생동물 갈등 사례에서는 국외의 경우 대형 포유류에 의한 인명·가축 피해, 외 래종에 의한 생태계·농업 피해, 기반시설의 안전 문제 등 다양한 갈등 유형이 나타난 반면, 국내의 경우 도시 민원과 질병 대응 등 생활환경과 밀접한 갈등의 비중이 상대적으로 높았다. 또한 국외 사례에서는 갈등 발생 조건을 파악하고 발생 위험을 사전에 저감하기 위한 장기적·광역적 조사 및 관리체계가 다수 확인된 반면, 국내에서는 현황 파악과 관리 대상지 선정, 피해 발생 이후의 대응에 상대적으로 집중되어 있어 근본적인 갈등 요인의 관리와 관리 효과의 검증에는 한계가 있는 것으로 나타났다. 따라서 현장 민원과 피해에 대한 단기적 대응을 넘어 광역 조사, 이해 관계자의 참여 및 관리 효과 평가를 포함한 통합관리 체계의 강화가 요구된다. 이러한 측면에서 야생동물 실태조사는 전국 단위의 정기적인 야생동 물 모니터링을 통해 야생동물의 분포 및 개체군 변화 추세를 파악하고, 잠재적 갈등 요인과 발생 위험 을 분석하기 위한 기초자료를 제공할 수 있다. 그러나 현행 야생동물 실태조사는 조사방법, 데이터 관 리·저장 및 분석·활용 단계에서 구조적 한계가 있어 축적된 자료의 활용성이 제한되고 있다. 조사방법 측면에서는 조사경로, 조사거리 등 조사노력을 표준화하고 표본설계의 통계적 근거를 보완하는 한편, 조 사인력의 전문성과 안전성을 확보할 수 있는 운영체계가 필요하다. 데이터 관리·저장 측면에서는 입력 및 검증 체계를 구축하고, 원자료와 메타데이터 및 수정·검증 이력을 장기적으로 보존하며, 조사구·방문· 관측자료를 연계할 수 있는 공통 식별체계를 마련할 필요가 있다. 데이터 분석·활용 측면에서는 자료의 특성에 따라 산출지표의 개념과 해석을 명확히 하고, 조사노력과 탐지확률 등 관측과정의 차이가 결과 에 미칠 수 있는 영향을 고려할 필요가 있다. 또한 연도 및 지역 간 비교와 장기적인 변화 추세 분석 시 자료의 비교 가능성과 해석상의 한계를 함께 제시하고, 향후 자료 축적과 기록 항목 정비를 바탕으 로 분석방법을 개선해 나가야 한다. 이러한 조사·관리·분석 체계의 개선을 통해 야생동물 실태조사를 단 순한 현황 파악을 넘어 도심 야생동물 갈등의 예방과 관리 의사결정을 지원하는 국가 단위 모니터링 자 료로 활용할 수 있을 것으로 기대된다.

교신저자 E-mail: songyoung@snu.ac.kr

S5-3

국내 야생조류 갈등 현황과 공존을 위한 관리 방향

최유성[pc], 강지원

국립생물자원관 국가조류연구팀

최근 도시화, 농경지 및 수변환경의 변화, 기후변화 등에 따라 야생조류의 서식 및 분포가 변화하면서 사람과 야생조류의 공간적 중첩이 증가하고 있다. 이에 따라 농작물 피해, 전력 시설 피해, 소음, 배설물, 사람 공격 등 야생조류와 관련된 다양한 갈등이 사회적 현안으로 부각되고 있다. 본 연구에서는 국내 야생조류 갈등의 발생 양상과 주요 원인을 파악하고, 갈등 유형에 따른 효과적인 관리와 공존 방안을 제시하고자 하였다. 이를 위해 2000년부터 2025년까지의 국내 언론보도를 분석하여 조류 관련 사회적 인식과 갈등 이슈의 변화 양상을 파악하였으며, 전국 48개 기초자치단체를 대상으로 까치, 떼까마귀, 큰부리까마귀, 민물가마우지, 백로·왜가리류 및 집비둘기 등 주요 현안 종의 민원 발생 여부와 피해 유형을 조사하였다. 언론보도 분석 결과, 전체 조류 관련 보도는 2000년 619건에서 2025년 1,946건으로 약 3.1배 증가하였으며, 유해야생동물의 피해·관리와 관련된 보도 역시 60건에서 183건으로 약 3.1배 증가하였다. 특히 2023년 이후 갈등 관련 보도가 급격히 증가하는 양상이 나타났다. 주요 현안 종에서는 부정적 어휘의 비중이 28.6%에서 44.5%로 증가하였으며, 종에 따라 갈등의 발생 시기와 원인이 뚜렷하게 달랐다. 지자체 대상 설문조사에서는 집비둘기와 까치가 각각 81.3%와 75.0%의 지자체에서 민원이 발생하여 전국적으로 보편적인 갈등 종으로 나타나지만, 민물가마우지, 큰부리까마귀, 떼까마귀 및 백로·왜가리류는 지역적 특성이 강한 것으로 나타났다. 또한 도시지역에서는 집비둘기, 까치 및 큰부리까마귀와 관련된 생활 환경, 전력 시설 및 사람 공격 등의 갈등이 두드러졌지만, 농산어촌에서는 민물가마우지의 어업 피해와 떼까마귀의 농작물 피해 등 생업과 직접적으로 연관된 갈등이 높게 나타났다. 특히 민물가마우지는 최근 번식 개체군의 증가와 함께 언론상 갈등지수가 크게 상승하였으며, 집단 번식에 따른 어업 피해와 수목고사 등이 주요 갈등 요인으로 확인되었다. 이상의 결과는 국내 야생조류 갈등이 특정 종에 의해 일률적으로 발생하는 문제가 아니라, 종의 생태적 특성, 계절성, 지역의 토지이용 및 사람과 조류의 공간적 접촉면에 따라 서로 다른 형태로 나타나는 현상임을 보여준다. 따라서 갈등관리는 단순한 포획이나 퇴치 중심의 접근에서 벗어나 개체군과 피해 규모에 대한 정량적 근거를 확보하고, 시설 개선, 서식 환경 조절, 사전 예방, 주민 참여 및 교육·홍보 등을 결합한 상황 맞춤형 관리로 전환할 필요가 있다. 궁극적으로 야생조류와 인간의 공존을 위해서는 '유해한 종'을 줄이는 접근보다 사람과 야생조류가 충돌하는 접촉면을 관리하는 통합적 갈등관리 체계의 구축이 필요하다.

** 본 연구는 국립생물자원관 자체연구과제 '야생조류 현안 대응 및 공존을 위한 연구(2차년도)'의 일환으로 수행되었음.

교신저자 E-mail: yschoi0321@korea.kr

S5-4

도시와 야생동물의 공존을 위한 관리체계와 제도적 접근

이종구[pc1], 정승규[2], 이연우[1], 황수경[1], 전수민[1], 서환희[1], 황인재[2], 김유진[2]

[1]인천대학교 생명과학부
[2]국립생물자원관 기후환경생물연구과

도시 확장과 서식지 변화로 멧돼지·너구리·오소리·큰부리까마귀·떼까마귀와 같은 야생동물의 도심 출몰이 잦아지고 있다. 이에 따라 인명 피해와 민원이 증가하면서, 도심에서 야생동물과 공존하기 위한 관리체계와 제도적 기반 마련이 요구되고 있다. 본 발표에서는 국내 도심 야생동물의 출몰·피해 현황과 주요 문제점을 파악하기 위해 도심 출몰 관련 언론 보도를 검토하였다. 이어 서울시·인천시·하남시 관계자 회의를 통해 지자체 현장 실무자로부터 현행 대응체계의 문제점과 보완 사항에 대한 의견을 수렴하였다. 다음으로 해결 방향을 모색하기 위해 일본·대만·미국·캐나다의 대응체계와 포획 개체 처리 사례를 조사하고, 국내 관련 법령과 지침을 검토하였다. 또한, 전문가 세미나, 한국환경연구원(KEI)과의 협의, 중간보고 자문을 통해 국내 적용 가능성과 과제 범위를 점검하였다. 검토 결과, 국내에서는 피해 발생 전후의 포획과 포획 이후 처리·방사에 관한 법적 근거가 명확하지 않고, 현장 판단 기준과 기관 간 역할 분담이 충분히 정립되지 않아 지자체 실무자의 부담이 크며, 시민들이 야생동물의 생태와 대처 요령을 잘 알지 못하는 것으로 나타났다. 또한, 실제 위험 수준이 낮은 상황에서도 시민 불안에 따른 신고가 많아 현장 대응 부담을 가중하고 있었다. 해외에서는 포획·방사 기준을 구체화하고 기관별 역할을 체계화하거나, 포획 권한을 갖춘 전담 인력을 운용하는 사례가 확인되었다. 또한, 시민 교육을 통해 민원을 줄이려는 사례도 있어, 이러한 사례들은 국내 관리체계 마련에 참고할 수 있었다. 이를 바탕으로 현장 대응을 위한 매뉴얼 마련, 하위 법령 정비와 기관 간 역할 분담을 포함한 제도적 보완, 시민과 현장 담당자를 대상으로 한 교육을 공존 관리체계의 세 축으로 제시하고, 구체적인 추진 방향을 논의하고자 한다.

교신저자 E-mail: jklee@inu.ac.kr

S5-5

도시 야생동물과의 안전한 공존: 갈등관리에서 과학적 위험관리로

이후승[pc]

한국환경연구원 자연환경연구실

야생동물 실태조사를 통해 전국 단위의 분포·서식 자료가 축적되는 한편, 서식지 단편화와 도시 확장, 개체군 회복이 맞물리면서 멧돼지, 너구리, 오소리, 큰부리까마귀, 떼까마귀 등 야생동물이 도심에 출몰하는 사례가 늘고 있다. 이에 따라 시민 안전, 농작물 및 시설 피해, 소음·배설물 민원 등 사회적 갈등이 커지고 있으나, 현행 관리체계는 출몰 이후의 포획 등 사후 대응에 치우쳐 있다. 기후변화와 토지이용 변화 속에서 생물상의 증가와 감소가 동시에 진행되고 있음에도, 실태조사 결과가 어떤 종이 어느 지역에서 얼마나 빠르게 늘거나 줄고 있는지라는 동적 변화의 정보로 충분히 해석·활용되지 못하고 있다. 본 발표는 도시 야생동물을 사례로 실태조사 결과의 정책 활용 방안과 제도 개선 방향을 고찰한다. 먼저 국내외 사례와 선행연구를 바탕으로, 사람의 피해 관점에서 나아가 생물의 입장에서 종의 생활사, 식성, 이동·행동권과 연결하여 조사 결과를 해석할 필요성을 짚어본다. 멧돼지는 도시 외곽 산림과 인접한 주거지·하천변의 돌발 출현이, 너구리와 오소리는 녹지 연결망과 인위적 먹이원에 연동한 상시 서식이, 까마귀류는 월동기 집단 도래와 군집 휴식지 형성이 주된 갈등 요인으로 보고되어, 종별로 관리 접근이 달라야 함을 논의한다. 이를 토대로 정책 활용 방향으로서 첫째, 조사 결과에 기반한 종별 개체군 증감 추세 파악과 이상 징후의 조기감지, 둘째, 출몰 위험도에 따른 대응 단계 구분과 표준대응절차(SOP), 셋째, 먹이원 차단과 서식지 관리 중심의 예방 우선 관리를 제시하고, 제도 개선 방향으로서 넷째, 조사자료의 표준화·통합·공유 체계와 도심·근교를 포괄하는 조사 방안, 다섯째, 지자체 담당자 교육과 시민 행동요령 보급을 통한 사회적 수용성 제고를 논의한다. 이를 통해 포획 중심의 개체수 조절에서 생물의 특성과 변화의 방향·속도에 근거한 선제적·공존 중심 관리로 전환하기 위한 관계기관 협력 방안을 함께 모색하고자 한다.

교신저자 E-mail: wslee@kei.re.kr

특별세션 6 (Special Session 6)

대발생 생물 모니터링을 위한 전문인력 양성계획

일 시: 2026년 10월 29일(목) 13:00 – 15:00
장 소: 몬테로소 (지하 1층)

좌장: 박종석/충북대학교

13:00 - 13:20	S6-1	**생활주변 곤충 대발생 현황 및 관리방안 마련** 박선재 (국립생물자원관)
13:20 - 13:40	S6-2	**대발생 곤충발생 현황 및 생태특성** 김동건 (삼육대학교)
13:40 - 14:00	S6-3	**대발생곤충 또는 돌발해충 관리에 있어 한국방역협회의 역할과 위상** 김순일 ((주)한국방역협회)
14:00 - 15:00	패널토론	**<패널위원>** 하민종 (기후에너지환경부) 박선재 (국립생물자원관) 김동건 (삼육대학교) 김순일 ((주)한국방역협회)

S6-1

생활주변 곤충 대발생 현황 및 관리방안 마련

박선재[pc]

국립생물자원관 기후환경생물연구과

최근 우리나라에서는 도심 및 생활주변을 중심으로 특정 곤충의 개체수가 단기간에 급증하는 대발생 현상이 빈번하게 발생하여 사회적 관심과 국민 불편이 증가하고 있다. 국립생물자원관은 곤충 대발생을 체계적으로 대응하기 위해 생활주변에서 대발생하거나 대발생 가능성이 있는 곤충을 대상으로 분류·생태·분포 및 발생 특성 등에 대한 정보를 구축하고 있다. 2021년부터 관련 자료를 지속적으로 축적하여 현재 약 180종의 곤충에 대한 정보를 확보하였다. 주요 대발생 사례로는 붉은등우단털파리(*Plecia longiforceps*)와 동양하루살이(*Ephemera orientalis*) 등을 들 수 있다. 붉은등우단털파리는 2022년 서울 서북부 지역에서 대규모 발생이 확인된 이후 발생지역이 점차 확대되고 있으며, 2025년에는 인천 계양산 정상부에서 높은 밀도의 개체 발생이 관찰되었다. 국내 개체군과 중국·대만·일본 개체군을 대상으로 한 집단유전학적 분석 결과, 국내 개체군은 중국 산둥반도 지역 개체군과 유전적으로 가까운 것으로 나타났다. 또한 성충의 행동 특성과 유충의 생태적 특성을 고려하여 성충을 대상으로 한 광원포획장치 및 유충 단계의 미생물학적 방제 등 개체수 저감을 위한 여러 관리기술을 개발하고 있다. 동양하루살이는 한강 수계를 중심으로 반복적인 대발생이 관찰되고 있으며, 현장조사를 통해 한강 중심 부분에서 높은 밀도가 확인되었다. 이에 따라 강 중앙에 성충을 유인·포획할 수 있는 조명탑재형포집장치 및 수변포집등을 개발하고 현장 적용을 통해 효과 및 가능성을 확인하고 있다. 관련 기술들은 특허 출원·등록 등을 통해 지식재산권을 확보하고 있으며, 효율성과 현장 적용성을 높이기 위한 추가 연구를 수행하고 있다. 본 연구는 곤충 대발생 현황과 생태적 특성을 체계적으로 조사하고, 모니터링 및 생태·유전학적 연구를 기반으로 환경영향을 최소화하면서 생활불편을 저감할 수 있는 환경친화적 관리기술을 개발하는 데 목적이 있다. 향후 곤충 대발생에 대한 과학적 관리체계를 구축하고 국가 차원의 선제적 대응 기반을 마련하는 데 기여하고자 한다.

교신저자 E-mail: sun1763@korea.kr

S6-2

대발생 곤충발생 현황 및 생태특성

김동건[pc]

삼육대학교 교양교육원

최근 기후변화와 도시화에 따른 서식환경의 변화로 특정 곤충류가 단기간에 대량 발생하는 사례가 증가하고 있으며, 이로 인해 시민 불편과 생활환경상의 문제가 지속적으로 제기되고 있다. 특히 동양하루살이(*Ephemera orientalis*)와 붉은등우단털파리(*Plecia longiforceps*)는 특정 시기에 높은 밀도로 출현하여 도심 및 생활권에서 대표적인 대발생 곤충으로 인식되고 있다. 동양하루살이는 하천 및 수변 생태계를 중심으로 서식하며, 우화 시기에 성충이 대량으로 출현하여 야간 조명에 강하게 유인되는 특성을 보인다. 따라서 하천의 수환경과 하상 구조, 수온 등 서식환경 요인과 우화 시기의 기상 조건이 발생 규모에 중요한 영향을 미칠 수 있다. 반면 붉은등우단털파리는 유충시기 토양 내 유기물이 풍부한 환경에서 발달하며, 성충은 6월말에서 7월초까지 일정 기간에 집중적으로 출현한다. 성충의 짧은 활동 기간과 집단적인 비행 및 교미 행동은 특정 지역에서 단기간에 높은 개체밀도를 형성하는 주요 원인이 된다. 이와 같은 대발생 현상은 단순히 개체수 증가만으로 설명하기 어렵고, 각 종의 생활사, 서식처 특성, 기온과 강수량 등의 기상요인, 주변 환경 변화가 복합적으로 작용한 결과로 이해할 필요가 있다. 따라서 효과적인 대발생 곤충 관리를 위해서는 발생 시기와 공간적 분포에 대한 지속적인 모니터링과 함께 종별 생태특성에 기반한 발생 원인 분석이 선행되어야 한다. 본 연구에서는 동양하루살이와 붉은등우단털파리를 중심으로 국내 대발생 곤충의 최근 발생 현황과 주요 생태적 특성을 정리하고, 대발생에 영향을 미치는 환경요인과 발생 양상을 종합적으로 고찰하고자 한다. 이를 통해 향후 대발생 곤충의 발생 예측과 효율적인 예찰 및 관리체계 구축을 위한 기초자료를 제시하고자 한다.

** 본 연구는 기후에너지환경부의 재원으로 국립생물자원관의 지원을 받아 수행하였습니다 (NIBR202610201).

교신저자 E-mail: ecology@syu.ac.kr

S6-3

대발생곤충 또는 돌발해충 관리에 있어 한국방역협회의 역할과 위상

김순일[pc], 박준상, 김성수

(사)한국방역협회 기술연구소

최근 기후변화, 도시화, 교류 확대 및 생태환경 변화로 인해 모기를 비롯한 깔따구·하루살이·나방·노린재 등 곤충의 국지적 대발생과 외래·돌발해충의 출현 가능성이 증가하고 있다. 이러한 현상은 단순한 생활 불편을 넘어 위생환경 악화, 농림업 피해, 시민 불안 및 민원 증가, 일부 곤충매개 감염병의 위험 증가 등 복합적인 사회문제로 연결될 수 있다. 특히 대발생곤충은 발생 시기와 공간적 범위가 예측하기 어렵고 단기간에 높은 밀도로 증가하기 때문에 기존의 정기적·관행적 방제만으로는 신속하고 효율적인 대응에 한계가 있다. 따라서 대발생곤충 및 돌발해충 문제에 대응하기 위해 한국방역협회가 갖추고 있는 전문 인력과 기술, 전국적인 네트워크 및 교육·훈련 등 구축된 체계를 활용할 필요가 있다. 협회는 사스(SARS), 메르스(MERS), 코로나19(COVID-19) 등 국가 감염병 재난 위기 때마다 최일선에서 방역 및 소독 활동을 실행한 실무 대응 경험과 역량이 풍부한 조직이다. 단순한 방역소독업계의 대표기관을 넘어, 곤충 대발생 감시, 현장관리, 방제의사결정 및 방제실행, 효과판정 등으로 이어지는 대발생해충 관리에 있어 전문기관의 수요맞춤형 데이터를 수집하고 확보할 능력을 갖고 있다. 이러한 역량 활용을 위해 협회는 권역별 지회, 회원사 및 전문방역인력들을 활용한 신속대응 체계를 구축하고, 발생 정보를 GIS 및 디지털 플랫폼과 연계하여 지역별 곤충 발생지도를 체계화하며, 필요시 관계기관과 공동으로 현장조사 및 긴급방제를 수행할 수 있다. 또한 대발생곤충 발생 시 무조건적인 화학적 방제에 의존하기 보다는 발생원 관리, 물리적·생물적 방제, 환경관리 및 선택적인 화학적 방제를 결합한 종합적해충관리(Integrated Pest Management) 원칙을 적용하여 방제 효율성과 환경·안전성을 동시에 확보하는 데 중추적 역할을 할 수 있다. 질병관리청이 감염병 매개체 관리에서 근거중심 방제와 종합방제의 확대를 추진하고 있는 점도 이러한 방향과 부합한다. 따라서 한국방역협회는 정부와 지자체의 방역정책을 지원하는 현장 전문기관이자 민관 협력의 허브로서 대발생곤충 및 돌발해충에 대한 전국 단위의 표준화된 감시·방제체계를 구축하고 현장 대응 전문성을 제고하는 중심에 있다고 하겠다. 향후 한국방역협회를 중심으로 한 국가 대발생곤충·돌발해충 민간전문 모니터링 사업단 또는 대응체계 구축은 급변하는 기후·환경조건에서 국민 생활환경의 안전성을 확보하고 과학적·근거중심 방역으로 전환하는 데 기여할 것으로 판단한다.

교신저자 E-mail: weed90@hanmail.net

특별세션 7 (Special Session 7)

변화하는 극지환경과 생태계 반응: 남극 생물다양성 베이스라인 구축과 활용

일 시: 2026년 10월 29일(목) 13:00 – 15:00
장 소: 포럼 1 (3층)

좌장: 조성미/극지연구소

13:00 - 13:15	S7-1	**남극 장기 생태계 연구의 현 주소** 김상희 (극지연구소)
13:15 - 13:30	S7-2	**남극 과학기지 운영에 따른 국지적 환경 변화와 생태계 반응** 강승현 (극지연구소)
13:30 - 13:50	S7-3	**Spatial characteristics of benthic assemblages in Terra Nova Bay using drop-camera imagery** Young Wook Ko (Korea Polar Research Institute)
13:50 - 14:10	S7-4	**DNA-based exploration of antarctic biodiversity: From the development of a reference DNA barcode database to environmental DNA analysis** Euna Jo (Korea Polar Research Institute)
14:10 - 14:30	S7-5	**Taxonomic studies of Antarctic *Chlorella*-like microalgae: an integrative approach using morphology and molecular data** Hyunsik Chae (Korea Polar Research Institute)
14:30 - 14:50	S7-6	**Thermal acclimation and physiological plasticity of the Antarctic snow alga *Chloromonas bartonica* sp. nov. (Chlorophyceae)** Nam-Ju Lee (Korea Polar Research Institute)
14:50 - 15:00		**종합 토론**

S7-1

남극 장기 생태계 연구의 현 주소

김상희[pc], 강승현, 김종희, 고영욱, 이남주, 소정하, 조성미, 조은아, 채현식

극지연구소

온난화로 인한 극지 빙권 축소와 빙하후퇴는 서식환경을 파괴해 얼음 의존성 극지 생물의 멸종과 생태계 구성과 기능을 바꾸고 있다. 2100년까지 해양생물 종 중 84%가 높은 멸종위험을 겪게 되고, 2.7%는 심각한 멸종위험을 겪을 것이며 열대와 극지방일수록 멸종위험이 클 것으로 예측하고 있으나 남극은 험난한 지형과 기후로 생물다양성 기초 자료가 매우 부족하며 연속적인 생태 장기 관측 자료가 부재하다. 본 연구팀은 지난 6년간 남극 얼음 환경변화를 추적하고 먹이망 핵심 생물들의 구성, 군집, 서식지 환경정보를 연속적으로 기록하고 이해하는 연구를 수행하였다. 세부 주제는 첫째, 캠벨빙하와 장보고만 해빙을 테스트베드로 구축하여 남극 전체에서 발생 중인 급격한 Ice loss가 연안생태계 교란, 생물소실/멸종과 이동/복원 과정을 기록하고 이해, 둘째, 급격한 해빙과 캠벨빙하 소실, 담수 유입, 물질순환 등 서식지 환경변화에 따른 먹이망 핵심종들의 변화와 손실, 섭식 방식, 행동 방식 등의 통합적 생물센서스 구축이다. 현재까지 확보한 연구 결과들을 공유하고 앞으로 급격한 빙권 축소와 해빙감소가 미치는 남극 생물다양성과 장기 생태계 영향과 연구 방향에 대한 논의의 장을 갖고자 한다.

교신저자 E-mail: sangheekim@kopri.re.kr

S7-2

남극 과학기지 운영에 따른 국지적 환경 변화와 생태계 반응

강승현[pc]

극지연구소 생명과학연구본부

남극 과학기지 운영에 따른 환경영향의 평가와 모니터링은 남극조약의 환경보호에 관한 의정서(Protocol on Environmental Protection to the Antarctic Treaty)와 국내 「남극활동 및 환경보호에 관한 법률」에 근거하여 이루어지고 있다. 남극 과학기지의 운영과 연구활동은 기지 주변에 지속적인 인위적 영향을 유발할 수 있어, 오염요인과 주변 생물의 변화에 대한 장기적인 관찰과 관리가 필수적이다. 본 연구는 세종과학기지와 장보고과학기지를 대상으로 기지 운영과 관련된 오염요인과 주변 생물의 변화를 관찰하고, 그 결과를 기지 운영 개선과 남극 환경관리에 활용하는 것을 목적으로 한다. 주요 모니터링 항목은 방류수, 대기오염물질, 유류, 미세플라스틱 등 기지 유래 오염요인과 관련 환경지표이며, 이와 함께 기지 영향권 내 생물 변화, 기지 유입 외래종의 재발생 추적 및 신규 외래종 유입 여부, 고병원성 조류인플루엔자를 비롯한 병원체 유입 여부를 조사하고 있다. 현장 모니터링 결과는 기지 환경점검 및 운영 부서와의 피드백을 통해 오염원 관리와 환경영향 저감에 활용하고 있으며, 그 결과를 남극조약협의당사국회의(Antarctic Treaty Consultative Meeting, ATCM) 및 환경보호위원회(Committee for Environmental Protection, CEP), 국가남극프로그램운영자위원회(Council of Managers of National Antarctic Programs, COMNAP), 남극연구과학위원회(Scientific Committee on Antarctic Research, SCAR) 등 관련 국제회의 및 기구에 공유하여 남극 환경관리 논의에 반영하고 있다. 또한 축적된 장기 관측자료를 바탕으로 기지 운영과 주변 환경 변화의 관계를 파악하고, 남극 환경관리 및 기지 운영 개선을 위한 기초자료를 확보하고자 한다. 본 발표에서는 현재 수행 중인 모니터링 체계와 주요 연구 내용을 중심으로 남극 과학기지 운영에 따른 국지적 환경 변화와 주변 생물의 반응을 소개하고자 한다.

교신저자 E-mail: s.kang@kopri.re.kr

S7-3

Spatial characteristics of benthic assemblages in Terra Nova Bay using drop-camera imagery

Young Wook Ko[p], Han-Gu Choi, and Sanghee Kim[c]

Division of Life Sciences, Korea Polar Research Institute, Incheon 21990, Korea

The fine-scale spatial distribution of benthic assemblages in Terra Nova Bay remains poorly understood. We investigated benthic assemblage structure at 123 stations near Jang Bogo Station using drop-camera imagery. Benthic taxa were quantified by percentage cover or abundance, together with water depth and seven seabed substrate categories. Square-root-transformed biological data were analyzed using CLUSTER–SIMPROF and non-metric multidimensional scaling based on Bray–Curtis similarities. SIMPER and indicator value analyses were used to characterize the resulting assemblage groups. SIMPROF identified 10 statistically distinct groups, of which eight principal groups were ecologically interpreted. These assemblages were characterized by the Antarctic scallop *Adamussium colbecki*, benthic diatoms, crustose coralline algae and asteroids, sponges and octocorals, or other echinoderms. Indicator value analysis identified 13 taxa significantly associated with particular assemblage groups. Although several *A. colbecki*-centered groups were distinguishable, their species compositions showed some continuity. These results demonstrate substantial spatial variation in benthic assemblage composition within a restricted coastal area of Terra Nova Bay. This variation may reflect differences in water depth, seabed substrate, and other local environmental or biological factors. The findings provide baseline information for assessing future ecological changes in Antarctic coastal benthic communities.

Corresponding author E-mail: sangheekim@kopri.re.kr

S7-4

DNA-based exploration of antarctic biodiversity: From the development of a reference DNA barcode database to environmental DNA analysis

Euna Jo[p], Sung Mi Cho, Young Wook Ko, Sanghee Kim, and Seunghyun Kang[c]

Division of Life Sciences, Korea Polar Research Institute, Incheon 21990, South Korea

Antarctica harbors unique biological communities that have evolved under prolonged geographic isolation and harsh low-temperature conditions, resulting in particularly high levels of endemism. However, Antarctic biodiversity remains insufficiently characterized, and recent climate change, together with increasing research and tourism activities, has made it increasingly challenging to assess changes in biological communities. Conventional morphology-based identification is time-consuming and requires specialized taxonomic expertise, while morphologically cryptic or difficult-to-identify taxa can easily be overlooked. Environmental DNA (eDNA) analysis has therefore emerged as a useful alternative approach, enabling the simultaneous detection of a broad range of organisms from relatively small amounts of environmental samples. Nevertheless, the application of DNA-based biodiversity assessment in Antarctica is still constrained by the limited availability of reference sequences in international public databases, largely due to difficulties in accessing and sampling Antarctic organisms. In addition, the taxonomic frameworks of some groups remain unresolved, further emphasizing the need to establish reliable reference DNA barcode databases. In this presentation, we introduce our ongoing efforts to build a reference DNA barcode database for Antarctic biodiversity surveys and present case studies of eDNA metabarcoding conducted in Antarctic freshwater and coastal marine ecosystems. These DNA-based approaches can complement the limitations of morphology-based identification and are expected to contribute to the systematic inventory of Antarctic biodiversity, early detection of non-native species, and the establishment of long-term biodiversity monitoring frameworks.

Corresponding author E-mail: s.kang@kopri.re.kr

S7-5

Taxonomic studies of Antarctic *Chlorella*-like microalgae: an integrative approach using morphology and molecular data

Hyunsik Chae[p], Sanghee Kim, and Ji Hee Kim[c]

Division of Life Sciences, Korea Polar Research Institute, Incheon 21990, Korea

In Antarctic terrestrial environments, diverse *Chlorella*-like microalgae exhibit simple spherical or ellipsoidal cell shapes. Their diversity is difficult to assess from morphology alone because morphological traits can be phenotypically plastic, while phylogenetically distinct taxa can appear highly similar. We investigated cultured Antarctic *Chlorella*-like green algae using morphological observations, nuclear SSU and ITS rDNA phylogenies, and SSU and ITS2 secondary structure analyses. The combined analyses placed the examined strains in four genera: *Micractinium*, *Chlorella*, *Carolibrandtia*, and *Chloroidium*. The three *Micractinium* species recognized were *M. simplicissimum*, *M. singularis*, and *M. variabile*. *Chlorella terrestris* was described as a new species, while *Chlorella antarctica* was reassigned to *Carolibrandtia antarctica*. A photobiont isolated from the Antarctic lichen *Psoroma antarcticum* was described as the new species *Chloroidium psoromicola*. These studies show that morphologically similar Antarctic microalgae represent diverse lineages and species. An integrative approach combining morphology and molecular data is important for understanding hidden microalgal diversity.

Corresponding author E-mail: jhalgae@kopri.re.kr

S7-6

Thermal acclimation and physiological plasticity of the Antarctic snow alga *Chloromonas bartonica* sp. nov. (Chlorophyceae)

Nam-Ju Lee[p1], Lenka Procházková[2], Jong Hee Kim[1], Jeongha So[1,3], Sanghee Kim[1], Jungeun Lee[1], and Sung Mi Cho[c1,4]

[1]Division of Life Sciences, Korea Polar Research Institute, Incheon 21990, Republic of Korea
[2]Department of Ecology, Faculty of Science, Charles University, Viničná 7, 128 44 Prague 2, Czech Republic
[3]Department of Convergent Biotechnology and Advanced Materials Science, Kyung Hee University, Yongin 17104, Republic of Korea
[4]Department of Polar Sciences, University of Science and Technology, Incheon 21990, Republic of Korea

Snow-inhabiting green algae of the genus *Chloromonas* are one of the major groups of primary producers in cryospheric ecosystems, yet the relationships among phylogenetic diversification, habitat specialization, and physiological adaptation remain incompletely understood. Accordingly, we characterized the taxonomic identity and temperature-dependent physiological responses of *Chloromonas* isolates from brown snow and snow-covered lichen (*Cladonia borealis*) on Barton Peninsula, Antarctica. Phylogenetic analyses of concatenated nuclear 18S rDNA and chloroplast *rbc*L sequences resolved the isolates as a distinct lineage within Clade 1, and morphological observations, particularly the absence of an anterior papilla and variable eyespot position, further distinguished them from related species, supporting their description as a new species, *Chloromonas bartonica* sp. nov. *C. bartonica* showed similar growth rates at 2 and 12 °C but significantly reduced growth at 22 °C, accompanied by reduced photosynthetic performance at 22 °C, whereas photosynthetic efficiency was lowest at 2 °C. Motile flagellated cells were observed at 2 °C, whereas non-motile multicellular clusters occurred at 22 °C, where the proportions of SFA and MUFA also increased. Overall, these responses indicate that *C. bartonica* is both eurythermal and psychrotolerant, with marked physiological and morphological responses to temperature. These findings establish *C. bartonica* as a distinct Clade 1 species and show its physiological plasticity in response to temperature.

Corresponding author E-mail: smcho@kopri.re.kr

특별세션 8 (Special Session 8)

변화하는 환경, 변화하는 생물: 생물다양성과 생태적 상호작용

일 시: 2026년 10월 30일(금) 09:00 – 11:00
장 소: 몬테로소 (지하 1층)

좌장: 위준/충남대학교

09:00 - 09:20	S8-1	**Not a simple increase: Eco-friendly and conventional farmland harbor complementary insect assemblages** Ji-Won Kang (National Institute of Agricultural Sciences)
09:20 - 09:40	S8-2	**Development of a plant diversity vulnerability assessment tool for climate change adaptation** Yong Ho Lee (Hankyong National University)
09:40 - 10:00	S8-3	**A mechanistic approach to forecasting *Haemaphysalis longicornis* phenology incorporating overwintering ecology** Jaejun Song (Korea University)
10:00 - 10:20		**Coffee Break**
10:20 - 10:40	S8-4	**Symbiosis-mediated effects on predator—prey interactions of the host insect *Riptortus pedestris* (Hemiptera: Alydidae)** Joo-Young Kim (Gachon University)
10:40 - 11:00	S8-5	**Divergent expression of *hsp83*, *hsp70*, and *hsp27* in the springtail *Allonychiurus kimi* under starvation and thermal stress** Han Soo Kim (Pusan National University)

S8-1

Not a simple increase: Eco-friendly and conventional farmland harbor complementary insect assemblages

Ji-Won Kang[p1], Min-Jae Kong[1], and Jong-Seok Park[c2]

[1]National Institute of Agricultural Sciences, Regenerative Organic Agriculture Division
[2]Chungbuk National University, Department of Biological Sciences and Biotechnology

Eco-friendly certification in Korea restricts synthetic agrochemical inputs, but its biodiversity effects remain poorly quantified. We asked whether certification is associated with higher insect diversity, and whether any gain is uniform across taxa or taxon-selective. We compared 109 matched pairs of eco-friendly and conventional fields across six provinces and four land-use types, recording 78,391 individuals and 1,432 species in four orders. Eco-friendly fields had 18.65% higher species richness and 19.95% more catches. Gains were taxon-selective: Coleoptera, Hemiptera, and Hymenoptera increased by 26-35%, whereas Diptera did not. In PERMANOVA, province and land-use type explained 12.51% and 12.04% of compositional variance, compared with 0.34% for management. Within matched pairs, species turnover accounted for 86.1% of Sorensen dissimilarity, and 447 species were exclusive to eco-friendly fields, 291 to conventional fields, and 694 were shared. Differences between paired fields were therefore compositional rather than a simple accumulation, so evaluation of certification should extend beyond richness and catches to taxon-specific responses and community composition.

** This study was supported by Rural Development Administration of the Republic of Korea (Project No.: RS-2026-25518774).

Corresponding author E-mail: jpark16@cbnu.ac.kr

S8-2

Development of a plant diversity vulnerability assessment tool for climate change adaptation

Yong Ho Lee[pc1], Young Ju Oh[2], Sun Hee Hong[3], and Min Seock Do[4]

[1]Humanities and Ecological Convergence Resilience Laboratory, Hankyong National University
[2]Future Environmental Ecology Institute
[3]Department of Plant Resources and Landscape Architecture, Hankyong National University
[4]National Institute of Biological Resources

Climate change is reshaping plant phenology and species distributions, yet tools for assessing biodiversity vulnerability at the national scale remain limited. This study aimed to develop an integrated assessment framework and software tool to evaluate plant diversity vulnerability in South Korea. Using climate indices and species distribution models under Shared Socioeconomic Pathway scenarios (e.g., SSP2-4.5 and SSP5-8.5), we projected habitat gains, losses, and shifts for native flora. Through structured expert surveys using the Analytic Hierarchy Process (AHP), we established indicators and weights for exposure, sensitivity, and adaptive capacity across three key categories: distribution shifts, invasive alien plant expansion, and decline of nationally protected species. The assessment indicates that vulnerability to species distribution shifts, currently concentrated in the Jirisan region and northeastern Gangwon Province, is projected to expand toward Jeju Island and southwestern Jeollanam-do under future conditions. Vulnerability to invasive alien plants, currently elevated in southern regions and Gangwon Province, is expected to spread toward the Jeolla region and the Baekdudaegan Mountain Range. Meanwhile, vulnerability associated with the decline of protected species, currently widespread across most of the nation except Gyeonggi Province, intensifies markedly in Jeollanam-do and Gangwon Province. The accompanying software enables researchers and practitioners to readily perform these evaluations, directly supporting targeted regional climate adaptation planning.

Corresponding author E-mail: yonghoyongho@hanmail.net

S8-3

A mechanistic approach to forecasting *Haemaphysalis longicornis* phenology incorporating overwintering ecology

Jaejun Song[p1], Jinsol Hong[1], Yongeun Kim[1] and Kijong Cho[c2]

[1]OJEong Resilience Institute, Korea University, Seoul 02841, Korea
[2]Division of Environmental Science and Ecological Engineering, Korea University, Seoul 02841, Korea

Forecasting the seasonal occurrence of host-seeking *Haemaphysalis longicornis* is important for understanding its ecology and assessing epidemiological risks. However, models for this species often neglect biological processes such as diapause. We developed a mechanistic model using a multiple cohort approach that integrates environmental effects and individual variation in diapause, host-seeking, and development. We simplified the life cycle into several phases and implemented transition between them using module matrices. Simulation outputs from nymphal and adult overwintering pathways were then combined. CO_2 trap monitoring data from 16 locations in Korea (2018–2024) were used to calibrate and validate the model. The model reproduced spring and autumn nymphal peaks, as well the asymmetric seasonal distribution of adult females (Lin's CCC: 0.94 and 0.96, respectively). Simulations suggested that some individuals may overwinter twice, first as nymphs and then as adults. Under projected future climate conditions (SSP2-4.5 and SSP5-8.5, 2040s and 2060s), the model predicted an increased relative contribution of late-season nymphs and greater temporal overlap among developmental stages. These findings highlight the role of environmental conditions and overwintering ecology in shaping the seasonal activity of *H. longicornis*, with potential implications for pathogen transmission.

** This work was supported by the National Research Foundation of Korea grant funded by the Ministry of Science and ICT (RS-2022-NR069692), and also supported by a grant from the Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA).

Corresponding author E-mail: kjcho@korea.ac.kr

S8-4

Symbiosis-mediated effects on predator—prey interactions of the host insect *Riptortus pedestris* (Hemiptera: Alydidae)

Joo-Young Kim[p], Jung-Wook Kho, and Doo-Hyung Lee[c]

Department of Life Sciences, Gachon University, South Korea

Emerging evidence indicates that symbiotic microbes can influence diverse aspects of insect behavior. In *Riptortus pedestris* (Hemiptera: Alydidae), the gut symbiont *Caballeronia insecticola* induces sustained feeding followed by reduced locomotor activity. Such symbiont-mediated changes in foraging behavior may have contrasting consequences for predation risk: reduced wandering may decrease predator encounters, whereas sustained feeding may diminish responsiveness to approaching predators. Therefore, this study examined how these behavioral changes influence predator–prey interactions by evaluating behavioral responses to approaching predators and vulnerability to predation in *R. pedestris*. First, we compared the responses of individual aposymbiotic and symbiotic *R. pedestris* nymphs during encounters with the generalist predator *Tenodera sinensis* (Mantodea: Mantidae) while the nymphs were feeding. In addition, we assessed cumulative predation mortality of aposymbiotic and symbiotic groups of *R. pedestris* nymphs by *T. sinensis* in an arena designed to mimic field conditions over five days. These findings contribute to a better understanding of the ecological consequences of host–symbiont associations within tritrophic interactions.

Corresponding author E-mail: dl343@gachon.ac.kr

S8-5

Divergent expression of *hsp83*, *hsp70*, and *hsp27* in the springtail *Allonychiurus kimi* under starvation and thermal stress

Han Soo Kim[p1], Jeongwon Choi[1], Hyun-Gi Min[1,2], and Yun-Sik Lee[c1,2]

[1]Department of Biology Education, Pusan National University
[2]Institute for Future Earth, Pusan National University

Soil temperature and food availability are changing together, and distinguishing these stressors requires knowing the response to each in isolation. Springtails are mesofauna grazing on decomposer microbes; *Allonychiurus kimi*, native to Korean soils and laboratory-cultured, is amenable to controlled experiments, but no reference transcriptome existed. We therefore assembled a de novo transcriptome and screened it without a priori selection, comparing animals starved for one week at 20°C with fed controls. Among differentially expressed genes (≥2-fold change, $p < 0.05$) we selected heat shock protein transcripts, long used as stress biomarkers. Family members are known to respond differentially among stressors, but nutritional and thermal stress have rarely been compared in Collembola. *hsp83*, *hsp70* and *hsp27*, spanning the HSP90, HSP70 and small HSP families, were quantified by qPCR with β-actin as reference, in three biological replicates of 50 pooled individuals. In an independent trial, starvation increased *hsp83* and *hsp70* but decreased *hsp27* in the same individuals; two weeks at 25 or 30°C, against the 20°C rearing control, increased all three, the interval of steepest induction differing among them. The HSP family thus does not respond as a single unit, and the direction of *hsp27* regulation differed between the two stressors, making it a candidate marker of the stressor involved.

Corresponding author E-mail: yunsiklee@pusan.ac.kr

특별세션 9 (Special Session 9)

솔안장학회

일 시: 2026년 10월 30일(금) 09:00 – 11:00
장 소: 포럼 4 (지하 1층)

좌장: 김동건/삼육대학교

09:00 - 09:10		**환영인사 및 단체사진촬영**
09:10 - 09:30	S9-1	**식물신품종보호와 종자 공급체계에서 바라본 농업생물다양성** 최락중 (국립종자원)
09:30 - 09:50	S9-2	**경주시 문화유산의 생물피해 방제 사례** 백학명 (경주시청)
09:50 - 10:10	S9-3	**국립낙동강생물자원관 담수생물표본 보전 및 활용** 김지수 (국립낙동강생물자원관)
10:10 - 10:30	S9-4	**수서곤충 샘플병 속 가장 흔하지만 가장 알 수 없던 생물, 깔따구: 분류에서 수생태 연구로** 강효정 (삼육대학교)
10:30 - 11:00		**2026년도 수상자 소감 및 친교**

S9-1

식물신품종보호와 종자 공급체계에서 바라본 농업생물다양성

최락중[pc]

국립종자원 품종보호과

생물다양성은 자연생태계의 종 다양성뿐만 아니라 농업생태계에서 이용되는 생물자원의 다양성과 유전적 다양성을 포함한다. 농업에서 이용되는 다양한 품종은 이러한 농업 유전적 다양성을 구성하는 중요한 요소이며, 품종의 육성 및 보호와 종자의 생산·공급은 다양한 유전적 자원이 실제 농업 현장에서 이용되는 과정과 연결되어 있다. 국립종자원은 식물신품종의 출원 및 심사·등록을 통한 품종보호와 정부 보급종의 생산·공급 등 종자 관련 업무를 수행하며, 품종의 특성을 확인하고 관리하는 한편 종자가 농업 현장에 공급되는 과정에 관여하고 있다. 본 발표에서는 농업생물다양성의 관점에서 품종이 개발된 이후 품종보호를 거쳐 종자로 생산·공급되고, 농업인의 선택을 통해 실제 재배로 이어지는 과정을 살펴보고자 한다. 특히 품종보호 등록된 품종의 수와 실제 농업 현장에서 이용되는 품종의 다양성은 동일한 개념이 아니라는 점에 주목하여, 종자 공급과 농업인의 품종 선택, 재배 여건 및 이용 특성 등이 농업 유전적 다양성과 어떠한 관계를 갖는지 고찰하고자 한다. 이를 통해 품종보호와 종자 공급이라는 업무를 농업생물다양성을 이해하는 하나의 관점에서 바라보고, 농업생태계의 다양성과 지속가능성을 위해 품종의 관리와 이용을 어떻게 연결하여 볼 수 있는지 살펴보고자 한다.

교신저자 E-mail: clj1216@korea.kr

S9-2

경주시 문화유산의 생물피해 방제 사례

백학명[pc]

경주시청 문화유산과

경주시는 국가지정 목조건축물 26개소와 도지정 목조건축물 35개소 등 총 61개소의 지정 목조건축물과 78개소의 사적을 보유하고 있다. 목재를 주요 구조재로 사용하는 전통 목조건축물은 흰개미 등 생물에 의한 피해에 노출되어 있으며, 넓은 면적에 다양한 수목이 분포하는 사적지에서는 소나무재선충병 등 산림병해충에 의한 피해가 문화유산의 보존환경과 경관에 영향을 미칠 수 있다. 이러한 생물피해로부터 문화유산을 보호하기 위하여 국고보조사업 등을 통해 목조건축물의 흰개미 방제와 사적지 내 소나무재선충병 방제사업을 지속적으로 시행하고 있다. 목조건축물의 경우 흰개미 피해 및 활동 여부를 조사하고, 대상 문화유산의 여건에 따라 토양처리와 군체제거시스템 설치 및 모니터링을 실시하고 있다. 경주 양동마을 송첨종택에서는 건축물 주변에 군체제거시스템을 설치하여 주기적으로 모니터링하고 토양처리를 병행하였으며, 경주 최부자댁에서는 고방채·사랑채·별당채를 대상으로 총 76개소의 군체제거시스템 설치와 토양처리를 시행하였다. 사적지에서는 소나무재선충병의 확산을 방지하고 문화유산 주변의 역사·문화경관을 보존하기 위하여 예방나무주사와 감염목 및 고사목 제거 등의 방제사업을 시행하고 있으며, 수목의 생육상태와 경관, 탐방객의 안전 등을 고려한 수목정비를 병행하고 있다. 이와 같은 사례를 통해 경주시 문화유산을 대상으로 시행하고 있는 주요 생물피해 방제사업과 관리 현황을 소개하고자 한다.

교신저자 E-mail: 101myeong@korea.kr

S9-3

국립낙동강생물자원관 담수생물표본 보전 및 활용

김지수[p], 서경인[c]

국립낙동강생물자원관 생물표본보전부

국립낙동강생물자원관은 2015년 설립된 국내 유일의 담수생물 전문 연구기관으로, 담수생물다양성의 발굴·보전과 지속 가능한 활용을 위한 연구를 수행하고 있다. 본 기관은 총 2,000㎡ 규모의 생물표본수장고 7개소를 운영하고 있으며, 최대 600만 점의 수장 용량을 갖추고 현재 약 69만 점의 담수생물표본을 체계적으로 보존·관리하고 있다. 이 중에는 멸종위기야생생물 표본 1,200여 점과 기준표본 700여 점이 포함되어 있어, 국가 생물자원 주권 강화와 생물다양성 연구 기반 구축에 기여하고 있다. 또한 표본의 활용성과 접근성을 높이기 위해 고해상도 2D 이미지와 3D 데이터를 생산하고 있으며, 현재까지 약 1,700종의 디지털이미지 1만여 점을 생산하였다. 아울러 수장고 공개·해설, 표본 열람·대출, 디지털이미지 대국민 공개, 온라인 도감 등을 통해 보유 생물표본을 연구·교육·전시 분야에 폭넓게 활용하고 있다. 현재 진행 중인 AI 기반 담수생물 자동 종 동정 모델 개발을 추진함으로써 담수생물다양성 보전과 생물표본 활용의 고도화에 기여하고자 한다.

교신저자 E-mail: kisuh17@nnibr.re.kr

S9-4

수서곤충 샘플병 속 가장 흔하지만 가장 알 수 없던 생물, 깔따구: 분류에서 수생태 연구로

강효정[p1], 김동건[1], 배연재[c2]

[1]삼육대학교 환경생태연구소
[2]고려대학교 환경생태공학과

깔따구과(Chironomidae)는 담수생태계에서 높은 종다양성과 풍부한 개체수를 나타내며, 다양한 수환경에 서식하는 대표적인 수서곤충으로 조사에서 흔하게 채집됨에도 불구하고, 높은 종다양성과 형태적 유사성으로 인해 생태학적 연구에 한계가 많았다. 본 발표에서는 깔따구류의 분류학적 연구에서 시작하여 성충과 유충의 종 조성과 분포에 관한 연구를 거쳐, 다양한 환경생물을 대상으로 연구 범위를 확장해 온 과정을 소개하고자 한다. 초기 연구에서는 깃깔따구아과(Orthocladiinae)를 중심으로 성충의 주요 분류형질을 이용해 종을 동정하고 분류학적 정보를 구축하였다. 이후 4대강을 원수로 사용하는 정수장에서 깔따구 유충이 지속적으로 발생하여 유충의 종 동정에 대한 필요성이 대두되었지만 형태적 특징이 제한적이고 분자동정 역시 은폐종(cryptic species)과 신뢰할 수 있는 참조서열(reference sequence)의 부족으로 오동정의 가능성이 높았다. 이를 보완하기 위해 성충의 형태와 분자 분석을 통해 참조 정보를 구축하고, 유충 분자분석과 비교하는 reverse taxonomy 방법을 이용해 국내 4대강 수계에 서식하는 깔따구 성충과 유충 종 조성과 분포를 파악하고, 형태 및 분자 정보를 연계함으로써 깔따구를 이용한 수생태 연구의 기초자료를 구축하였다. 현재는 깔따구류의 분류 및 생태 연구를 통해 축적한 경험을 바탕으로 연구 대상을 다양한 환경생물로 확대하고 있다. 특히 환경DNA(environmental DNA, eDNA)와 종 특이적 분자마커를 활용하여 동양하루살이와 같은 대발생 수서곤충, 모기류와 같은 감염병 매개곤충, 그리고 외래생물을 대상으로 출현 여부와 분포를 탐지·모니터링하는 연구를 수행하고 있다. 이처럼 분류학적 연구에서 출발하여 형태·생태·분자 정보를 통합하는 방향으로 연구를 확장하고 있으며, 이를 통해 수생태계의 생물다양성을 이해하고 환경변화에 따른 생물의 발생과 분포를 효과적으로 연구하는데 기여하고자 한다.

교신저자 E-mail: chironomidae@naver.com

구 두 발 표

일반 구두발표

일 시: 2026년 10월 29일(목) 13:00 – 15:00
장 소: 포럼 4 (지하 1층)

좌장: 이윤식/부산대학교

13:00 - 13:17	GP-01	**Integrated screening and functional analysis of microbial resources for climate and environmental applications** Aslan Hwanhwi Lee (Honam National Institute of Biological Resources)
13:17 - 13:34	GP-02	**Integrated toxicological and gut microbiome responses of freshwater water flea *Daphnia magna* to ammonia exposure** Jin-Sol Lee (Sungkyunkwan University)
13:34 - 13:51	GP-03	**One Health through bat ecology: Linking life-history strategies, environmental interactions, and microbial dynamics** Sun-Sook Kim (Spatial Ecology & AI-based Monitoring of Bats using Bio-Acoustic Tracking)
13:51 - 14:08	GP-04	**딥러닝과 다기준 의사결정 기법을 활용한 금강 유역 깔따구 밀도 예측 모델 개발** 이상철 (고려대학교)
14:08 - 14:25	GP-05	**A multi-meta-omics framework linking microbial community signatures to aquatic ecosystem health** Seonah Jeong (Korea Research Institute of Bioscience & Biotechnology)
14:25 - 14:42	GP-06	**Effects of temperature changes on paralytic shellfish toxins (PSTs) synthesis in the marine dinoflagellate *Alexandrium catenella*** Han-Sol Kim (Sangmyung University)
14:42 - 14:59	GP-07	**Nature-based intensive aquaculture of *Neocaridina denticulata* utilizing a mass-cultivated filamentous algal matrix** Seong-Jun Chun (National Institute of Ecology)

GP-01

Integrated screening and functional analysis of microbial resources for climate and environmental applications

Aslan Hwanhwi Lee[PC], Jung Up Park, Seo-Young Kim, Sangdon Ryu, Go Kyoung Na, and Seung-Hui Song

Division of Climate and Environmental Biology, Honam National Institute of Biological Resources (HNIBR)

Indigenous microbial resources represent a promising foundation for addressing climate and environmental challenges. This study aimed to identify functionally valuable microbial resources from coastal and island ecosystems via an integrated screening platform. From 2021 to 2024, 3,742 bacterial isolates were subjected to 14,968 functional evaluations targeting four enzymatic activities: amylase, protease, lipase, and esterase. Functional profiles were integrated with geographic, habitat, seasonal, and taxonomic metadata and analyzed using R-based multivariate approaches. The integrated analysis revealed distinct spatio-temporal patterns in microbial functions and enabled the identification of high-performing strains with potential for environmental applications. Collectively, these findings demonstrate the value of integrating functional and environmental data to guide targeted microbial resource discovery and provide a scientific basis for developing microbial-based, eco-friendly materials for bioremediation and climate-responsive environmental technologies.

Corresponding author Email: aslan.lee@hnibr.re.kr

GP-02

Integrated toxicological and gut microbiome responses of freshwater water flea *Daphnia magna* to ammonia exposure

Jin-Sol Lee[pc] and Jae-Seong Lee[c]

Department of Biological Sciences, College of Science, Sungkyunkwan University, Suwon 16419, South Korea

Ammonia is a major nitrogenous contaminant in aquatic environments, yet its combined effects on oxidative status and gut microbiota in aquatic invertebrates remain unclear. Here, acute toxicity, reactive oxygen species (ROS), and gut microbiome responses to ammonia were evaluated in the freshwater model *Daphnia magna*. Ammonia caused concentration-dependent mortality, with 48-h LC_{50} and LC_{10} values of 6.555 and 5.056 mg/L, respectively, and increased ROS at sublethal concentrations. Gut microbiome composition was significantly altered (weighted UniFrac PERMANOVA, $p = 0.04$), with stronger community restructuring at higher concentrations. *Limnohabitans*, *Flavobacterium*, *Pajaroellobacter*, and *Pseudorhodobacter* decreased after exposure, whereas *Pseudomonas* and other pollution-associated taxa increased at the highest concentration. Predicted functional profiles showed shifts in glycolysis, fermentation, the TCA cycle, starch degradation, and nucleotide metabolism. These findings indicate that ammonia induces acute toxicity, oxidative disturbance, and gut microbial dysbiosis in *D. magna*, suggesting that microbiome alterations may serve as sensitive indicators of ammonia-induced stress.

Corresponding author E-mail: jinsol3361@skku.edu and jslee2@skku.edu

GP-03

One Health through bat ecology: Linking life-history strategies, environmental interactions, and microbial dynamics

Sun-Sook Kim[pc]

SEAM-BAT (Spatial Ecology & AI-based Monitoring of Bats using Bio-Acoustic Tracking), Gunsan-si 54067, Jeonbuk-do, Republic of Korea

Species-specific bat ecology provides a framework for linking environmental change, wildlife health, and microbial dynamics. This presentation synthesizes approximately two decades of research on Korean insectivorous bats, integrating thermal ecology, life-history traits, energy dynamics, and pathogen surveillance. Seven cave-dwelling species exhibited distinct thermal preferences. Focal studies linked hibernation to environmental temperature, with durations of approximately 220 days in the population reported as *Myotis rufoniger* and 115–120 days in *Plecotus ognevi*. Regional winter activity and urinary creatinine patterns in *Miniopterus fuliginosus* highlighted water balance. Unpublished records documented minimum survival periods of 6–22 years across seven species and movements connecting mainland regions with Jeju Island. Warming could shorten hibernation and extend activity in some species, modifying energy demands, contacts, and microbial exposure, although responses depend on species ecology and resources. Alphacoronaviruses were detected in 4.86% of samples (75/1,543), with detections in seven of 15 surveyed species. Two host–ectoparasite pairs shared 99.6–100% partial viral RdRp sequence identity, supporting investigation of potential transmission pathways. Successive detection of divergent viral clades in a recaptured individual was consistent with reinfection. Bacterial profiling of 2,747 samples across eight species revealed variation with body site, host traits, and season. Stool showed the highest mean relative abundance of targeted genera containing zoonotic species (6.91%). Predominantly transient detection in recaptured bats was consistent with environmental reacquisition, which requires direct source confirmation. These four dimensions converge through bat ecology, providing complementary environmental, climate-response, and microbial signals. Integrated monitoring offers a proposed One Health sentinel framework for cave ecosystem monitoring, climate change assessment, and emerging infectious disease surveillance. Shared field effort may improve efficiency, but cost-effectiveness remains to be evaluated. Testing climate–microbe pathways requires distinguishing microbial detection from infection and transmission. Coexistence of humans, wildlife, and ecosystems requires sustained attention to the habitats, seasonal requirements, and spatial connections that support bat populations.

Corresponding author Email: sskim108@gmail.com

GP-04

딥러닝과 다기준 의사결정 기법을 활용한 금강 유역 깔따구 밀도 예측 모델 개발

이상철[pc1], 한승호[1], 정혜민[1], 이윤노[1], 김동건[2]

[1]고려대학교 생명과학대학 환경생태공학과
[2]삼육대학교 교양교육원 융합교양부

깔따구류는 하천 생태계에 널리 분포하는 저서성 대형무척추동물로, 수문·수온·서식처 관련 환경 조건에 반응한다. 깔따구류의 고밀도 출현은 하천 환경의 변화를 나타내고 생태적 또는 사회적 문제를 유발할 수 있으므로, 밀도 예측은 생물학적 평가에 중요하다. 본 연구에서는 2010~2023년 금강 유역의 기상, 서식처, 수리 및 하천 유량 변수를 통합하여 깔따구류 밀도 예측을 위한 머신러닝 모델의 적용 가능성을 평가하였다. 총 9개의 후보 모델을 구축·비교하고, 여러 회귀모형 평가 지표를 이용하여 예측 성능을 평가하였다. 통합적인 모델 순위 산정을 위해 다기준 의사결정(MCDM) 기법인 TOPSIS와 VIKOR를 적용하였으며, 선정된 모델의 예측 결과를 해석하기 위해 SHAP 분석을 수행하였다. 평가 대상 모델 중 TabPFN은 테스트 자료에서 가장 높은 설명력을 보였으며, TOPSIS–VIKOR 통합 순위에 따라 최종 모델로 선정되었다. 다만, 극단적으로 높은 밀도의 관측값에 대한 예측에는 여전히 한계가 있었다. SHAP 분석 결과, 평균 수심, 하도 폭, 월별 기온 및 평균 유속이 TabPFN 모델의 예측에 기여하는 주요 변수로 나타났으며, 수심이 얕을수록 예측 밀도가 높아지는 경향을 보였다. 선정된 모델을 일별 환경 입력자료에 적용한 결과, 깔따구류 예측 밀도는 조사지점별로 서로 다른 계절적 양상을 나타냈다. 본 연구 결과는 해석 가능한 머신러닝과 MCDM 기반 모델 선정을 결합한 접근법이 깔따구류 밀도 평가를 지원하고, 고밀도 출현과 관련된 환경 조건을 파악하는 데 활용될 수 있음을 시사한다.

교신저자 E-mail: slee2024@korea.ac.kr

GP-05

A multi-meta-omics framework linking microbial community signatures to aquatic ecosystem health

Seonah Jeong[p1], So-Ra Ko[1], Dae-Yeul Bae[3], Hayoung Lee[1,2], Won-Suk Choi[1,2], Yun-Kyoung Kwon[1], and Chi-Yong Ahn[c1,2]

[1]Cell Factory Research Center, Korea Research Institute of Bioscience & Biotechnology (KRIBB), Daejeon, Republic of Korea
[2]Department of Bioresource & Environmental Engineering, KRIBB School of Biotechnology, University of Science and Technology, Daejeon, Republic of Korea
[3]Institute of Korea Eco-Network, Daejeon, Republic of Korea

Microbial communities respond rapidly to environmental change and may encode ecological information that complements conventional aquatic ecosystem health assessment. Here, we developed an explainable machine-learning framework to predict aquatic ecosystem health from bacterial community signatures and examined their functional relevance using metatranscriptomic data. Bacterial communities from 120 samples across three major river systems in South Korea (the Han, the Nakdong, and the Geum Rivers) were analyzed, identifying 67 ecological markers. Among seven regression algorithms, Random Forest performed the best; after hyperparameter tuning with regularization to mitigate overfitting, it achieved an R^2 of 0.895 (RMSE = 8.518) on the training set and 0.687 (RMSE = 16.123) on an independent external dataset (n = 42). Kernel SHAP identified influential microbial markers and quantified their contributions to predictions. Integration with independent metatranscriptomic profiles revealed strong associations between key markers and functions related to denitrification and ammonification, heavy-metal and antibiotic resistance, anaerobic metabolism, aromatic-compound degradation, and microbial stress responses. These findings show that microbial community signatures can be decoded by explainable machine learning and linked to ecosystem-level functions, providing an interpretable framework complementing conventional aquatic ecosystem health assessment.

Corresponding author E-mail: cyahn@kribb.re.kr

GP-06

Effects of temperature changes on paralytic shellfish toxins (PSTs) synthesis in the marine dinoflagellate *Alexandrium catenella*

Han-Sol Kim[p1,2] and Jang-Seu Ki[c2]

[1]The Institute of Natural Science, Sangmyung University, Seoul 03016, South Korea
[2]Department of Life Science, Sangmyung University, Seoul 03016, South Korea

The marine dinoflagellate *Alexandrium catenella* is a major species responsible for producing paralytic shellfish toxins (PSTs), also called saxitoxins (STXs). It emerges annually along the Korean coast during early spring, leading to seafood contamination. Earlier research has demonstrated that water temperature notably affects the proliferation and PST levels of toxic *Alexandrium* species; however, the underlying molecular biological mechanisms have remained largely unknown. In this study, we identified genes involved in STX biosynthesis (*sxt*) in *A. catenella* and reported their evolutionary patterns and structural characteristics. Subsequently, the cells were subjected to cold stress (16→12°C) and heat stress (16→20°C) for 72 h. We then examined the physiological (growth), biochemical (PST content), and molecular (transcriptome) changes compared to the control (16°C). *A. catenella* exhibited optimal growth at 16°C, and high STX levels were detected during incubation at 16°C and under cold stress conditions. Transcriptome data indicated that heat stress reduces STX biosynthesis. Genes associated with biological functions like polysaccharide metabolic processes, cell wall organization, and external encapsulation were substantially up-regulated, implying that cyst formation serves as an adaptive response to heat stress. These findings indicate that water temperature plays a critical role in regulating STX synthesis in toxic *Alexandrium*. Further research focusing on the identification and activity analysis of the Sxt protein is required to understand biochemical mechanisms of toxins synthesis.

Corresponding author E-mail: kijs@smu.ac.kr

GP-07

Nature-based intensive aquaculture of *Neocaridina denticulata* utilizing a mass-cultivated filamentous algal matrix

Seong-Jun Chun[pc]

Division of Ecological Threat Management, National Institute of Ecology, Seocheon, Republic of Korea

Intensive aquaculture of the native freshwater shrimp *Neocaridina denticulata* is constrained by severe spatial competition and cannibalism in conventional bare ponds. Building on its recognized capacity to regulate filamentous algae in natural ecosystems, this study translated this trophic dynamic into an intensive, nature-based aquaculture system using mass-cultivated algal matrices *(Hydrodictyon* and *Pithophora* spp.). In a 46-day microcosm trial, algal supplementation sustained somatic growth while replacing commercial feed, doubled reproductive female ratios, and induced commercial-grade cryptic pigmentation. Subsequent validation in a 1,320 m² field macrocosm confirmed that the 3D algal matrix suppressed competitive exclusion and molting predation. Consequently, the system sustained a hyper-intensive density of 2,100 ind./m² and achieved a 3.6-fold higher biomass (450 kg vs. 125 kg) with >30% commercial feed replacement. These results establish a practical bioeconomy framework that repurposes nuisance algal biomass into high-density decapod aquaculture.

Corresponding author E-mail: sjchun@nie.re.kr

신진연구자 구두발표

일 시: 2026년 10월 28일(수) 13:00 – 14:30
장 소: 몬테로소 (지하 1층)

좌장: 김세용/충북대학교

13:00 - 13:20	YS-01	**They came, but when did they feed? Temporal patterns at winter feeding stations for endangered Long-tailed gorals** Jinhwi Kim (National Institute of Ecology)
13:20 - 13:40	YS-02	**Morphological and molecuar characterization of *Apatococcus echinosporus* sp. nov. (Trebouxiophyceae, Chlorophyta) isolated from rainwater** Minseok Jeong (Pukyong National University)
13:40 - 14:00	YS-03	**흡착 기반 녹조 전주기 제어 기술 개발: 인, 유해 남세균 및 녹조 유래 독소의 단계적 제거** 박윤환 (고려대학교)
14:00 - 14:20	YS-04	**토양 종자은행을 활용한 식물 군집 기반 현장 특이적 생태독성 평가법** 김로사 (국가독성과학연구소)

YS-01

They came, but when did they feed? Temporal patterns at winter feeding stations for endangered Long-tailed gorals

Jinhwi Kim[pc], Jonghoon Jeon, Yunha Han, Sooahn Heo, Gwangbae Yoon, Areum Kim, Youngmin Kim, Anya Lim, and Donggul Woo

Mammal Restoration Team, Research Center for Endangered Species, National Institute of Ecology, Yeongyang, Gyeongbuk Province 36531, Republic of Korea

Supplemental winter feeding is widely used to support wildlife populations during periods of limited food availability, but its effects on animal activity and social interactions are poorly understood. Using continuous camera trapping over two years (December 2024–July 2026) at five feeding stations for the endangered long-tailed goral (*Naemorhedus caudatus*), we examined seasonal and diel feeding activity, environmental and biological predictors, and intraspecific interactions. Although gorals visited the feeding stations throughout the year, use of supplemental food was concentrated in winter (December–March), when food was provided. During this period, feeding activity was concentrated between 18:00 and 06:00 in both years. Bayesian regression showed that daily feeding activity was positively associated with resource availability (β = 1.06, 95% CI: 0.89–1.22), fawn presence (β = 0.67, 95% CI: 0.50–0.82), and snow cover (β = 0.25, 95% CI: 0.11–0.39), whereas temperature and precipitation showed no credible associations. Agonistic interactions, including fights, threats, and defences, increased during periods of high station use, reaching approximately 300 detections in January 2025 and 240 in February 2026. These results show that supplemental feeding concentrated goral activity at feeding stations during winter and was associated with increased intraspecific interactions. To reduce crowding and potential competition at feeding stations, distributing food among more spatially separated sites or staggering food replenishment may be considered in future management.

Corresponding author E-mail: jinhooy@nie.re.kr

YS-02

Morphological and molecuar characterization of *Apatococcus echinosporus* sp. nov. (Trebouxiophyceae, Chlorophyta) isolated from rainwater

Minseok Jeong[p1], Kyong Ha Han[2], and Hyeon Ho Shin[c3]

[1]Institute of Fisheries Science, Pukyong National University, Busan 46041, Korea
[2]Department of Environmental Sciences, Hanyang University, Seoul 04763, Korea
[3]Division of Fisheries Life Sciences, Pukyong National University, Busan 48548, Korea

This study describes a new species, *Apatococcus echinosporus* sp. nov. isolated from rainwater collected as atmospheric wet deposition. *Apatococcus echinosporus* was characterized by spherical vegetative cells with thick cell walls and shallowly lobed, parietal chloroplasts lacking pyrenoids, distinguishing it from other *Apatococcus* species. Autospores were covered with numerous blunt spines distributed over approximately half of the spore surface. Molecular phylogenetic analyses combined with DNA-based species delimitation analyses revealed that *A. echinosporus* forms a well-supported clade with isolates collected from the surface of a polyethylene waste container and house dust. The occurrence of this species across diverse environments is consistent with the capacity of aerophytic microalgae to undergo atmospheric dispersal via wet deposition. This finding provides observational support for the role of rainwater in the colonization of terrestrial surfaces by aero-terrestrial algae.

Corresponding author E-mail: shh961121@pknu.ac.kr

YS-03

흡착 기반 녹조 전주기 제어 기술 개발: 인, 유해 남세균 및 녹조 유래 독소의 단계적 제거

박윤환[p1,2], 최윤이[c1]

[1]고려대학교 환경생태공학과
[2]고려대학교 오정리질리언스연구원

녹조 발생은 수계 내 영양염 축적에 따른 유해 남세균의 대량 증식과 세포 내외 독소의 축적이 연속적으로 이어지는 복합적인 수질 문제이다. 본 연구에서는 녹조 발생 이전의 영양염 관리부터 유해 남세균의 직접 제거, 세포 손상 및 사멸 이후 잔류하는 녹조 유래 독소 제거까지 연결할 수 있는 흡착 기반 전주기 제어 기술을 개발하고자 하였다. 전주기 제어 시스템은 크게 흡착 기반 인 제거, 유해 남세균 제거, 녹조 유래 독소 제거의 세 단계로 구성하였다. 인 제거 단계에서는 수중 인산염과 선택적으로 상호작용할 수 있는 기능성 흡착소재를 적용하여 남세균 증식에 이용 가능한 인의 농도를 저감하였다. 유해 남세균 제거 단계에서는 음전하를 띠는 *Microcystis aeruginosa*세포 표면과의 상호작용을 강화하기 위해 아민계 기능기를 도입한 섬유형 흡착소재를 이용하였으며, 세포를 파괴하지 않고 수중에서 직접 포집·회수하는 것을 목표로 하였다. 녹조 유래 독소 제거 단계에서는 대표적인 남세균 독소인microcystin-LR을 대상으로 양이온성 고분자와 다공성 흡착소재를 복합화하여, 분자의 이온성 영역과 소수성 영역을 동시에 포집할 수 있는 이중 흡착 도메인을 구성하였다. 이와 같은 단계적 접근은 녹조 발생의 원인 물질인 인, 녹조를 형성하는 유해 남세균 세포, 그리고 세포 손상 이후 수중에 잔류할 수 있는 용존 독소를 각각 독립적으로 처리하는 대신 하나의 연속적인 관리 체계로 통합하는 데 목적이 있다. 특히 섬유형 및 회수 가능한 흡착소재를 중심으로 시스템을 구성함으로써 처리 후 소재와 포집 바이오매스의 회수를 용이하게 하고, 기존 분말형 응집 및 흡착 공정에서 발생할 수 있는 슬러지와 2차 분리 부담을 줄이고자 하였다. 본 연구에서 제안한 흡착 기반 전주기 제어 개념은 녹조 발생 이전의 예방적 영양염 관리부터 발생 이후의 남세균 및 독소 제거까지 연결하는 수계 녹조 관리 기술의 기반으로 활용될 수 있다.

교신저자 E-mail: yechoi@korea.ac.kr

YS-04

토양 종자은행을 활용한 식물 군집 기반 현장 특이적 생태독성 평가법

김로사[p], 황광현, 문희규, 김신웅[c2]

국가독성과학연구소 경남바이오환경연구본부 환경안전성연구센터

기존 단일종 기반 토양 생태독성 평가법은 실제 생태계에서 일어나는 다양한 종간 상호작용과 군집수준의 영향을 반영하기 어렵기 때문에 현장 대표성의 한계가 지적되어 왔다. 본 연구에서는 현장 토양의 종자은행을 활용하여, 해당 부지의 식물 군집을 반영한 현장 특이적 생태독성 평가법을 제안하였다. 야외에서 채집한 토양에 카드뮴을 처리한 후, 45일 동안 종자를 발아 및 생육 시켜 식물 군집 구성, 생물량 그리고 식물종간 공출현 네트워크를 분석하였다. 그 결과, 야외에서 채집한 토양의 종자은행으로부터 26종 455개체의 식물 군집이 재구성되었다. 카드뮴 노출에 따른 Shannon–Wiener 다양성 지수의 EC_{10}은 76.36 mg kg^{-1}로, 기존 종민감도분포(species sensitivity distribution; SSD) 기반의 HC_5보다 약 20배 높았다. 고농도에서 식물군집의 전체 생물량은 감소했지만, 우점종은 높은 내성을 유지한 것을 확인할 수 있었다. 식물 공출현 네트워크 분석을 통해 카드뮴으로 인해 식물 네트워크 구조는 단순화되었으나 생존한 식물 종 간의 네트워크는 강화된 것을 확인할 수 있었다. 이러한 결과는 식물 군집이 중금속 스트레스를 완화하는 완충 기작이 작용할 가능성을 시사사한다. 본 연구에서 제시한 토양 종자은행 기반 평가법은 기존의 단일종 기반 생태독성 시험법을 보완하여 실제 생태계에 가까운 조건에서 환경 중 유해물질의 영향을 평가하는 데 활용될 수 있을 것으로 기대된다.

교신저자 E-mail: shinwoong.kim@kitox.re.kr

학생 구두 발표 1

일 시: 2026년 10월 28일(수) 13:00 – 14:30
장 소: 포럼 1 (3층)

좌장: 황정미/고려대학교

13:00 - 13:15	ST-01	**Weather associations of anomalous *Grapholita molesta* trap-catch signals in long-term NCPMS monitoring data** Taechul Park, Saebom Eom, Mingyu Park, and Jung-Joon Park (Gyeongsang National University)
13:15 - 13:30	ST-02	**기후변화에 따른 모기 개체 수 전망 및 LLM 기반 질의응답 시스템 구축** 정세운, 정혜민, 이윤노, 손성욱, 김동건, 이상철 (고려대학교)
13:30 - 13:45	ST-03	**Long-term dynamics of Eurasian otter (*Lutra lutra*) occupancy in South Korea** Minju kim, Din Shahab Ud, Boyoung Lee, and Sungwon Hong (Kyungpook National University)
13:45 - 14:00	ST-04	**SSP 시나리오에 따른 남한의 Precipitation Whiplash 발생 전망과 산불-생물다양성 중점관리지역 도출** 이연서, 현윤지, 김진원, 황진후 (고려대학교)
14:00 - 14:15	ST-05	**Mammal community structure and site use dynamics following wildfires of contrasting extent in South Korea** Sanghyeon Oh, Mihyeon Kim, Gwangyeon Kim, and Sungwon Hong (Kyungpook National University)

ST-01

Weather associations of anomalous *Grapholita molesta* trap-catch signals in long-term NCPMS monitoring data

Taechul Park[p1], Saebom Eom[1], Mingyu Park[1], and Jung-Joon Park[c1,2]

[1]Department of Plant Medicine, Gyeongsang National University, Jinju, Republic of Korea
[2]Institute of Agriculture and Life Science, Gyeongsang National University, Jinju, Republic of Korea

Long-term pheromone-trap records may reveal unusual pest changes as well as seasonal patterns. We analyzed *Grapholita molesta* data from 25 apple- and 23 pear-growing regions in the National Crop Pest Management System (NCPMS). ARIMA-based analysis classified anomalous catches as AO, IO, LS, and TC. Of 159 detected events, 99 met data-quality and outlier-strength criteria, and 83 remained after excluding events following survey gaps longer than 90 days. Extreme short-term weather occurred in 40.4% of primary events, but conditions did not differ among outlier types. Stronger AO signals were associated with lower relative humidity and longer sunshine duration, and both relationships remained after the long-gap sensitivity analysis. Extreme growing-season climatic conditions occurred in 49.3% of host-region-year combinations. Short-term weather and growing-season climate showed different annual patterns, suggesting complementary information across time scales. These anomalous catches are best interpreted as monitoring signals requiring field confirmation rather than direct evidence of weather-driven population change.

Corresponding author E-mail: jungpark@gnu.ac.kr

ST-02

기후변화에 따른 모기 개체 수 전망 및 LLM 기반 질의응답 시스템 구축

정세운[p1], 정혜민[1], 이윤노[1], 손성욱[3], 김동건[4], 이상철[c2]

[1]고려대학교 일반대학원 환경생태공학과
[2]고려대학교 환경생태공학부
[3]삼육대학교 일반대학원 융합과학과
[4]삼육대학교 교양교육원 융합과학과

모기는 다양한 감염병의 주요 매개체로, 기후변화에 따른 기온 및 강수 패턴의 변화는 모기의 발생 시기와 개체 수에 영향을 미칠 수 있다. 이에 본 연구는 단기 기상 예보 데이터를 활용한 머신러닝 기반 모기 예측모델을 구축하고, 미래 기후변화 시나리오를 적용하여 장기적인 모기 개체 수 변화를 전망하였다. 또한 전망 결과의 접근성과 활용성을 높이기 위해 Large Language Model(LLM) 기반 질의응답 시스템을 구축하였다. 데이터는 2015–2024년 서울시 모기 개체 수 자료, 단기 기상 예보 자료, 서식 환경 및 생태 자료를 활용하였다. 2015–2023년 4–10월 자료를 학습 데이터로, 2024년 4–10월 자료를 검증 데이터로 구분하였다. 분석에는 Random Forest (RF), Gradient Boosting(GB), Light Gradient Boosting(LGB), eXtreme Gradient Boosting (XGB)을 적용하였으며, 미래 전망에 활용할 모델을 선정하였다. 선정된 모델에 SSP1-2.6, SSP2-4.5 기후변화 시나리오 자료를 적용하고, 이전 시점의 예측 결과를 다음 시점의 입력자료로 활용하는 recursive forecasting 방법을 통해 2024–2100년의 모기 개체 수를 전망하였다. 미래 전망 기간은 근미래(2024–2050), 중미래(2051–2075), 원미래(2076–2100)로 구분하여 시나리오 및 기간에 따른 모기 발생 양상의 변화를 분석하였다. 또한 전망 결과에 대한 사용자의 질의를 해석하고, 질의 조건에 적합한 데이터를 조회·분석하여 결과를 제공할 수 있도록 LangGraph를 활용한 LLM 기반 질의응답 시스템을 구축하였다. 미래 전망 결과, 두 시나리오에서 공통적으로 봄철 모기 발생 시기가 앞당겨지고 봄·가을철 개체 수가 증가한 반면, 여름철에는 감소하는 경향을 보였다. 이는 기후변화가 모기 개체 수를 일률적으로 증가시키기보다 발생 시기와 계절별 개체 수 분포를 변화시킬 수 있음을 보여준다. 또한 구축된 질의응답 시스템을 통해 사용자가 기후변화 시나리오, 미래 기간 및 지역 등의 조건을 입력하여 모기 개체 수 전망 결과를 조회하고 비교할 수 있었다. 본 연구는 기후변화에 따른 모기 발생의 계절적 변화를 전망하고, LLM 기반으로 탐색 체계를 구축함으로써 향후 기후변화에 대응한 모기 방제 및 의사결정 지원에 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

교신저자 E-mail: slee2024@korea.ac.kr

ST-03

Long-term dynamics of Eurasian otter (*Lutra lutra*) occupancy in South Korea

Minju kim[p], Din Shahab Ud, Boyoung Lee, and Sungwon Hong[c]

Department of Animal Science and Biotechnology, Kyungpook National University, Sangju 37224, Republic of Korea

Rapid urbanization and industrialization have altered freshwater ecosystems and wildlife distribution. In South Korea, Eurasian otters (*Lutra lutra*) have experienced distribution shifts. To evaluate long-term dynamics, we applied a dynamic occupancy model to five national surveys across four periods (2000–2019), using 111 river sub-basins as spatial units. Environmental gradients—water quality, land cover, forest structure, and human influence—were summarized via rotated principal component axes, while spatial connectivity was quantified as the proportion of neighboring sub-basins occupied by Eurasian otters; both were included as explanatory variables in the dynamic occupancy model. Occupancy probabilities increased overall, with the largest rise between 2002–2004 and 2009–2010. Extinction probabilities remained stable, whereas colonization probabilities varied substantially, indicating that increased colonization drove sub-basin expansion. Spatial analyses revealed heterogeneity among sub-basins, reflecting geographically variable recovery. Overall, these results demonstrate broad-scale otter expansion and highlight the value and limitations of legacy national survey datasets.

Corresponding author E-mail: shong@knu.ac.kr

ST-04

SSP 시나리오에 따른 남한의 Precipitation Whiplash 발생 전망과 산불-생물다양성 중점관리지역 도출

이연서[p1], 현윤지[1], 김진원[2], 황진후[c3]

[1]고려대학교 환경생태공학과
[2]한국지속가능발전해법네트워크 청년위원회 사무차장
[3]국립공주대학교 환경교육과 교수

기후변화로 인한 강수 변동성 증가는 단기간 내 습윤-건조 상태가 급격히 전환되는 precipitation whiplash(PW) 현상을 심화시키며, 이는 산불의 대형화 및 생물다양성 훼손과 밀접하게 연관된다. 특히 남한은 여름철 습윤·겨울철 건조라는 계절 특성상, 습윤에서 건조로 전환되는 PW가 발생할 경우 여름철 축적된 연료가 겨울철 대형산불로 이어질 위험이 크다. 본 연구는 SSP 시나리오에 따른 미래 PW 발생 전망을 산정하고, 이를 생물다양성 주요 지역과 중첩하여 산불-생물다양성 중점관리지역을 도출하고자 하였다. PW 탐지를 위해 MK-PRISM 관측자료(2000-2019)를 기준기간으로 하여 DOY별 ±15일 윈도우에서 픽셀 단위 gamma 분포를 적합하고, 이 고정 파라미터를 SSP 시나리오별 미래 강수자료에 적용하여 SPI-30을 산정하였다. 임의 연도 Y의 강수기간(7-9월) 중 SPI-30 ≥ +1인 날이 15일 이상이고, 동시에 다음 해(Y+1) 산불기간(2-4월)에 SPI-30 ≤ -1인 날이 15일 이상인 픽셀을 PW로 판정하였으며, 산불 위험이 실제로 발생하는 Y+1년으로 라벨링하였다. Connected-component 기법으로 PW 후보 이벤트를 추출한 뒤 면적 분포가 급변하는 지점을 임계값으로 하여 유의미한 이벤트만 선별하였다. 이후 생태·자연도 1등급권역, 생물권보전지역, 백두대간보호지역, 산림유전자원보호구역, 자연환경보전지역, 국립공원 경계 등 생물다양성 주요 지역과 PW 발생 지역을 중첩 분석하여, 산불 위험이 높은 국립공원 등 우선관리지역을 도출할 예정이다. 본 연구는 기존의 단일 기후요인 중심 산불 연구에서 나아가 강수의 동적 변동성을 고려한 새로운 산불 위험 평가 틀을 제시하며, 그 결과는 산불-생물다양성 통합 공간관리 및 보호지역별 산불 대응 전략 수립의 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 기대된다.

** 이 연구는 숲과나눔과 카카오뱅크의 에코실험실 3기 사업의 지원을 받았습니다.

교신저자 E-mail: jinhoo.hwang@kongju.ac.kr

ST-05

Mammal community structure and site use dynamics following wildfires of contrasting extent in South Korea

Sanghyeon Oh[p], Mihyeon Kim, Gwangyeon Kim, and Sungwon Hong[c]

Department of Animal Science and Biotechnology, Kyungpook National University, Sangju 37224, Republic of Korea

Wildfire can alter mammal assemblages, but responses may depend on local habitat and landscape context as well as burned-area extent. Using camera traps, we compared mammal community structure and site-use dynamics in Uljin–Samcheok and Sangju, South Korea. We assessed Hill-number alpha diversity, detection completeness, and environmental patterns, and used Bayesian dynamic occupancy models to estimate colonization and extinction. Mean alpha diversity was higher in Sangju across q0–q2, while Uljin–Samcheok required less effort to reach 80–95% of its observed species pool. Long-tailed goral predominated in Uljin–Samcheok, whereas water deer, Asian badger, wild boar, and roe deer were prominent in Sangju. Sangju alpha diversity was negatively associated with urban area within 1,000 m, while fire-index associations in Uljin–Samcheok were uncertain. Most colonization and extinction effects were also uncertain, except 500-m extinction responses for wild boar in Uljin –Samcheok and roe deer in Sangju, although both credible intervals approached zero. These case studies indicate that post-fire responses should be interpreted in relation to local species composition and landscape context, while the unreplicated design limits inference about wildfire extent.

Corresponding author E-mail: shong@knu.ac.kr

학생 구두 발표 2

일 시: 2026년 10월 28일(수) 13:00 – 14:30
장 소: 포럼 4 (지하 1층)

좌장: 강지현/고려대학교

13:00 - 13:15	ST-06	**Feeding, residence, and oviposition site are decided independently in the collembolan *Allonychiurus kimi*** JeongWon Choi, Hansoo Kim, Nakyeong Lee, Hyeon-Gi Min, and Yun-Sik Lee (Pusan National University)
13:15 - 13:30	ST-07	**Crop-protection nets as an overlooked wildlife threat: Evidence from social media in South Korea** Seunghyeok Kang, Hee-Bok Park, Joong Yeol Park, Hilda F. A. Desmayanti, and Sungwon Hong (Kyungpook National University)
13:30 - 13:45	ST-08	**From genetic divergence to conservation: Ecological vulnerability of the Korean endemic Deogyu minnow (*Rhynchocypris deogyuensis*)** Soon Young Hwang, Hee-kyu Choi, Hwayeon Kwak, Ji-Eun Jang, Jeong-Eun Kim, and Hyuk Je Lee (Sangji University)
13:45 - 14:00	ST-09	**Enhancing microalgal CO_2 fixation under cement flue gas conditions through co-culture with nitrite-oxidizing bacteria** Sungjin Jung, Ju-Hoon An, Jewoo Choi, and Sang-Ah Lee (Jeju National University)
14:00 - 14:15	ST-10	**LED 광원을 이용한 대발생 곤충 붉은등우단털파리(*Plecia longiforceps*)의 유인 효과** 송호준, 변진석, 김경민, 이장호, 손성욱, 김민경, 김동건 (삼육대학교)
14:15 - 14:30	ST-11	**서울시 말라리아 매개모기(*Anopheles* spp.) 발생 현황** 고민정, 김학현, 손성욱, 강효정, 윤태중, 김동건 (삼육대학교)

ST-06

Feeding, residence, and oviposition site are decided independently in the collembolan *Allonychiurus kimi*

JeongWon Choi[p1], Hansoo Kim[1], Nakyeong Lee[2], Hyeon-Gi Min[3], and Yun-Sik Lee[c1,3]

[1]Department of Biology Education, Pusan National University, Busan 46241, Republic of Korea
[2]Division of Environmental Materials, Honam National Institute of Biological Resources (HNIBR), Mokpo 58762, Republic of Korea
[3]Institute of Future Earth, Pusan National University, Busan 46241, Republic of Korea

For many soil arthropods, a microbial patch is both food and surroundings. Individuals feed there and their eggs end up on or beside it. We tested whether a patch that is good to eat is also a good place to leave eggs, using the collembolan *Allonychiurus kimi* with brewer's yeast (*Saccharomyces cerevisiae*) and two cyanobacteria, *Nostoc neudorfense* and *Pseudoaliinostoc* sp. On single foods, individuals molted more often and laid more eggs on yeast than on either cyanobacterium. Hatching reversed that order: eggs on yeast almost never hatched (1 % of the control rate) and no juvenile survived, while eggs on either cyanobacterium hatched at roughly the control rate, though fewer survived afterwards. Patch use was tracked for 21 days in all ten two-patch combinations of the three foods and an empty patch. Yeast drew the most individuals after each feeding and won against either cyanobacterium, yet emptied within days, while *Pseudoaliinostoc* stayed occupied throughout. Eggs, whatever the food, were laid almost entirely off the patches. Attraction, residence and egg placement thus order the same foods in three different ways.

** This work was supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) funded by the Ministry of Education (LAMP Program, No. RS-2023-00301938) and by the Rural Development Administration, Republic of Korea (No. RS-2026-25520236).

Corresponding author E-mail: yunsiklee@pusan.ac.kr

ST-07

Crop-protection nets as an overlooked wildlife threat: Evidence from social media in South Korea

Seunghyeok Kang[p1], Hee-Bok Park[c2], Joong Yeol Park[1], Hilda F. A. Desmayanti[1], and Sungwon Hong[c1,3]

[1]Department of Animal Science and Biotechnology, Kyungpook National University, Sangju 37224, Korea
[2]Rsearch Center for Endangered Species, National Institute of Ecology, Yeongyang 36531, Korea
[3]Department of Horse/Companion, and Wild Animal Science, Kyungpook National University, Sangju 37224, Korea

Wildlife-exclusion nets are widely used to reduce crop damage, but their unintended risks to wildlife remain poorly understood. We analysed 4,674 social media posts from South Korea (2006–2024). Seasonal variation in documented capture was assessed using a binomial GAM, and net-type differences using a post-level binomial GLMM. Capture probability was lowest in spring and increased toward autumn, peaking in October for both net types. Wildlife capture was documented in 89 of 956 large-mesh-net posts (9.3%) and 19 of 3,452 small-mesh-net posts (0.55%); large-mesh-net posts had higher adjusted odds of documenting capture (OR = 18.74, 95% CI = 8.63–40.70). Most of 108 capture events involved roe deer or water deer. Human rescue was far more common than self-escape, and antlers were the most frequently entangled body part. These findings suggest that crop-protection nets, particularly large-mesh nets, may pose unintended entanglement risks to wildlife. Wildlife-damage management should encourage regular net inspection and support safer, lower-risk barriers while balancing crop protection and farmers' economic constraints with wildlife conservation.

Corresponding author E-mail: Sungwon, Hong: shong@knu.ac.kr; Hee-Bok Park: marinecat80 @nie.re.kr

ST-08

From genetic divergence to conservation: Ecological vulnerability of the Korean endemic Deogyu minnow (*Rhynchocypris deogyuensis*)

Soon Young Hwang[p1], Hee-kyu Choi[1], Hwayeon Kwak[1], Ji-Eun Jang[2], Jeong-Eun Kim[2], and Hyuk Je Lee[c1]

[1]Molecular Ecology and Evolution Laboratory, Department of Biological Science, Sangji University, Wonju 26339, Republic of Korea
[2]National Park Research Institute, Korea National Park Service, Wonju 26441, Republic of Korea

The isolated river systems of the Korean Peninsula restrict gene flow among freshwater fish populations, promoting population divergence and speciation. Our previous genetic and morphological analyses of the Korean endemic fat minnow (*Rhynchocypris kumgangensis*) and the geographically isolated Deogyu population (i.e. *Rhynchocypris deogyuensis*), supported the species-level divergence (~2.9% of mitogenomic divergence). Nevertheless, *R. deogyuensis* showed extraordinarily low genetic diversity with only a single mtDNA haplotype, and elevated levels of inbreeding. To evaluate the ecological vulnerability of the single currently known Deogyu population, we assessed population size, health condition, size frequency distribution, sex ratio, and predation pressure of *R. deogyuensis* in the Gucheondong Valley, Deogyusan National Park. A mark–recapture survey estimated 808 ± 186 individuals, considerably lower than that of the co-occurring congener *R. oxycephalus* (1,447 ± 245). Length–weight relationships and Fulton's condition factor analyses indicated relatively unfavorable ecological conditions, while stomach content DNA analysis confirmed predation on *R. deogyuensis* by nonindigenous *Oncorhynchus mykiss* and indigenous *Silurus microdorsalis*. Ongoing and future work integrates whole genome sequencing (WGS), temperature dependent DNA methylation profiling, and climate based genetic diversity modeling to elucidate the mechanisms underpining how *R. kumgangensis* and *R. deogyuensis* speciate.

** This study was supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) (RS-2026-25573109, RS-2026-25562078) and by the ANCHOR Program through the Gangwon ANCHOR Center, funded by the Ministry of Education (MOE) and Gangwon State (G.S.), Republic of Korea (2026-ANCHOR-10-005), and the 2025 Park Resource Survey Project of Deogyusan National Park (NPRI 2025-04).

Corresponding author E-mail: lhjk622@googlemail.com

ST-09

Enhancing microalgal CO_2 fixation under cement flue gas conditions through co-culture with nitrite-oxidizing bacteria

Sungjin Jung[p1], Ju-Hoon An[2], Jewoo Choi[3], and Sang-Ah Lee[c1,2,4]

[1]Faculty of Biotechnology, College of Applied Life Sciences, Jeju National University, Jeju 63243, Republic of Korea
[2]Interdisciplinary Graduate Program in Advanced Convergence Technology and Science, Jeju National University, Jeju, 63243, Republic of Korea
[3]Department of Chemistry & Cosmetics, Jeju National University, Jeju 63243, Republic of Korea
[4]Bio-Health Materials Core-Facility Center, Jeju National University, Jeju, 63243, Republic of Korea

The cement industry accounts for about 7% of global CO_2 emissions. Cement flue gas, containing NOx (NO and NO_2), has a high CO_2 concentration. These emissions contribute to climate change and the acidification of soil and freshwater. These effects ultimately extend to human health. Microalgae have attracted attention for biological carbon capture, utilization and storage (CCUS) because they can convert CO_2 into algal biomass through photosynthesis. However, nitrite (NO_2^-) formed from NOx can inhibit algal growth. To reduce nitrite stress, *Desmodesmus multivariabilis* was co-cultured with nitrite-oxidizing bacteria (NOB). Because the light required for algal growth inhibited NOB activity, NOB were immobilized in carbon-black alginate beads. Immobilized NOB retained nitrite oxidation under illumination. At 168 h under simulated cement flue gas, the co-culture reached about 1.25 g/L dry biomass and 17 mg/L total chlorophyll. Relative DCF fluorescence, an oxidative stress indicator, in algae alone or with empty beads was about six and three times that of the co-culture, respectively. This co-culture supported algal growth under flue gas stress and offers a strategy for microalgal CCUS.

Corresponding author E-mail: leesa@jejunu.ac.kr

ST-10

LED 광원을 이용한 대발생 곤충 붉은등우단털파리(*Plecia longiforceps*)의 유인 효과

송호준[p1], 변진석[1], 김경민[2], 이장호[3], 손성욱[3], 김민경[2], 김동건[c1,4]

[1]삼육대학교 환경생태연구소
[2]엑스텍바이오
[3]삼육대학교 융합과학과
[4]삼육대학교 교양교육원

대발생 곤충이란 주거·상업 지역 등 시민들의 생활과 밀접한 지역에서 대량으로 출현하여 시민들에게 정신적·신체적 피해 또는 불편을 야기하는 곤충을 의미한다. 대표적인 국내 사례로는 경기 남양주시 한강 유역 일대의 동양하루살이(*Ephemera orientalis*)와 인천 계양구 계양산 일대 붉은등우단털파리(*Plecia longiforceps*)를 들 수 있다. 이 중 붉은등우단털파리는 2022년 이후 서울 은평구를 비롯한 수도권 지역에서 매년 6~7월 대규모로 발생하여 시민들의 생활 불편을 초래함에 따라 붉은등우단털파리의 선제적 예찰 및 방제를 위한 효과적인 유인 기술 개발의 필요성이 증가하고 있다. 본 연구는 광(light)에 의한 붉은등우단털파리의 유인 효과를 검증하고자 2026년 9월 6일부터 16일까지 총 11일간 일본 오키나와의 난조시 다마구스쿠 일대에서 실험을 진행하였다. 현장실험은 LED light의 탈부착이 가능한 형태로 개발한 멀티트랩을 이용하였다. 광원을 부착한 트랩 12개(Light trap, LT)와 부착하지 않은 트랩 12개(Control trap, CT)를 사용하였으며, 각 트랩은 지상으로부터 1m 이상의 높이에 설치하였고, 최소 5m 이상 떨어트려 배치하였다. 광원은 일몰 30분 전부터 익일 오전 9시까지(12시간) 점등하였으며, 매일 오전 9시에 수거하여 계수하였다. 또한 각 트랩 설치 지점의 환경영향을 최소화하기 위해, 24시간 간격으로 트랩의 위치를 반시계 방향으로 순환시켰다. 실험 결과, 11일간 총 3,397마리가 포집되었으며, LT에서 3,203마리(94.29%), CT에서 194마리(5.71%)가 포집되어 통계적으로 유의한 차이를 보였다(t-test, $p<0.001$). 이는 붉은등우단털파리의 방제에 있어서 광원을 효과적인 유인 수단으로 사용할 수 있음을 의미하며, 향후 붉은등우단털파리의 친환경적인 모니터링 체계 구축 및 방제 장비 개발을 위한 기초 자료로 활용될 수 있을 것으로 기대된다.

** 이 연구는 한국환경산업기술원(KEITI)의 '대발생 곤충 생태특성 연계형 친환경 저감 및 방제 기술 개발' (RS-2026-25509105)을 통해 대한민국 기후에너지환경부의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: ecology@syu.ac.kr

ST-11

서울시 말라리아 매개모기(*Anopheles* spp.) 발생 현황

고민정[p1], 김학현[2,3], 손성욱[1], 강효정[2], 윤태중[2], 김동건[c2,4]

[1]삼육대학교 바이오융합과학과
[2]삼육대학교 환경생태연구소
[3]Baylor University Graduate School, Department of Biology
[4]삼육대학교 교양교육원

모기과 얼룩날개모기속(Genus *Anopheles*)은 국내 8종이 기록되어 있으며, 이 중 한국얼룩날개모기(*An. koreicus*)를 제외한 7종이 말라리아 매개체로 알려져 있다. 서울시는 2024년 처음으로 말라리아 위험지역으로 지정된 이후 통합적 감시 및 예방·관리 정책을 운영하고 있으나 지역 내 매개모기의 종별 분포와 및 주요 서식지에 대한 자료 확보가 부족한 실정이다. 본 연구에서는 서울시 내 위험지역으로 분류된 자치구 중 2곳 양천구와 강서구를 중심으로 17개 지점을 선정하고 2025년 5월부터 10월까지 격주로 성충 모기에 대한 모니터링과 월 1회 유충 조사를 수행하였다. 조사 결과, 총 7속 20종 11,649개체의 모기가 채집되었으며, 이 중 13개 지점에서 채집된 얼룩날개모기류의 분자생물학적 분석을 통해 잿빛얼룩날개모기(*An. pullus*) 178개체, 중국얼룩날개모기(*An. sinensis*) 25개체, 레스터얼룩날개모기(*An. lesteri*) 3개체로 총 3종 206개체 확인하였다. 얼룩날개모기류 성충은 봄부터 초여름까지 점차 증가하여 7월 9~10일 조사에서 69개체로 조사기간 중 가장 많은 개체가 채집되었고, 지역별로 강서구 199개체(96.6%), 양천구 7개체(3.4%)가 확인되어 강서구에서 현저히 높은 발생 양상을 보였다. 특히 강서구 조사 지점 중 논과 빗물펌프장에서 상대적으로 많은 개체가 채집되었으며, 이는 해당 지역에 식생이 발달하고 습윤한 환경이 형성되어 있어 얼룩날개모기의 서식과 활동에 유리했기 때문으로 판단된다. 유충 서식지 조사에서는 집모기류(*Culex* spp.)와 숲모기류(*Aedes* spp.) 유충이 확인되었고 얼룩날개모기류 유충은 확인되지 않았다. 레스터얼룩날개모기(*An. lesteri*)와 잿빛얼룩날개모기(*An. pullus*) 성충은 분자생물학적 분석을 통해 서울시에서 처음 기록되었으며, 두 종은 북한의 주요 말라리아 매개체로서 중국얼룩날개모기(*An. sinensis*)보다 높은 말라리아 전파 능력을 가지는 것으로 보고되어 있다. 따라서 서울시 도심 내에서 확인된 매개 모기의 분포는 향후 말라리아 위험도 평가와 방역 정책 수립에 있어 중요한 기초 자료가 될 것으로 판단되며, 발생지 추적 및 유충 서식처에 대한 정밀한 추가 조사와 지속적인 모니터링이 필수적이다.

* 본 연구는 서울시(R25TA00344805-00)의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: ecology@syu.ac.kr

포 스 터 발 표



포스터발표

1. 유해생물 (Harmful organisms)

P1-01 **Light wavelength regulates growth and the relative accumulation of saxitoxin and neosaxitoxin in *Centrodinium punctatum* (Dinophyceae)**
Hyeon Ho Shin, Jihoon Lee, Zhun Li, Kyong Ha Han, Minseok Jeong, Minjae Kim, Kenneth Neil Mertens, and Haifeng Gu (Pukyong National University)

P1-02 **Divergent bacterial community structure and discordance between gene detection and culture for *Legionella* across four full-scale drinking water treatment plants**
Jae Hong Jeong, Min Young Kim, Min-jeong Kim, Jiwon Park, Hyoseong Jeong, Heuidae Lee, Sangjun Park, Gyu-Cheol Lee, and Jong-Chan Chae (K-water)

P1-03 **국내 분리 살조박테리아 유래 소포 유사 입자의 제조 및 유해 남조류 제어 효과**
김귀다, 진언선 (한양대학교)

P1-04 **Saline-induced colony evacuation and spatial relocation of the invasive *Paratrechina longicornis* in port container yards**
Ho Jin Youn, Hogi Lee, Sangkoo Park, Hyoung-Ho Mo, and Min-Hyuk Oh (Animal and Plant Quarantine Agency)

P1-05 **해양 독성 와편모조류 알렉산드리움의 탄산탈수효소(*Ap-CAs*) 유전자 및 pH 변화에 따른 반응 연구**
김한솔, 강희진, 이수화, 부하리라완무함마드, 김태희, 기장서 (상명대학교)

P1-06 **Preliminary molecular survey reveals 'fine-scale' spatial variation of *Ulva* species across a lagoon-open coast transition in eastern Korea**
Hye Jin Park, Seo Yeon Park, and Hyuk Je Lee (Sangji University)

P1-07 **Algicidal activity of *Brevibacillus* sp. SU1K60-AF2 against *Microcystis***
Yejin Bu, Ve Van Le, SuminHan, and Sang-Ah Lee (Jeju National University)

P1-08 **남양주시 소나무재선충병 발생의 공간 분포와 환경 특성**
이원규, 한승호, 이상철 (고려대학교)

2. 바이오에너지 (Bioenergy)

P2-01 **Optimization of *Chlorella* sp. HS19 cultivation using interval light and scale-up in photobioreactor**
Yun-Kyoung Kwon, So-Ra Ko, and Chi-Yong Ahn (Korea Research Institute of Bioscience & Biotechnology)

P2-02 **Enhanced seed dormancy improves pre-harvest sprouting tolerance in *Brassica napus* through jasmonate-associated transcriptional and epigenetic regulation**
Maharajan Theivayanagam, Eun-Kyoung Shinp, and Soo-In Sohn (National Institute of Agricultural Sciences)

3. 동물생태·분류·유전 (Animal ecology, classification, genetics)

P3-01 High-tech hide and seek: we know what you did last winter
Jinhwi Kim, Jonghoon Jeon, Yunha Han, Sooahn Heo, Gwangbae Yoon, Areum Kim, Youngmin Kim, Anya Lim, and Donggul Woo (National Institute of Ecology)

P3-02 ASF(아프리카돼지열병) 감염 멧돼지 폐사체 발견 지점의 공간 분포 특성과 환경 연관성 분석
황인재, 김유진, 이승기, 박선재, 정승규 (국립생물자원관)

P3-03 Maternal lineages of the threatened reeves' turtle population in the Hansando Island, South Korea
Min-Soo Kwag, Da-Bin Kim, Chang-Gu Kang, Seon-Hong Park, Seon-Hui Park, Ji-Hye Park, Jae-Young Song, An-Na Lee, Sa-Hyun Lee, Doo-Ha Yang, and Sang-Hyun Han (Korea National Park Service)

P3-04 Non-invasive molecular identification for wild bears in South Korea
Tae-Wook Kim, An-Na Lee, Min-Seok Soh, Ju-Yeol Choi, Jong-Baek Kim, Sa-Hyun Lee, Doo-Ha Yang, and Sang-Hyun Han (Korea National Park Service)

P3-05 Molecular evidence for occurrence of multiple paternity in the Asiatic black bears reintroduced in South Korea
Tae-Wook Kim, An-Na Lee, Jeong-Jin Yang, Min-Seok Soh, Ju-Yeol Choi, Jong-Baek Kim, Sa-Hyun Lee, Doo-Ha Yang, and Sang-Hyun Han (Korea National Park Service)

P3-06 Temperature-dependent embryonic development and transcriptomic responses in two *Ephemera* species
Ji Hyoun Kang, Inseo Kim, Hyun Park, Jeong Mi Hwang, and Yeon Jae Bae (Korea University)

P3-07 Population genomic structure of the invasive yellow-legged hornet (*Vespa velutina nigrithorax*) across urban landscapes in Seoul
Ji Hyoun Kang, Hyeonsuk An, Jeong Mi Hwang, Wooseong Kim, Yeon Jae Bae, Moon Bo Choi, Min Jeong Baek, and Sun-Jae Park (Korea University)

P3-08 Unraveling potential hybridization between *Zacco koreanus* and *Zacco temminckii* in the Nakdong river system through mitonuclear and microsatellite analyses
Young Rae Kim, Yu Rim Kim, and Hyuk Je Lee (Sangji University)

P3-09 Long-term genetic monitoring of the endangered Manchurian trout *Brachymystax lenok tsinlingensis*
Ji Eun Jang, Hyuk Je Lee, Seoghyun Kim, Mu Sung Sung, Jong Min Park, and Ga In Sung (Korea National Park Services)

P3-10 Mitochondrial diversity and phylogeographic structure of the long-tailed goral in South Korea
Dae Ho Kim, Tae-Wook Lim, An-Na Lee, Yu Rim Kim, Sa-Hyun Lee, Doo-Ha Yang, Sang-Hyun Han, and Hyuk Je Lee (Sangji University)

P3-11 붉은여우의 방사시기별 초기 분산행동의 특성
정상민, 채승훈, 양예덕, 유두희, 권준혁, 김형진, 김혜리, 배성근, 김태욱, 이사현, 양두하, 한상현 (국립공원공단)

P3-12 야생 붉은여우의 연주기 생활사에 따른 행동특성
정상민, 안진석, 채승훈, 정창민, 배성근, 이사현, 양두하, 김태욱, 임치홍, 한상현 (국립공원공단)

P3-13 벌크 및 아미노산 질소 안정동위원소를 활용한 산양의 영양 스트레스 평가
원은지, 우동걸, 조하은, 한윤하, 윤희영, 신경훈 (한양대학교)

4. 식물생태·분류·유전 (Plant ecology, classification, genetics)

P4-01 **Role of 9,10-KODA produced by the tonoplast-localized 9-lipoxygenase *ZmLOX5* in maize defense against insect herbivory**
Haeun Kim and Yong-Soon Park (Kongju National University)

P4-02 **Deciphering the non-overlapping roles of *ZmLOX4* and *ZmLOX5* in maize immune responses**
Taehee Jin and Yong-Soon Park (Kongju National University)

P4-03 **Complete chloroplast genomes of three *Vigna* Savi species distributed in Korea and phylogenetic relationships within the genus**
Ji Eun Kim, Min Su Jo, Kyeong Bae Nam, Jun Hyeok Kim, and Chae Sun Na (Baekdudaegan National Arboretum)

P4-04 **한반도 분포 잔개자리의 환경영향에 따른 형질 변이 분석**
조민수, 김준혁, 추예린, 김지은, 안희령, 김시은, 이지훈, 김승희, 이태옥, 홍미현, 권소영, 하늘. 나채선 (국립백두대간수목원)

P4-05 **산림 내 작물 재래원종(CWR) 개자리속 식물의 미래 잠재서식지 변화 및 종자 휴면·발아 특성**
남경배, 김가은, 김준혁, 김지은, 조민수, 나채선 (국립백두대간수목원)

P4-06 **Complete chloroplast genome of *Ligularia taquetii*(H.Lév. & Vaniot) Nakai (Asteraceae) and its phylogenetic relationships with closely related taxa**
Yoo Jung Park, Jaeeun Choi, Ye-Jin Yoon, and Kyeong Sik Cheon (Sangji University)

P4-07 **Genetic diversity and population structure of *Tripterospermum japonicum* (Siebold & Zucc.) maxim. using 3RAD-Seq**
Yoo Jung Park, Halam Kang, and Kyeong Sik Cheon (Sangji University)

P4-08 **환경변수 기반 계층적 군집분석을 이용한 설악산국립공원 식생유형 재분류**
최대훈, 명현호 (국립공원공단)

P4-09 **국내 내륙습지 유형별 외래식물 비율 및 지표종 특성**
윤영은, 조은희, 장성대, 한동욱, 손덕주 (단국대학교)

P4-10 **Seasonal shifts in weed community composition and their soil linkages under organic resource and tillage management**
Sung-Jun Hong, Sang-Min Lee, Hyun-Young Hwang, Jaehyeong Lee, Young-Mi Lee, Ji-Won Kang, Yeomyeong Lee, and Min-Jae Kong ((National Institute of Agricultural Sciences)

5. 미생물생태·분류·유전 (Microbial ecology, classification, genetics)

P5-01 **Light-dependent production of volatile organic compounds in *Magnaporthe oryzae* mediates self-inhibition and interspecific antagonism**
Yong-Soon Park (Kongju National University)

P5-02 **Isolation of genetic resources of arbuscular mycorrhizal fungi for improving sustainable strawberry productivity**
Yeyeong Lee, Taedong Kim, Junggyu Lee, Minjae Kang, Kwangho Jeong, Hyungho Jung, Chae An Yu, Okhee Choi, and Jinwoo Kim (Gyeongsang National University)

P5-03 **Taxonomic characterization of a putative novel bionectriaceous fungus related to Ovicillium from Okjeongho lake, Korea**
Haeun Kim and Zhun Li (Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology)

P5-04 **Molecular and Morphological Identification of Fungal Pathogens Associated with Olive (*Olea europaea*) Diseases in Korea**
Chung Youl Park, Byung-Hyuk Kim, Hyoseok Lee, Sukman Park, Jae Ho Joa, Minji Shin, Seong Eun Lee, and Jong-Hwan Shin (Rural Development Administration)

P5-05 **Taxonomic characterization and carotenoid biosynthetic potential of Hymenobacter sp. GJ7, a potential novel species isolated from a freshwater stream in Korea**
Haeun Kim and Zhun Li (Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology)

P5-06 **Macrophyte-associated bacterial communities contribute to *Microcystis* inhibition: implications for plant-microbe interactions**
Hayoung Lee, Seonah Jeong, So-Ra Ko, Yun-kyoung, Kwon, and Chi-Yong Ahn (Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology)

P5-07 **Carbon substrate utilization characteristics of soil microorganisms under SSP2 climate change scenario conditions during rice cultivation**
Jinu Eo, Yeonju Lee, So-Jin Yeob, Sang-Min Jun, Bu-Yeong Oh, Byung-Mo Lee, Jong-Mun Lee, Yerin Yang, and Wook-Jae Lee (National Institute of Agricultural Sciences)

P5-08 **Isolation and characterization of azoxystrobin-degrading bacteria isolated from agricultural soils**
hye-won Choi and Dong-Uk Kim (Sangji university)

P5-09 **Isolation and characterization of benomyl-degrading bacteria isolated from agricultural soils**
Seung-Hyeon Seo and Dong-Uk Kim (Sangji university)

P5-10 **Biodegradation of the strobilurin fungicide azoxystrobin by bacteria isolated from agricultural soils**
Jongmin An and Dong-Uk Kim (Sangji university)

P5-11 **Isolation and characterization of fenobucarb-degrading bacteria from rice paddy soils**
Dong-Gyun Choi and Dong-Uk Kim (Sangji university)

P5-12 **Isolation and characterization of fenitrothion-degrading bacteria isolated from agricultural soils**
Dong-Hyeon Kang and Dong-Uk Kim (Sangji university)

6. 생물다양성 및 생물모니터링 (Biodiversity and Biomonitoring)

P6-01 **Environmental DNA metabarcoding of winter *Aphanizomenon*: water-sediment genotype comparison in B Dam and D Submerged Weir**
Jae Hong Jeong, Hyoseong Jeong, Min Young Kim, Jiwon Park, Gyu-Cheol Lee, Heuidae Lee, Sangjun Park, and Min-jeong Kim (K-water)

P6-02 **산업시설 주변 온배수 하천에서 외래어류의 출현과 정착 가능성: 국내 반도체 산업지역 하천을 중심으로**
최원균, 김다은 (국립생태원)

P6-03 **Review of species distribution modeling studies and prediction of the potential distribution of *Bactrocera dorsalis* in Korea**
Saebom Eom, Jinsol Hong, Taechul Park, Mingyu Park, and Jung-Joon Park (Gyeongsang National University)

P6-04 **Assessment of seagrass distribution and blue carbon stocks in marine protected areas along the coast of Korea: a literature-based approach**
Jinwoo Ku and Seung Hyeon Kim (Gyeongsang National university)

P6-05 **Estimation of sediment organic carbon stocks beneath brown-algal farms off the southwestern coast of Korea**
Jinwoo Ku, Ye Heun Park, and Seung Hyeon Kim (Gyeongsang National university)

P6-06 **Potential distribution and environmental associations of six Collembola species occurring in Korea across vertical soil habitat types**
Yun Sang Jeong, Ji Yong Song, and June Wee (Chungnam National University)

P6-07 **Diversity and spatial heterogeneity of snow algal communities in Barton Peninsula, Antarctica**
Sung Mi Cho, Jong Hee Kim, and Sanghee Kim (Korea Polar Research Institute)

P6-08 **RAD 프레임워크를 적용한 국립공원 산불 및 생물다양성 대응 전략 평가 - 설악산국립공원과 주왕산국립공원을 중심으로 -**
현윤지, 이연서, 김진원, 황진후 (고려대학교)

P6-09 **Benthic community biomass and composition around Jeju Island: interannual variation from 2023 to 2026**
Chang Ho Yi and Hye Seon Kim (National Marine Biodiversity Institute of Korea)

P6-10 **Assessment of recent 20-year (2006-2025) changes in Arctic SST and SIC (Sea Ice Coverage): Implications for marine habitat environments**
Sun Kyeong Choi, Fahim Ahmad, Seonggil Go, and Young Baek Son (Korea Institute of Ocean Science & Technology)

P6-11 **제주도 남부권역 내 비래해충 유인성 식물의 분포 실태 조사**
오영주, 김창석, 이용호, 홍선희 ((주)미래환경생태연구소)

P6-12 **경상도 지역 관행 및 유기 밭의 잡초 다양성 변화**
오영주, 이용호, 홍선희, 공민재 ((주)미래환경생태연구소)

P6-13 **국립백두대간수목원 종자은행 2025년 저장종자의 초기 활력 특성**
김건모, 신운섭, 이형주, 이종숙, 이태훈 나채선 (국립백두대간수목원)

P6-14 **Comparison of dragonfly emergence characteristics between paddy fields and artificial wetlands**
Yeonju Lee, Sojin Yeob, Sangmin Jun, Buyeong Oh, Byungmo Lee, Jongmun Lee, Yerin Yang, Wookjae Lee, and Jinu Eo (National Institute of Agricultural Sciences)

P6-15 **피속(*Echinochloa*) 3종의 종자 발아 특성 및 최적 발아 조건**
이지훈, 송수현, 홍미현, 김승희, 김준혁, 나채선 (국립백두대간수목원)

P6-16 **Persistence of the *bar* transgene during recurrent backcrossing between GM *Brassica napus* and *Brassica rapa* subsp. *narinosa*: Morphological and SSR marker evidence**
Subramani Pandian, Eun-Kyoung Shin, and Soo-In Sohn (National Institute of Agricultural Sciences)

P6-17 **자생식물 13종의 장기저장에 따른 종자 활력 변화 및 저장특성 평가**
김가은, 김현민, 문미정, 이형주, 손연화, 나채선 (국립백두대간수목원)

P6-18 **Nationwide temporal patterns in amphibian diversity and community composition revealed by coverage-standardized long-term surveys**
Hong-Suk Koh (National Institute of Ecology)

P6-19 **상주보 인근 수중 퇴적토의 돌말류 다양성 및 미기록종 후보 탐색**
이혜진, 박미례, 이창수, 이상득 (국립낙동강생물자원관)

P6-20 **국립공원 서식지 상태 평가지표 선정: 수정 델파이 기법을 활용한 단계적 접근**
김지영, 최대훈, 김정은, 이승록, 명현호 (국립공원연구원)

P6-21 **Allometric models to estimate blue carbon stock of cultivated seaweeds**
Ji Hwan Oh, Huijin Jeong, Yun Hee Kang, and Sang Rul Park (Jeju National University)

P6-22 **A decadal shift in *Scleronephthya gracillima* assemblages driven by ocean warming and marine heatwaves in Jeju Island**
Hyun Woo Jeong, Su Hyun Kim, Yun Hee Kang, and Sang Rul Park (Jeju National University)

P6-23 **가시광-근적외선 반사 스펙트럼을 활용한 나노프라이밍 처리 고추 종자의 판별**
허예진, 이용호, 공시은, 서예린, 우지연, 유남곤, 김현식, 이제원, 임성욱, 포우델 아닐, 프라밧 아디카리, 홍선희 (한경국립대학교)

P6-24 **고추 종자의 산화구리(CuO) 및 다중벽탄소나노튜브(MWCNT) 나노프라이밍 최적 처리조건 선정과 산화구리 처리요인 간 상호작용 분석**
허예진, 이용호, 공시은, 서예린, 우지연, 유남곤, 김현식, 이제원, 임성욱, 포우델 아닐, 프라밧 아디카리, 홍선희 (한경국립대학교)

P6-25 **Impacts of long-term sea surface temperature rise on the morphology and productivity of *Zostera marina***
Jun Hyun Lim, Kyung Jung Chung, Yun Hee Kang, and Sang Rul Park (Jeju National University)

P6-26 **밤나무(*Castanea crenata*)의 장기 저장조건에 따른 종자활력 및 저장특성 평가**
공시은, 이용호, 유남곤, 허예진, 우지연, 서예린, 임성욱, 이제원, 김현식, 프라밧 아디카리, 포우델 아닐, 홍선희 (한경국립대학교)

P6-27 **신규 지정 금정산국립공원 내륙습지의 생태학적 특성**
이준수, 박소원, 명현호, 송희진, 김세희, 성희진, 신이찬 (국립공원공단)

P6-28 **국립공원 단절 하천 및 어류 군집 현황**
김정은, 윤봉한, 임우찬, 명현호 (국립공원공단)

P6-29 **기후변화 시나리오에 따른 국내 조류·포유류·양서류·파충류의 시군구별 잠재적 서식가능성 변화**
유남곤, 이용호, 공시은, 서예린, 우지연, 허예진, 김현식, 이제원, 임성욱, 포우델 아닐, 프라밧 아디카리, 홍선희 (한경국립대학교)

P6-30 **CSIA-AA can reveal macroalgae-derived matters in complex environmental samples**
Hee Young Yun, Jihwan Oh, Jeongsang Yun, Kyung-Hoon Shin, and Sang Rul Park (Hanyang University)

P6-31 **설악산국립공원 내 저서성 대형무척추동물 군집구조 및 종다양성 분석**
권재현, 이애임, 왕주현, 고민섭, 신이찬, 이황구 (상지대학교)

P6-32 **설악산국립공원 내 어류상 및 주요 생물종 서식 현황**
강민서, 고민섭, 이황구, 권재현, 최희규, 김정은, 신이찬, 왕주현 (상지대학교)

7. 생태독성 및 환경호르몬 (Ecotoxicity and environmental hormones)

P7-01 **Field-applicable biological early warning of freshwater contamination using deep learning-based behavioral monitoring of *Daphnia magna***
Hyeon-Jeong Bae and Tae-Yong Jeong (Hankuk University of Foreign Studies)

P7-02 **중금속 혼합 노출에 따른 두 해양 규조류의 생리 반응 양상 비교**
손진혁, 김세용 (충북대학교)

P7-03 **Effects of soil-gut microbiota interactions on arsenic toxicity in *Allonychiurus kimi* (Collembola)**
Taewoo Kim, Jinsol Hong, Yongeun Kim, Jaejun Song, Dohwan Yoon, and Kijong Cho (Korea University)

P7-04 **Bio-degradation of 3,5,6-Trichloro-2-pyridinol (TCP) by Novel Soil Bacteria: Tolerance Assessment, Cytotoxicity Mitigation, and Phytotoxicity Relief**
Gwang-Min Lee, Pavithra Muthukuma Sathya, and Byung-Taek Oh (Jeonbuk National University)

P7-05 **Electrode-assisted biodegradation of 1,2-dibromoethane by *Bradyrhizobium diazoefficiens* USDA 110 and ecotoxicity assessment**
Harshavardhan Mohan, Pavithra Muthukumar Sathya, and Byung-Taek Oh (Jeonbuk National University)

P7-06 **From contaminant removal to detoxification: bio-electrodegradation of methylparaben and mitigation of ecotoxicity in *Artemia salina***
Pavithra Muthukumar Sathya, Gwang-Min Lee, and Byung-Taek Oh (Jeonbuk National University)

P7-07 **Ecotoxicological Evaluation of a *Bacillus thuringiensis israelensis* on the Non-Target Soil Organism *Allonychiurus kimi* (Collembola)**
Ji-Yong Song, Young Min Park, Yun Sang Jeong, Seong Hyeon Yeo, and June Wee (Chungnam National University)

P7-08 **Are duckweed root-length assays interchangeable? Comparative herbicide responses of *Lemna aequinoctialis* and *Spirodela polyrhiza***
Hojun Lee, Taejun Han, and Jihae Park (Marine@UGent Korea)

P7-09 **Metal-, time-, and endpoint-specific responses of *Daphnia magna* during prolonged exposure**
Hojun Lee, Alfredo Mayorga Villalobos, Soyeon Choi, Euiseong Kim, Taejun Han, and Jihae Park (Marine@UGent Korea)

P7-10 **Mixed nitrogen supply alleviates free ammonia toxicity in *Chlamydomonas* sp.**
Eun Bin Joa and Sang-Ah Lee (Jeju National University)

P7-11 **Screening of synthetic peptides for microcystin degradation**
Ve Van Le, Nakyeong Lee, and Sang-Ah Lee (Jeju National University)

9. 기타 (Others in Environmental Biology)

P9-01 **Evaluation of the DNRA Mechanisms in Marine Sediment-Derived Indigenous Isolates and Validation of Nitrogenous Pollutant Removal for Replacing Commercial Formulations**
Han-Jun Cho, Pavithra Muthukumar Sathya, and Byung-Taek Oh (Jeonbuk National University)

P9-02 **Bioresource potential of antarctic snow algae: Biomass production, biochemical composition, and antioxidant assay**
Jeongha So, Nam-Ju Lee, Jong Hee Kim, Sanghee Kim, Seulah Lee, and Sung Mi Cho (Korea Polar Research Institute)

P9-03 **산림생물자원 종자 추출물의 페놀성 성분과 항산화 활성 간 상관성**
이화, 이민성, 임미정, 허정훈, 김유정, 나채선 (국립백두대간수목원)

P9-04 **산림생물자원 종자 추출물의 RAW 264.7 대식세포 기반 항염증 활성 스크리닝**
허정훈, 임미정, 김유정, 이민성, 이화, 나채선 (국립백두대간수목원)

P9-05 **야생식물종자 추출물의 생리활성 평가**
임미정, 김유정, 이민성, 허정훈, 이화, 나채선 (국립백두대간수목원)

P9-06 **One Health 관점에서 본 한국인의 GMO 수용성에서 지식, 안전 인식 및 적용 영역의 상대적 역할**
김진희, 구겨아, 김창술 (국립생태원)

P9-07 **AI 활용을 위한 연속지적도 기반 LMO 자연환경 모니터링 데이터 표준화 및 관할기관 분류 모델**
노동현, 박진호, 이은선, 최보연, 김진희 (국립생태원)

P9-08 **가지속 작물과 CWR의 Sclerotinia sclerotiorum 병저항성 및 생육 비교**
안희령, 김준혁, 이태옥, 정규영, 나채선 (국립백두대간수목원)

P9-09 **산림생물자원 종자 추출물의 α-Glucosidase 및 Tyrosinase 저해 활성**
이민성, 임미정, 허정훈, 이화, 김유정, 나채선 (국립백두대간수목원)

P9-10 **Development of a hybrid drug delivery system based on freshwater diatom- derived biosilica and nanostructured lipid carriers for sustained anticancer drug release**
Suk Min Yun, Taek Lee, Yoseph Seo, Wonhwa Lee, Chung Hyeon Choi, Z-Hun Kim, Daeryul Kwon, Sang Deuk Lee, and Chang Soo Lee (Nakdonggang National Institute of Biological Resources)

P9-11 **Impact of pacific abalone (*Haliotis discus hannai*) co-culture on *Ulothrix* spp. growth and water quality in a static-batch aquaculture system**
Patrick Appenteng, HojunLee, TaejunHan, and JihaePark (Ghent University)

P9-12 **Evaluation of TCA cycle-related organic carbon sources for enhanced biomass production in *Haematococcus lacustris***
Ji Eun Jeong, Yeon Woo Jo, and Sang-Ah Lee (Jeju National University)

P9-13 **YOLO 기반 종자 X-ray 영상의 자동 검출·분류를 통한 충실률 분석 시스템 개발**
추예린, 나채선 (국립백두대간수목원)

P1-01

Light wavelength regulates growth and the relative accumulation of saxitoxin and neosaxitoxin in *Centrodinium punctatum* (Dinophyceae)

Hyeon Ho Shin[pc1], Jihoon Lee[2], Zhun Li[3], Kyong Ha Han[4], Minseok Jeong[5], Minjae Kim[6], Kenneth Neil Mertens[7], and Haifeng Gu[8]

[1]Division of Fisheries Life Science, Pukyong National University, Busan 48574, Korea
[2]Marine Biotechnology Research Center, Korea Institute of Ocean Science & Technology, Busan 49111, Korea
[3]Biological Resource Center/Korean Collection for Type Cultures (KCTC), Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology, Jeongeup 56212, Korea
[4]Department of Environmental Sciences, Hanyang University, Seoul 04763, Korea
[5]Institute of Fisheries Sciences, Pukyong National University, Busan 46041, Korea
[6]Library of Marine Samples, Korea Institute of Ocean Science & Technology, Geoje 53201, Korea
[7]Ifremer, COAST, F-29900, Concarneau, France
[8]Key Laboratory of Marine Ecological Conservation and Restoration, Third Institute of Oceanography, Ministry of Natural Resources, Xiamen, 361005, China

Light wavelength is an important environmental factor regulating the physiology of photosynthetic dinoflagellates, yet its effects on the accumulation of individual paralytic shellfish toxin (PST) analogues remain poorly understood. Here, we investigated the effects of monochromatic light at seven wavelengths (450, 465, 500, 525, 600, 620, and 625 nm) on growth, cellular contents and relative abundances of saxitoxin (STX) and neosaxitoxin (NeoSTX), as well as calculated toxicity on these two analogues, in the PST-producing dinoflagellate *Centrodinium punctatum*. Cultures grown under 465 and 500 nm exhibited relatively high growth rates and cell densities, whereas growth was generally reduced under longer wavelengths (600–625 nm). STX and NeoSTX showed distinct wavelength-dependent responses. Cellular STX content ranged from 4.45 to 29.92 fmol cell^{-1} and was highest under 450 nm, whereas NeoSTX content ranged from 29.60 to 69.82 fmol cell^{-1} and reached its maximum under 525 nm. In addition, STX content was positively correlated with growth rate, whereas NeoSTX content showed a negative correlation. Notably, cultures exposed to 600–625 nm contained relatively low proportions of STX and were dominated by NeoSTX, indicating that light wavelength affected the relative abundance of these two toxin analogues. Calculated toxicity based on STX and NeoSTX ranged from 72.72 to 157.50 fmol STXeq cell^{-1} and was highest under 525 nm, primarily reflecting the greater contribution of NeoSTX. These findings demonstrate that light wavelength influences not only the growth of *C. punctatum*but also the cellular accumulation and relative composition of STX and NeoSTX, resulting in wavelength-dependent variation in calculated toxicity.

Corresponding author E-mail: shh961121@pknu.ac.kr

P1-02

Divergent bacterial community structure and discordance between gene detection and culture for *Legionella* across four full-scale drinking water treatment plants

Jae Hong Jeong[p1,†], Min Young Kim[1,†], Min-jeong Kim[1], Jiwon Park[1], Hyoseong Jeong[1], Heuidae Lee[1], Sangjun Park[1], Gyu-Cheol Lee[c1], and Jong-Chan Chae[c2]

[1]Water Environmental Management Department, K-water, Daejeon 34350, Republic of Korea; [2]Division of Biotechnology, Jeonbuk National University, Iksan 54596, Republic of Korea

Drinking water treatment strongly reshapes source water bacterial communities, yet what determines the community persisting to the tap remains unresolved. We surveyed bacterial communities along the full treatment train of four full-scale drinking water treatment plants in Korea differing in source water (river or reservoir) and treatment level (conventional or advanced). Seventy-eight samples from raw water (RW) to tap water (TP) were collected on three occasions in 2025 and analysed by 16S rRNA gene metabarcoding, with parallel *Legionella* culture and total ATP measurement. Observed amplicon sequence variants declined from 1,914 (RW) to 381 in treated water (TW) and 283 (TP) (Friedman test, $p < 0.001$). Community structure differed among RW, TW and TP samples (PERMANOVA, $R^2 = 0.175$, $p = 0.001$), and between-plant Bray–Curtis distance rose from 0.768 (RW) to 0.876 (TW), indicating divergence rather than convergence. Residual chlorine was the environmental variable most consistently associated with community structure across analyses. Despite this divergence, *Phreatobacter* increased at every plant and round, from 0.089% (RW) to 34.3% (TP), occurring in all 24 post-treatment samples. *Legionella* and *Mycobacterium* remained detectable in TW and TP, yet all *Legionella* cultures were negative. Gene detection alone therefore cannot establish viability, and culture-based or viability-resolving assays should accompany molecular surveillance.

[†]These authors contributed equally to this work.

Corresponding author E-mail: gclee@kwater.or.kr

P1-03

국내 분리 살조박테리아 유래 소포 유사 입자의 제조 및 유해 남조류 제어 효과

김귀다[p1], 진언선[c1,2,3]

[1]한양대학교 환경과학과
[2]한양대학교 생명과학과
[3]한양대학교 자연과학연구소

세포외소포(extracellular vesicles, EVs)는 진핵세포와 박테리아를 포함한 다양한 세포에서 자연적으로 방출되는 막성 나노소포로, 단백질, 지질, 핵산 및 대사물질 등 다양한 생리활성 성분을 전달한다. 박테리아가 방출하는 bacterial extracellular vesicles(BEVs) 에도 다양한 생리활성 성분이 포함되어 있으며, 수십에서 수백 nm의 다양한 크기로 존재하는 것으로 보고되었다. 그러나 세포에서 분비되는 EVs는 생산량이 낮고 세포의 종류, 생리적 상태 및 배양조건에 따라 크기와 구성 성분이 달라지는 한계점이 존재한다. 이를 극복하기 위하여 세포 또는 세포막을 물리적으로 가공하여 EVs와 유사한 나노소포를 제조하는 EV-mimetic 기술이 소개되었으며, 보다 높은 생산수율과 제조 용이성을 바탕으로 약물전달, 의약 및 화장품 분야등 다양한 분야에서 연구되고 있다. 본 연구에서는 유해 남조류를 생물학적으로 제어하기 위해 살조활성을 나타내는 박테리아 3종을 분리하였다. 박테리아 균주는 LB배지에서 29 ℃로 48시간 배양한 후, 균체를 회수하여 잔여 배지 성분을 제거하고 동결건조하였다. 동결건조 균체는 BG11 배지에 1% (w/v)로 현탁하였으며, 이 현탁액을 5, 1 및 0.2 μm polycarbonate membrane을 통한 단계적 압출로 소포 유사 입자(vesicle-like particles)를 제작하였다. 압출 전 후의 시료를 남조류 (*Microcystis aeruginosa*, M8)에 농도별로 처리하여 살조활성을 비교하였다. 압출 전 동결건조 균체로 만든 현탁액을 *M. aeruginosa*에 처리 하였을 때, 평균 IC_{50} 는 15.87 ± 4.68 % 로 산출되었다. BCA assay를 통해 단백질 농도를 기준으로 환산한 평균 IC_{50}는 9.30 ± 2.79 μg protein/mL이었다. 이 현탁액을 0.2 μm membrane에 압출 후 살조 활성을 평가한 결과, 평균 IC_{50}는 1.64 ± 0.57 μg protein/mL로, 압출 전과 비교하여 약 82% 감소하였으며, 남조류를 50% 저해하는데 필요한 단백질 농도 역시 5.7배 낮아졌다. 압출물을 SEM으로 분석한 결과, 시료에서 나노 크기의 구형 또는 소포 유사 입자가 관찰되었다. 이러한 결과를 통해 단계적 압출에 따른 박테리아 유래 나노구조체의 형성과 살조 활성의 증가를 확인하였다.

교신저자 E-mail: esjin@hanyang.ac.kr

P1-04

Saline-induced colony evacuation and spatial relocation of the invasive *Paratrechina longicornis* in port container yards

Ho Jin Youn[1], Hogi Lee[2], Sangkoo Park[3], Hyoung-Ho Mo[4], and Min-Hyuk Oh[pc1]

[1]Gimhae District Office, Animal and Plant Quarantine Agency, Gimhae, 50800, South Korea
[2]International Plant-quarantine Accredition Board, Busan, 48400, South Korea
[3]Seoul Regional Office, Ministry of Food and Drug Safety, Seoul, 07978, South Korea
[4]Jungbu Regional Office, Animal and Plant Quarantine Agency, Incheon, 22133, South Korea

The invasive *Paratrechina longicornis* threatens port biosecurity, but chemical control poses ecotoxicological risks. This study evaluated sea water as a sustainable ecological barrier at Busan Port, Korea, tracing the spatial evasion of *P. longicornis* over 12 days using a 2-m grid trap system. In the control (freshwater), ants maintained linear horizontal movement along the resource-rich outer boundary (Row 1). Conversely, saline shock from sea water triggered active orthogonal (inward) evasion. Constrained by concrete blocks, ants migrated into the resource-poor, shaded interior (Rows 2–3) where stacked containers offered a cool microclimate refuge. Notably, in zone 1A-14-1 (initially >1,000 ants with workers carrying broods), a 20-L sea water application forced immediate nest evacuation. On Day 11, inspection near high-capture traps (15, 11, and 4 ants) revealed ~1,000 workers and two queens 6 m inward, confirming a successful 6-m colony-level relocation. These findings demonstrate that sea water saline shock effectively degrades local habitats and induces an active “flushing effect,” serving as a green IPM tool to prevent invasive ant establishment.

Corresponding author. E-mail: minhoh@daum.net

P1-05

해양 독성 와편모조류 알렉산드리움의 탄산탈수효소(*Ap-CAs*) 유전자 및 pH 변화에 따른 반응 연구

김한솔[p1,2], 강희진[1], 이수화[1], 부하리라완무함마드[1,2], 김태희[1], 기장서[c1,2]

[1]상명대학교 생명과학과
[2]상명대학교 자연과학연구소

탄산탈수효소(CA)는 광합성 미세조류의 이산화탄소(CO_2) 농축 과정에 관여한다. 이 효소들은 해수의 낮은 CO2 농도 조건에서 기능하며, pH 조건의 영향을 받는 것으로 알려져 있다. 본 연구에서는 독성 해양 와편모조류인 *Alexandrium pacificum*으로부터 *Ap-αCA, -βCA, -δCA1, -δCA2*라는 4종의 새로운 *CA* 유전자를 확인했다. 계통 발생 및 모티프(motif) 특성을 바탕으로 분석한 결과, 이들 *Ap-CA*는 알파(α), 베타(β), 델타(δ)의 세 가지 유형으로 분류되었다. 신호 펩타이드(signal peptide) 분석을 통해 추정한 각 *Ap-CA*의 세포 내 위치는 엽록체, 세포질, 미토콘드리아 또는 세포 외 공간으로 서로 다를 가능성이 있는 것으로 나타났다. 또한, 다양한 pH 조건에 노출된 세포를 대상으로 광합성 반응과 CA 및 3종의 광합성 관련 유전자(*rbcL, atpB, psbA*)의 전사 수준을 평가했다. *Ap-αCA*와 *Ap-βCA*의 상대적 유전자 발현량은 대조군(pH 8.1) 대비 높은 pH 조건(pH 8.5 및 8.9)에서 증가했으나, 낮은 pH 조건(pH 7.3 및 7.7)에서는 유의미한 변화를 보이지 않았다. 반면, *Ap-δCA*의 발현에는 거의 변화가 없었다. 탄소 고정 유전자 마커인 *rbcL*의 발현 양상은 *Ap-αCA* 및 *Ap-βCA*와 유사했으나, *atpB*와 *psbA*에서는 유의미한 변화가 관찰되지 않았다. 이러한 결과는 pH가 상승함에 따라 광합성에 이용 가능한 CO_2 농도가 감소할 수 있으며, *CA*가 해양 환경에서 탄소 농축 기작(carbon concentrating mechanism)으로서 기능함을 시사한다.

교신저자 E-mail: kijs@smu.ac.kr

P1-06

Preliminary molecular survey reveals 'fine-scale' spatial variation of *Ulva* species across a lagoon–open coast transition in eastern Korea

Hye Jin Park[P], Seo Yeon Park, and Hyuk Je Lee[C]

Molecular Ecology & Evolution Laboratory, Department of Biological Science, Sangji University, Wonju, Korea

Coastal lagoons are dynamic transitional environments where freshwater inputs and restricted exchange with the sea generate pronounced spatial and temporal variability in salinity and hydrodynamic conditions. This environmental heterogeneity strongly influences the distribution of macroalgae, including green macroalgae (Chlorophyta), the genus *Ulva*. Although molecular studies have characterized *Ulva* assemblages across several Korean coastal regions, their fine-scale distribution within coastal lagoon systems remains largely unexplored. We here investigated fine-scale spatial variation in *Ulva* species composition across a lagoon–open coast transition through molecular genetic analysis. Field surveys were conducted in July 2026 at Gyeongpo Lake, a coastal lagoon on the east coast of Korea, and the adjacent Gangmun Beach. A total of 431 *Ulva* specimens were collected across four distinct zones — the lake basin, quadrat sampling sites within the lagoon, Gyeongho Bridge (connecting the lagoon to the coast), and Gangmun Beach. Molecular species identification was conducted using the chloroplast *tuf*A marker. The analysis revealed a clear shift in dominant species along the lagoon–open coast gradient. *Ulva lacinulata* consistently dominated Gyeongpo Lake (~89.7%) and lagoon-connected sites (~77.8%), whereas *Ulva australis* dominated the adjacent open-coast habitats at Gangmun Beach (~73.3%). This pattern demonstrates fine-scale habitat differentiation over 0.65–1.22 kilometers in dominant *Ulva* species between lagoon and open-coast environments. These preliminary results suggest that *Ulva* assemblages vary not only across broad geographic regions but also across fine-scale habitat transitions. The marked dominance of *U. lacinulata* within Gyeongpo Lake may imply an adaptation for lagoon conditions. These findings highlight the importance of micro-habitat variability in the distribution of green tide and provide a basis for further environmental and genetic research across lagoon–open coast systems.

** This work was supported by the Ministry of Oceans and Fisheries of the Republic of Korea (RS-2025-02304432), the Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through the Agriculture and Food Convergence Technologies Program for Research Manpower Development funded by the Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA) (RS-2024-00400922), and the ANCHOR Program through the Gangwon ANCHOR Center funded by the Ministry of Education (MOE) and Gangwon State, Republic of Korea (2026-ANCHOR-10-005).

Corresponding author E-mail: lhjk622@gmail.com, hyukjelee@sangji.ac.kr

P1-07

Algicidal activity of *Brevibacillus* sp. SU1K60-AF2 against *Microcystis*

Yejin Bu[p1], Ve Van Le[1,2], SuminHan[4], and Sang-Ah Lee[c1,2,3]

[1]Interdisciplinary Graduate Program in Advanced Convergence Technology and Science, Jeju National University, 102 Jejudaehak-ro, Jeju 63243, Republic of Korea
[2]Faculty of Biotechnology, College of Applied Life Sciences, Jeju National University, 102 Jejudaehak-ro, Jeju 63243, Republic of Korea
[3]Bio-Health Materials Core-Facility Center, Jeju National University, Jeju, 63243, Republic of Korea
[4]Biomaterials Major Department of Biomaterials Science and Technology, Jeju National University, 102 Jejudaehak-ro, Jeju 63243, Republic of Korea

Harmful algal blooms (HABs) occur frequently due to eutrophication. *Microcystis aeruginosa*is a major bloom forming cyanobacterium that produces a hepatotoxin that poses a risk to aquatic ecosystems and human health. Since conventional treatments may induce cell lysis and toxin release, algicidal bacteria is considered an environmentally friendly alternative. Among the algicidal strains, possessing bacteria both algicidal and microcystin degrading abilities has attracted increasing interest. This study aimed to evaluate the algicidal activity against *M. aeruginosa* and to explore the microcystin degrading ability of the bacterial strain. Furthermore, changes in *sod, rbcL*expression in *M. aeruginosa*suggested potential mechanisms underlying the strain algicidal activity. The strain exhibited algicidal activity against *M. aeruginosa*and showed microcystin degrading potential, accompanied by changes in *sod, rbcL*expression. These results provide baseline data for developing environmentally friendly strategies to control harmful algal blooms and associated cyanotoxins.

Corresponding author E-mail: leesa@jejunu.ac.kr

P1-08

남양주시 소나무재선충병 발생의 공간 분포와 환경 특성

이원규[p], 한승호, 이상철[c]

고려대학교 생명과학대학 환경생태공학과

소나무재선충병은 소나무재선충에 의해 발생하는 주요 산림병해로, 지속적인 예찰과 방제에도 불구하고 이상고온과 현장 투입 예산 감소가 맞물리며 피해지역의 확대가 이어지고 있다. 이에 따라 효율적인 예찰과 방제를 위해 발생지점의 분포 변화와 확산 특성, 발생지역의 환경적 특성을 파악할 필요가 있다. 특히 경기지역은 남부지역과 주요 매개충 및 기주 수종의 구성이 달라 발생 및 확산 양상이 상이할 수 있다. 특히 남양주시의 경우, 경기도에서 비교적 이른 시기부터 소나무재선충병 발생이 확인되었으며, 2017년부터 4년간 발생건수는 24,042건으로 2019년도에 일시적으로 증가 후 감소하였으나, 발생지점의 분포는 2019년 북부지역으로 확대된 이후 2020년에도 유사한 공간적 범위를 보이는 것으로 관찰되어 연도별 발생량과 공간적 분포 변화 간 차이를 함께 살펴볼 필요가 있을 것으로 보인다. 이에 본 연구는 남양주시를 대상으로 2017–2020년간 소나무재선충병 발생지점 자료를 이용하여 연도별 공간적 분포와 발생지점의 환경변수 분석하였다. 발생자료는 지점자료로 변환, 기상자료는 기상청 관측소의 연평균기온, 연평균강수량 및 실효습도 자료를 보간하였으며, 90m 해상도의 국토교통부 수치표고모형으로부터 고도와 경사도를 산출하고 침엽수림 중 기주 수종인 소나무림과 잣나무림을 포함한 주요 임상 유형을 구분 산림청 임상정보 자료를, 도로 접근성 분석에는 도로망 자료를 활용하여 산출하였다. 환경자료는 동일한 투영좌표계로 변환하고 남양주시 연구대상 범위로 추출한 후, 100 m 기준격자와 동일한 셀 크기와 공간적 정렬을 갖도록 정합하였다. 이후 발생지점과의 공간중첩을 통해 각 지점의 환경변수를 추출하였으며, 이를 바탕으로 환경변수와 연도별 발생지점의 분포 변화 양상 간의 상관관계를 분석하였다. 이를 통해 남양주시 소나무재선충병의 지역적 발생 양상을 파악하고, 향후 예찰 및 방제 대상지역의 효율적 관리를 위한 기초자료를 제공하고자 한다.

교신저자 E-mail: slee2024@korea.ac.kr

P2-01

Optimization of *Chlorella* sp. HS19 cultivation using interval light and scale-up in photobioreactor

Yun-Kyoung Kwon[p1], So-Ra Ko[1], and Chi-Yong Ahn[c1,2]

[1]Cell Factory Research Center, Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), Daejeon 34141, Republic of Korea
[2]Department of Environmental Biotechnology, KRIBB School of Biotechnology, University of Science and Technology (UST), Daejeon 34113, Republic of Korea

Chlorella sp. HS19 is a useful microalgal resource for CO_2 fixation and the production of high-value biomass. For stable biomass production and culture system scale-up of microalgae, it is necessary to optimize environmental conditions such as temperature and light intensity, as well as effective management of light-dark cycles and photobioreactor (PBR) operation. In this study, the cultivation and light-dark cycle conditions of *Chlorella* sp. HS19 were evaluated using a PhotoBiobox, CO_2incubator, and PBR. In the PhotoBiobox, changes in OD_{680} were measured over a range of temperature (27–42°C) and light intensity (100–800 μmol m^{-2} s^{-1}) under 2% CO_2. The optimal growth conditions were identified as 34–37°C and 400–500 μmol m^{-2} s^{-1}. Furthermore, the effects of long-term (12 h and 15 min) and short-term (1–15 s) light-dark cycles on growth were compared using 24-well plates and 50-mL T-flasks in a CO_2 incubator. Compared with continuous light condition, the 12-h and 15-min light-dark cycles reduced growth by approximately 40% and 28%, respectively. Under short-term light-dark cycles, growth was largely maintained relative to that under continuous illumination, with the highest relative growth observed at the 1-s interval, reaching 95.2%. In the PBR, growth under the 1-s interval light condition showed an increasing trend over three consecutive batch cultivation cycles. Compared with continuous light, the 1-s interval condition increased average OD_{680} by 6.4% (from 21.74 to 23.13) and achieved a biomass productivity of 1.11 g L^{-1} d^{-1}. Overall, this study provides fundamental cultivation conditions and practical insights into the application of light-dark cycle strategies for efficient *Chlorella* biomass production and PBR scale-up.

Corresponding author E-mail: cyahn@kribb.re.kr

P2-02

Enhanced seed dormancy improves pre-harvest sprouting tolerance in *Brassica napus* through jasmonate-associated transcriptional and epigenetic regulation

Maharajan Theivayanagam, Eun-Kyoung Shin[p], and Soo-In Sohn[c]

Department of Agricultural Biotechnology, National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Jeonju 54874, Republic of Korea

Pre-harvest sprouting (PHS) under humid conditions can substantially impair seed quality and yield stability in *Brassica napus*. However, the genetic mechanisms controlling dormancy during seed maturation remain insufficiently characterized. In this study, we examined the contribution of *TIFY10A*, a jasmonate ZIM-domain (JAZ) family regulator, to seed dormancy using CRISPR/Cas9 knockout lines developed in *B. napus* cv. Yongsan. Three independent T4 homozygous mutants were assessed for germination, developmental traits, gene expression, transcriptomic profiles, and promoter methylation throughout seed maturation. Compared with wild-type plants, the mutants showed delayed and reduced germination under vivipary-inducing conditions, with the differences becoming particularly pronounced at 40–50 days after pollination (DAP). RNA-seq followed by qRT-PCR validation revealed coordinated changes in genes associated with seed maturation, germination, stress responses, and hormone-related processes, indicating substantial remodeling of dormancy-associated regulatory networks following *TIFY10A* loss. Notably, quantitative methylation-specific PCR detected reduced methylation of the *NCED9* promoter during late seed development, reaching 20% of the wild-type level at 50 DAP. Together with increased *NCED9* expression, this pattern suggests enhanced ABA biosynthetic activity associated with the stronger dormant state of the mutants. *TIFY10A* disruption produced no substantial adverse effects on floral development or fertility and was accompanied by increased plant height, longer panicles, and modestly greater branching. These results identify *TIFY10A* as an important modulator of seed dormancy and provide a potential genetic target for reducing PHS susceptibility without major agronomic penalties in rapeseed.

Corresponding author E-mail: sisohn@korea.kr

P3-01

High-tech hide and seek: we know what you did last winter

Jinhwi Kim[pc], Jonghoon Jeon, Yunha Han, Sooahn Heo, Gwangbae Yoon, Areum Kim, Youngmin Kim, Anya Lim, and Donggul Woo

Mammal Restoration Team, Research Center for Endangered Species, National Institute of Ecology, Yeongyang, Gyeongbuk Province 36531, Republic of Korea

The long-tailed goral (*Naemorhedus caudatus*) is an elusive mountain ungulate designated as a Class I Endangered Species in South Korea. Its rugged habitat makes conventional field monitoring particularly challenging. To non-invasively quantify winter behavior, with a focus on feeding ecology, we deployed unmanned aerial vehicles (UAVs) equipped with synchronized thermal and RGB cameras in the steep terrain of Uljin-gun, South Korea. Individuals were located from thermal signatures and subsequently monitored through 15-minute focal sampling bouts using RGB imagery, while minimizing direct human disturbance. Winter activity budgets were heavily dominated by survival-related behaviors, resting (45.1%), feeding (23.4%), and ruminating (20.6%), which together accounted for 89.1% of all observations, with other behaviors constituting minimal proportions. A clear temporal shift was observed, as morning feeding (32.8%) occurred at twice the rate of the afternoon (16.1%), while resting increased later in the day (47.1%). Behavioral allocation also differed by age class: adults spent more time resting (52.4%), whereas juveniles allocated greater proportions of their time to feeding (28.2%) and ruminating (24.5%). Regarding diet, woody branches exhibited the highest median feeding frequency, indicating consistent intake and high dependence by the gorals. Leaf litter recorded the highest total feeding count but was characterized by numerous statistical outliers, with herbaceous vegetation serving as a secondary food source. These results indicate that winter activity was largely characterized by energy conservation and forage acquisition. Our UAV-based thermal-RGB approach enabled efficient behavioral and ecological data collection in steep, inaccessible terrain, reducing the time and labor required for conventional field observations and providing access to ecological information that is otherwise difficult to obtain.

Corresponding author E-mail: jinhooy@nie.re.kr

P3-02

ASF(아프리카돼지열병) 감염 멧돼지 폐사체 발견 지점의 공간 분포 특성과 환경 연관성 분석

황인재[p], 김유진, 이승기, 박선재, 정승규[c]

국립생물자원관 기후환경생물연구과

아프리카돼지열병(ASF)에 감염된 멧돼지 폐사체가 어디에서 발견되는지는 방역과 개체군 관리의 기초자료가 된다. 그러나 폐사체가 발견된 지점이 주변의 멧돼지 이용 가능 환경과 비교해 어떤 환경적 특성과 연관되는지 정량적으로 충분히 밝혀지지 않았다. 본 연구에서는 2026년 상반기 ASF 폐사체 발견지점의 공간 분포를 정리하고, 멧돼지가 이용할 수 있는 영역에서 추출한 배경점과 환경조건을 비교하였다. 대상 자료는 2026년 1월 2일부터 6월 30일까지 기록된 A멧돼지 발견지점은 총 149건이었다. 발견지점은 13개 시·군에 분포하였으며, 강원특별자치도가 91건(61.1%)으로 가장 많았다. 시·군별로는 화천이 52건(34.9%)으로 가장 많았고, 충주 18건(12.1%), 춘천과 포천이 각각 17건(11.4%)의 순이었다. 각 발견지점에서 가장 가까운 다른 발견지점까지의 직선거리를 계산한 결과, 94건(63.1%)이 1 km 이내에 위치하였고 최근접 거리의 중앙값은 0.64 km였다. 따라서 발견기록은 여러 지역에 고르게 분산되기보다는 일부 지역에서 서로 가까운 곳에 기록되는 국지적 밀집 경향을 보였다. 환경 연관성 분석은 각 지점 반경 1 km를 분석단위로 평균 고도, 평균 경사, 산림·농경지·시가화·건조지역 비율, 최근접 하천·도로·양돈농가 거리 등 8개 변수를 이용하여 수행하였다. 배경점은 권역별 100% 최소볼록다각형(MCP)에 1 km 완충구역을 적용해 멧돼지의 이용 가능 영역을 설정한 뒤 그 안에서 무작위로 배경점 745개를 추출하였고, 이를 폐사체 발견 지점과 비교하는 랜덤포레스트 분석을 진행하고 있다. 분석에는 자료 불균형을 고려한 층화 표본추출과 권역 단위 공간블록 교차검증을 적용하며, 변수 중요도와 누적국소효과(ALE)를 결과에서 제시할 것이다. 자료는 상반기에 한정되어 연중으로 일반화하기 어렵고, 지점의 공간적 밀집으로 유효 표본이 작을 수 있다. 또한 폐사체 자료는 수색과 신고에 의존하므로 도로 및 양돈농가 근접성은 멧돼지의 실제 분포뿐 아니라 탐지 용이성을 함께 반영할 수 있다. 따라서 결과는 인과관계가 아닌 상대적 연관성으로 해석한다.

** 본 연구는 국립생물자원관 「야생멧돼지 서식밀도 조사」의 지원으로 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: rsgis@korea.kr

P3-03

Maternal lineages of the threatened reeves' turtle population in the Hansando Island, South Korea

Min-Soo Kwag[1], Da-Bin Kim[1], Chang-Gu Kang[1], Seon-Hong Park[1], Seon-Hui Park[1], Ji-Hye Park[2], Jae-Young Song[3], An-Na Lee[4], Sa-Hyun Lee[4], Doo-Ha Yang[4], and Sang-Hyun Han[pc4]

[1]Hallyeohaesang National Park Eastern Office, Korea National Park Service, Tongyeong 53072, Republic of Korea
[2]Eastern Regional Headquarters, Korea National Park Service, Jinju 52826, Republic of Korea
[3]National Park Research Institute, National Park Service, Wonju 26441, Republic of Korea
[4]National Park Institute for Wildlife Conservation, Korea National Park Service, Gurye 57616, Republic of Korea

This study examined the maternal lineages of a population of Reeves' turtles (*Mauremys reevesii*) found on Hansando Island, South Korea. Mitochondrial DNA cytochrome b gene sequences were identical across all turtles sampled and matched sequences previously reported from the South Korea, reflecting geographic origin. In contrast, D-loop sequences were classified into three haplotypes (NS01, NS02 and NS03) resulting from nucleotide substitutions; these sequences had not been previously reported in South Korea as well as Japan and China. Haplotype diversity was 0.239±0.096 (<0.3), nucleotide diversity was 0.00062±0.00026 (<0.001), and Tajima's *D* was –1.010. In addition, the molecular divergence time between the two sequences was estimated approximately 8-25 KYA. These results suggest that this population may be recently founded by multiple introgression processes, isolated by landscape separation of Hansando Island from the Korean Peninsula after the Last Glacial Maximum by elevation of the sea level, or the possibility that the population diverged internally after arriving on the island cannot be ruled out. Future genetic analyses using expansive samples from nearby geographic locations including the mainland and other surrounding islands of South Korea and more molecular information will provide valuable insights into interpretation of their the migration history and evolutionary divergence of the Hansando Island population.

Corresponding author E-mail: hansh04@knps.or.kr

P3-04

Non-invasive molecular identification for wild bears in South Korea

Tae-Wook Kim, An-Na Lee, Min-Seok Soh, Ju-Yeol Choi, Jong-Baek Kim, Sa-Hyun Lee, Doo-Ha Yang, and Sang-Hyun Han[pc]

National Park Institute for Wildlife Conservation, Korea National Park Service, Gurye 57616, Republic of Korea

This study documented molecular identification for bear hairs collected in the wild at the Jirisan National Park and its surrounding areas, South Korea. Mitochondrial DNA cytochrome B gene sequences were obtained and compared to those previously reported for species identification, and microsatellite genotypes were used for individual identity and parentage test for the Asiatic black bear population restoring in South Korea. Analysis of thirty-six hair samples collected from twenty-six locations identified a total of twenty-one individual bears. Of these, two were bears that had been reintroduced and released, while the others were born in the wild in South Korea. Thirteen of the identified bears were already known, whereas eight bears were newly detected in the wild. The average number of collection events per bear was 1.5±1.08 times/bear. These results suggest that non-invasive analysis of bear hairs may yield information not only on individual identities but also on ecological aspects such as activity ranges of the wild bears. By estimating the population size and understanding the behavioral characteristics of the wild bears, these findings may provide crucial information for developing strategies for population conservation and restoration for thew threatened Asiatic black bears in South Korea.

Corresponding author E-mail: hansh04@knps.or.kr

P3-05

Molecular evidence for occurrence of multiple paternity in the Asiatic black bears reintroduced in South Korea

Tae-Wook Kim, An-Na Lee, Jeong-Jin Yang, Min-Seok Soh, Ju-Yeol Choi, Jong-Baek Kim, Sa-Hyun Lee, Doo-Ha Yang, and Sang-Hyun Han[pc]

National Park Institute for Wildlife Conservation, Korea National Park Service, Gurye 57616, Republic of Korea

This study investigated pedigree-based multiple paternity to understand the breeding ecology of wild Asiatic black bears (*Ursus thibetanus ussuricus*) reintroduced in Jirisan National Park and its surrounding areas, South Korea. A pedigree of all wild-born cubs and their true parents was constructed using genotyping data from twenty microsatellite markers. The results of the parentage analysis showed multiple paternity in three independent litters, estimating that the offspring might be sired by two or more males and one female. The two different mother bears F-18 and F-27 produced two cubs fathered by different two males in 2012, respectively. The other case of multiple paternity of two cubs produced by mother bear F-23 was also found in 2014. Multiple paternity occurred in 8.8% of cases (three of thirty-four litters) with an occurrence rate of 23.1% among the thirteen litters with two cubs. Multiple paternity may increase the genetic diversity and population viability. Further studies on breeding patterns using additional genetic and spatial analyses in the entire population, will provide important information necessary for the conservation of the threatened Asiatic black bear.

Corresponding author E-mail: hansh04@knps.or.kr

P3-06

Temperature-dependent embryonic development and transcriptomic responses in two *Ephemera species*

Ji Hyoun Kang[pc1], Inseo Kim[2], Hyun Park[2], Jeong Mi Hwang[1], and Yeon Jae Bae[1,3]

[1]Korean Entomological Institute, Korea University, Seoul 02841, Korea
[2]Department of Biotechnology, College of Life Sciences and Biotechnology, Korea University Seoul 02841, Korea
[3]College of Life Sciences and Biotechnology, Korea University, Seoul 02841, Korea

Two burrowing mayflies, *Ephemera orientalis* and *E. strigata*, show different distribution patterns across freshwater habitats in Korea and may differ in their developmental responses to temperature. We compared major changes in embryonic development and hatching between the two species at 15 °C and 25 °C and examined transcriptomic changes at two distinct developmental stages. Transcriptome profiling revealed clear stage-dependent shifts in gene expression during embryogenesis and hatching. Genes involved in cellular differentiation, cuticle formation, muscle development, energy metabolism, and stress responses showed pronounced temporal changes during embryonic development. Comparative analyses revealed both shared and species-specific expression patterns, suggesting conserved developmental processes alongside differences in temperature-responsive regulation between the two species. These findings provide insight into the molecular mechanisms underlying embryonic development and thermal responses in *Ephemera* and suggest that species-specific developmental responses to temperature may contribute to differences in their habitat distribution and shape their responses to ongoing environmental changes in freshwater ecosystems under climate change.

** This work was supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) grant fundede by the Korea government (MSIT) (RS-2024-00350469).

Corresponding author E-mail: jihyounkang@korea.ac.kr

P3-07

Population genomic structure of the invasive yellow-legged hornet (*Vespa velutina nigrithorax*) across urban landscapes in Seoul

Ji Hyoun Kang[pc1], Hyeonsuk An[1,2], Jeong Mi Hwang[1], Wooseong Kim[3], Yeon Jae Bae[1,3], Moon Bo Choi[2], Min Jeong Baek[4], and Sun-Jae Park[4]

[1]Korean Entomological Institute, Korea University, Seoul 02841, Korea
[2]Kyungpook National University, Daegu 41566, Korea
[3]Division of Environmental Science & Ecological Engineering, Korea University, Seoul 02841, Korea
[4]Climate Change and Environmental Biology, National Institute of Biological Resources, Incheon 22688, Korea

Urbanization can alter habitat connectivity, resource availability, and dispersal, potentially shaping the population genomic structure of invasive species. Here, we investigate genomic variation in the invasive yellow-legged hornet, *Vespa velutina nigrithorax*, across urban and non-urban environments in the Seoul metropolitan area, South Korea. A total of 60 individuals from six populations were analyzed using genotyping-by-sequencing (GBS). Genome-wide SNP data will be used to compare genetic diversity, population differentiation, and individual ancestry between urban and non-urban populations through population genomic analyses including PCA, admixture analysis, and estimates of genetic differentiation. This study aims to determine whether urbanization promotes genomic differentiation or whether high dispersal and connectivity maintain genetic homogeneity across heterogeneous landscapes. The results will provide insight into the population dynamics and adaptive potential of this highly invasive hornet in urban environments.

** This work was supported by the National Institute of Biological Resources (NIBR) (NIBR202605101), and the National Research Foundation of Korea (NRF) grant funded by the Korean government (MSIT) (RS-2024-00350469).

Corresponding author E-mail: jihyounkang@korea.ac.kr

P3-08

Unraveling potential hybridization between *Zacco koreanus* and *Zacco temminckii* in the Nakdong river system through mitonuclear and microsatellite analyses

Young Rae Kim[p], Yu Rim Kim, and Hyuk Je Lee[c]

Molecular Ecology and Evolution Laboratory, Department of Biological Science, Sangji University, Wonju 26339, Republic of Korea

Hybridization between distinct species or genetically divergent populations plays a significant role in generating biodiversity and evolutionary novelties. In freshwater fishes, this process is often facilitated by shared life history traits, overlapping spawning behaviors, and habitat sympatry. *Zacco koreanus* and *Z. temminckii* (family Xenocyprididae) are morphologically similar cyprinids with broadly overlapping distribution ranges. We previously sampled three sympatric populations from the Nakdong River system: Oeseocheon (Sangju), Pungsancheon (Andong), and Singokcheon (Gumi). Phylogenetic comparisons between mitochondrial COI and nuclear RAG1 markers revealed incongruent species assignments for several individuals, indicating mitonuclear discordance potentially resulting from natural hybridization or historical introgression. Because few-locus markers lack the resolution in determining hybrid status or ancestry, we genotyped these sympatric populations including all discordant individuals at nine microsatellite loci. We assessed genetic diversity, population differentiation, and individual ancestry assignments, directly comparing results of microsatellite patterns with those of COI and RAG1. High-throughput population genomics analyses are planned to further clarify genome-wide introgression patterns and speciation dynamics.

** This research was supported by Basic Science Research Program through the National Research Foundation of Korea (NRF) funded by the Ministry of Education (RS-2024- 00412091, RS-2026-25562750, and RS-2026-25562078) and the ANCHOR program through the Gangwon ANCHOR Center, funded by the Ministry of Education (MOE) and the Gangwon State (G.S.), Republic of Korea (2026-ANCHOR-10-005).

Corresponding author E-mail: lhjk622@googlemail.com

P3-09

Long-term genetic monitoring of the endangered Manchurian trout *Brachymystax lenok tsinlingensis*

Ji Eun Jang[pc1], Hyuk Je Lee[2], Seoghyun Kim[3], Mu Sung Sung[4], Jong Min Park[1], and Ga In Sung[5]

[1]National Park Research Institute, Korea National Park Services, Wonju 26441, Korea
[2]Molecular Ecology and Evolution Laboratory, Department of Biological Science, Sangji University, Wonju 26339, Korea
[3]Department of Biological Sciences, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea
[4]Muldeuli Research, Icheon 12607, Korea
[5]Department of Smart Farm Life Science, College of Life and Environmental Sciences, Sangji University, Wonju 26339, Korea

Genetic diversity is a key component of population persistence and adaptive potential, highlighting the importance of maintaining genetic variation for the conservation of endangered species. The Manchurian trout, *Brachymystax lenok tsinlingensis*, is an endangered species in South Korea that has experienced substantial declines in distribution and abundance. Conservation efforts have included the protection of source populations and the introduction or reintroduction of individuals into suitable habitats. However, long-term changes in genetic structure associated with different population histories remain poorly understood. A previous study investigated seven populations and provided a basis for identifying source, introduced, and reintroduced populations based on mitochondrial DNA control region and eight microsatellite markers. To examine temporal changes in genetic diversity and population genetic structure, we conducted long-term monitoring of the same seven populations. Samples collected during three periods (2013–2015, 2017–2019, and 2023–2025) were analyzed to evaluate temporal changes in genetic composition across the seven populations. By integrating genetic data collected over more than a decade with previously established population origins and management history, this study aims to characterize temporal changes in the genetic structure of *B. lenok tsinlingensis* and contribute to effective genetic monitoring and conservation strategies for this endangered species.

Corresponding author E-mail: jieunjang@knps.or.kr

P3-10

Mitochondrial diversity and phylogeographic structure of the long-tailed goral in South Korea

Dae Ho Kim[p1], Tae-Wook Lim[2], An-Na Lee[2], Yu Rim Kim[1], Sa-Hyun Lee[2], Doo-Ha Yang[2], Sang-Hyun Han[2], and Hyuk Je Lee[c1]

[1]Molecular Ecology and Evolution Laboratory, Department of Biological Science, College of Life and Environment, Wonju 26339, Republic of Korea
[2]National Park Institute for Wildlife Conservation, Korea National Park Service, Gurye 57616, Republic of Korea

This study analyzed genetic diversity and phylogeographic structure of three natural populations of the endangered long-tailed goral in South Korea based on the sequence variations of mitochondrial cytochrome *b* (*cyt b*) and control region (CR). The *cyt b* sequences (817 bp) yielded three haplotypes, including one common haplotype shared by all three populations that accounted for 78.1% of all individuals. The CR sequences (848 bp) yielded 36 haplotypes, of which only one was shared by all three populations (Seoraksan, Taebaeksan and Juwangsan), accounting for 13.6% of all individuals. For *cyt b*, only one private haplotype was detected in Seoraksan, whereas private CR haplotypes were found in all three populations (Seoraksan, 22; Taebaeksan, 4; Juwangsan, 6). In addition, one *cyt b* haplotype and three CR haplotypes were shared exclusively by Taebaeksan and Juwangsan, whereas no haplotype was shared exclusively between Seoraksan and either of the other populations. These results suggest greater sharing of maternal lineages between Taebaeksan and Juwangsan than between either of them and Seoraksan. Overall, mitochondrial lineages appeared to be geographically structured, which may reflect limited female-mediated gene flow among populations. These findings suggest that conservation strategies should aim to maintain habitat connectivity while preserving region-specific genetic variation. Analysis of nuclear microsatellite markers are now underway to determine more precisely population connectivity, genetic structure, and genetic diversity.

** This research was supported by the “Long-tailed Goral Ecological Corridor Restoration Project (2026)” of the Korea National Park Service, under the Ministry of Climate, Energy and Environment’s “Endangered Wildlife Propagation and Restoration Program” and also partly by the ANCHOR program through the Gangwon ANCHOR Center, funded by the Ministry of Education (MOE) and the Gangwon State (G.S.), Republic of Korea (2026-ANCHOR-10-005).

Corresponding author E-mail: hyukjelee@sangji.ac.kr

P3-11

붉은여우의 방사시기별 초기 분산행동의 특성

정상민[p], 채승훈, 양예덕, 유두희, 권준혁, 김형진, 김혜리, 배성근,
김태욱, 이사현, 양두하, 한상현[c]

국립공원공단 국립공원야생생물보전원

2000년대 초반 절멸한 것으로 추정되는 멸종위기종 붉은여우를 복원하는 과정에서 수집된 자료를 이용하여 방사시기에 따른 초기 분산행동 특성을 파악하고자 하였다. 방사정보와 방사 후 위치정보는 2012년부터 2026년까지 수집한 자료를 이용하였다. 방사시기(여름, 가을, 겨울)에 따른 방사 후 공간적 확산 차이를 확인하기 위해 10일 단위로 120일까지 방사지로부터 이격직선거리와 분산 방향성, 방향분포를 분석하였다. 이격직선거리 분석결과, 수컷은 방사 후 40, 50, 60, 70, 100일에 여름 방사개체들과 겨울 방사개체들 사이에서 유의적인 차이를 보였으며($p < 0.05$), 겨울 방사개체들이 여름 방사개체들보다 멀리 분산하였다. 암컷은 70, 80, 100일에 여름 방사개체들과 겨울 방사개체들 사이에서 유의적인 차이를 보였으며($p < 0.05$), 겨울 방사개체들이 여름 방사개체들보다 멀리 분산하였다. 이외 방사시기에서는 유의한 차이를 보이지 않았다($p > 0.05$). 분산 방향성(0~360°) 분석결과, 여름 방사개체들 수컷에게서 방사 후 50일($p < 0.05$, $r = 0.31$)에 유의적인 차이를 보였다. 여름 방사개체들 암컷에게서 방사 후 20일($p < 0.05$, $r = 0.43$)과 90일($p < 0.05$, $r = 0.45$)에 유의적인 차이를 보였다. 이외 방사시기에서는 유의한 차이를 보이지 않았다($p > 0.05$). 방사시기 간 방향분포 분석결과, 수컷과 암컷 모두에서 유의적인 차이를 보이지 않았다($p > 0.05$). 연구결과, 방사시기는 분산 방향성과 방향분포보다 이격직선거리에 영향을 주는 요인으로 보인다. 여름과 가을 방사개체들보다 겨울 방사개체들에게서 방사지로부터 이격직선거리가 증가하였고, 환경 적응과 먹이 활동, 교미상대 탐색 행동이 복합적으로 연관된 것으로 추정된다. 이 연구결과는 야생에 방사된 붉은여우들의 초기 분산행동을 예측하는데 필요한 기초자료로 활용할 수 있을 것이다.

교신저자 E-mail: hansh04@knps.or.kr

P3-12

야생 붉은여우의 연주기 생활사에 따른 행동특성

정상민[p1], 안진석[1], 채승훈[1], 정창민[1], 배성근[1], 이사현[1], 양두하[1], 김태욱[1], 임치홍[c2], 한상현[c1]

[1]국립공원공단 국립공원야생생물보전원
[2]서울여자대학교 생명환경공학과

이 연구는 붉은여우의 연주기별, 월별 공간 생태를 파악하기 위해 일일 이동거리와 핵심행동권 크기 변화를 분석하였다. 일일 이동거리는 일 간격이 1일인 경우에만 위치정보 간 직선거리를 산출하였고, 핵심행동권 크기는 50% MCP, 50% KDE 방법을 이용하여 추정하였다. 일일 이동거리는 임신-출산기에 가장 길었고 교미기, 양육기 순이었다($p < 0.001$). 핵심행동권은 임신-출산기에 가장 넓었고 교미기, 양육기 순이었다($p < 0.001$). 교미기에 증가하는 이동량은 번식 기회 탐색과 경쟁으로 인한 것으로 보이며, 임신-출산기에 증가하는 이동량은 임신 유지, 자원 확보, 출산지 탐색, 일부 개체의 지속적인 번식 행동 때문으로 보인다. 양육기에 가장 적은 일일 이동량은 새끼 양육을 위해 새끼의 주변에서 활동하기 때문으로 보인다. 교미기 핵심행동권의 확장은 교미 상대 탐색 및 종 내 경쟁과 관련이 있는 것으로 보인다. 임신-출산기 핵심행동권이 더욱 넓어진 것은 출산지 탐색과 임신 유지, 태아를 발달시키기 위한 자원 확보 때문일 수 있다. 또한, 교미기 후반에 암컷 상태에 따라 수컷이 번식 성공을 극대화 하기 위한 전략일 수 있다. 반면, 양육기 동안 핵심행동권이 좁아진 것은 새끼 양육을 위해 활동 범위를 좁혀 출산지 주변에서 활동했기 때문으로 보인다. 이 연구결과는 국외에서 보고된 붉은여우와 다른 식육목 야생동물 연구와도 유사하였다. 대한민국에서 복원 중인 붉은여우 개체군이 연주기 생활사 단계에 따라 일반적인 개과 야생동물의 특성을 보이고 있어 야생에 적응한 것으로 판단된다. 이 연구결과는 야생에서 서식하고 있는 붉은여우의 연주기 행동생태를 이해하는 데 도움을 줄 것이다.

교신저자 E-mail: 임치홍: chlim@swu.ac.kr / 한상현: hansh04@knps.or.kr

P3-13

벌크 및 아미노산 질소 안정동위원소를 활용한 산양의 영양 스트레스 평가

원은지[p1,2], 우동걸[3], 조하은[1], 한윤하[3], 윤희영[1,2], 신경훈[c1]

[1]한양대학교 해양융합과학과
[2]한양대학교 ERICA 창의융합교육원
[3]국립생태원 멸종위기종복원센터 포유류복원팀

겨울철 먹이 부족은 야생 초식동물의 생존을 위협하며, 폐사 원인을 이해하기 위해서는 영양 결핍에 수반되는 대사 변화를 평가할 필요가 있다. 본 연구는 산양 폐사체의 벌크 및 아미노산별 안정동위원소 조성을 이용하여 영양 스트레스와 관련된 대사 변화의 탐지 가능성을 평가하였다. 겨울철 폐사한 산양 중 영양 결핍이 의심되는 개체와 다른 계절에 확보된 대조군 후보 개체(로드킬 사망 개체)의 근육 조직을 대상으로 아미노산 함량, 벌크 탄소·질소 안정동위원소비($\delta^{13}C$, $\delta^{15}N$), 아미노산별 $\delta^{15}N$을 분석하였다. 총 아미노산 함량은 대조군에서 평균 442 mg/g, 영양 결핍 의심군에서 415 mg/g으로 나타났으나, 개체 간 변동이 커 뚜렷한 고갈 양상은 관찰되지 않았다. 반면, 영양 결핍 의심군의 valine, aspartic acid 및 glutamic acid $\delta^{15}N$은 대조군보다 각각 3.25‰, 2.03‰ 및 2.14‰ 높았다($p<0.05$). Valine의 상대적 함량은 유사하였으나 $\delta^{15}N$은 증가하였으며, 먹이원 질소 동위원소 조성을 반영하는 phenylalanine에서는 유의한 차이가 나타나지 않았다. 벌크 $\delta^{13}C$의 집단 간 차이는 작았고, 벌크 $\delta^{15}N$은 영양 결핍 의심군에서 높은 경향을 보였다. Glutamic acid와 phenylalanine의 $\delta^{15}N$ 차이로 산정한 영양단계 역시 대조군의 평균 1.84에서 영양 결핍 의심군의 2.21로 높아져, 영양 스트레스에 따른 대사 변화가 동위원소 기반 영양단계 추정에 영향을 줄 가능성을 보여주었다. 이러한 결과는 먹이원 차이와 함께 체내 단백질 분해, 아미노산 대사 회전 및 질소 재순환의 변화를 고려할 필요가 있음을 시사한다. 본 연구는 아미노산별 $\delta^{15}N$이 함량 분석을 보완하여 야생 산양의 영양 스트레스를 평가하는 지표로 활용될 가능성을 제시하며, 향후 대조군 확대와 독립적인 영양상태 지표를 통한 검증이 필요하다.

교신저자 E-mail: shinkh@hanyang.ac.kr

P4-01

Role of 9,10-KODA produced by the tonoplast-localized 9-lipoxygenase *ZmLOX5* in maize defense against insect herbivory

Haeun Kim and Yong-Soon Park[pc]

Depatment of Plant Resources, Kongju National University, Yesan 32439, Korea

13-lipoxygenases (LOXs) initiate the synthesis of jasmonic acid (JA), the best-understood oxylipin hormone in herbivory defense. However, the roles of 9-LOX-derived oxylipins in insect resistance remain unclear. Here, we report a novel anti-herbivory mechanism mediated by a tonoplast-localized 9-LOX, ZmLOX5, and its linolenic acid-derived product, 9-hydroxy-10-oxo-12(Z), 15(Z)-octadecadienoic acid (9,10-KODA). Transposon-insertional disruption of *ZmLOX5* resulted in the loss of resistance to insect herbivory. *lox5* knock-out mutants displayed greatly reduced wound-induced accumulation of multiple oxylipins and defense metabolites, including benzoxazinoids, abscisic acid (ABA) and JA-isoleucine (JA-Ile). However, exogenous JA-Ile failed to rescue insect defense in *lox5* mutants, while applications of 1 μM 9,10-KODA or the JA precursor, 12-oxo-phytodienoic acid (12-OPDA), restored wild-type resistance levels. Metabolite profiling revealed that exogenous 9,10-KODA primed the plants for increased production of ABA and 12-OPDA, but not JA-Ile. While none of the 9-oxylipins were able to rescue JA-Ile induction, the *lox5* mutant accumulated lower wound-induced levels of Ca^{2+}, suggesting this as a potential explanation for lower wound-induced JA. Seedlings pretreated with 9,10-KODA exhibited rapid or more robust wound-induced defense gene expression. In addition, an artificial diet supplemented with 9,10-KODA arrested fall armyworm larvae growth. Finally, analysis of single and double *lox5* and *lox10* mutants showed that *ZmLOX5* also contributed to insect defense by modulating *ZmLOX10*-mediated green leaf volatile signaling. Our study uncovered a previously unknown antiherbivore defense and hormone-like signaling activity for a major 9-oxylipin α-ketol.

Corresponding author E-mail: yspark2005@kongju.ac.kr

P4-02

Deciphering the non-overlapping roles of *ZmLOX4* and *ZmLOX5* in maize immune responses

Taehee Jin and Yong-Soon Park[pc]

Department of Plant Resources, Kongju National University, Yesan 32439, Korea

Plant lipoxygenases (LOXs) are non-heme iron-containing dioxygenases that catalyze the hydroperoxidation of polyunsaturated fatty acids, initiating the biosynthesis of functionally diverse oxylipins. This study elucidates the biochemical, molecular, and physiological roles of a segmentally duplicated pair of 9-LOXs, ZmLOX4 and ZmLOX5, in maize host defenses against fungal pathogens and insect herbivores. Using near-isogenic wild-type and mutant lines, we provide genetic evidence that ZmLOX5 is a key regulator of insect resistance, primarily by modulating wound-induced jasmonic acid (JA) biosynthesis. Intriguingly, ZmLOX5-mediated metabolism conversely enhances susceptibility to the foliar fungal pathogen *Colletotrichum graminicola*, whereas ZmLOX4 appears to have evolved a specialized defense function against the same pathogen. Furthermore, while *lox4* and *lox5* mutants exhibited contrasting phenotypes in their ability to support *Aspergillus flavus* conidiation and kernel colonization, they showed a shared increase in susceptibility to *Fusarium verticillioides*. Collectively, our findings demonstrate that these two paralogous 9-LOXs have undergone functional specialization, exerting distinct and sometimes opposing regulatory effects on plant-pathogen and plant-insect interactions.

Corresponding author E-mail: yspark2005@kongju.ac.kr

P4-03

Complete chloroplast genomes of three *Vigna* Savi species distributed in Korea and phylogenetic relationships within the genus

Ji Eun Kim[p], Min Su Jo, Kyeong Bae Nam, Jun Hyeok Kim, and Chae Sun Na[c]

Wild Plant Seed Division, Baekdudaegan National Arboretum, 36209, Korea

The genus *Vigna* Savi (Fabaceae) includes several economically important crops, such as cowpea and beans, as well as their crop wild relatives (CWRs). Understanding the phylogenetic relationships between CWRs and cultivated species is important for their conservation and potential use in crop improvement. We analyzed the complete chloroplast genomes of *V. angularis*, *V. minima*, and *V. vexillata* var. *tsusimensis*, including the first complete chloroplast genome reports for *V. minima* and *V. vexillata* var. *tsusimensis*. The chloroplast genomes ranged from 151,851 to 151,901 bp in length and exhibited a highly conserved quadripartite structure. Phylogenetic analysis including 6 landraces revealed that *V. vexillata* var. *tsusimensis* was closely related to *V. umbellata* (rice bean), whereas *V. minima* was closely related to *V. unguiculata* (cowpea). These findings provide genomic evidence of close relationships between Korean *Vigna* CWRs and cultivated species, supporting their conservation and potential utilization as genetic resources for crop improvement.

** This research was funded by the “R&D Program for Forest Science Technology (Project No. RS-2021-KF001796)” supported by the Korea Forest Service (Korea Forestry Promotion Institute)

Corresponding author E-mail: chaesun.na@koagi.or.kr

P4-04

한반도 분포 잔개자리의 환경영향에 따른 형질 변이 분석

조민수[p], 김준혁, 추예린, 김지은, 안희령, 김시은, 이지훈, 김승희,
이태옥, 홍미현, 권소영, 하늘, 나채선[c]

국립백두대간수목원 야생식물종자실

본 연구에서는 한반도에 광범위하게 분포하는 잔개자리(*Medicago luplina* L.)를 대상으로 19개의 집단을 선정하여 종자 외부 형태학적 형질의 환경변수에 따른 변이를 분석하고자 하였다. 시료는 2021년부터 수집되어 국립백두대간수목원 시드뱅크에 저장 중인 잔개자리 종자를 이용하였다. 형태학적 형질을 파악하기 위하여 스펙트럼이미지분석기와 광디지털현미경을 이용하여 기본 형질을 측정, 분석하였고, 측정된 43개 변수 중 상관성 및 다중공선성 제거를 통해 12개의 독립된 변수를 선정하였다. 환경변수의 경우, 국토지리원의 등고선도를 이용하여 10m DEM을 제작하였고, 이를 통해 고도, 경사, 방위, 일조량, 지형복잡도(TRI)를 계산하였다. 또한, Landset 위성의 이미지 밴드를 이용한 식생지수(OSAVI), 수분지수(NDMI)를 한국지질자원연구원으로부터 확보하였다. 집단의 채집지를 기준으로 집단 내・외 분석 결과, 밝기변수인 CIELab L 등 6개 형질에서 집단 간의 차이가 있음이 확인되었다. 집단 간 차이가 있는 6개의 형태학적 형질과 환경변수 7개와의 상관관계 분석 결과, 식생의 경우 종자의 CIELab L과 0.504로 가장 높은 상관관계를 나타내고 있음이 확인되었다. 그러나, 각 형태 변수들이 단일 환경변수와 상대적으로 약한 상관관계를 갖는 것이 확인됨에 따라, 단일 변수가 아닌 복합변수에 대한 변이를 분석했다. 복합변수에 대한 회귀분석 결과, CIELab L이 경사, 식생, 수분의 회귀식에 대해 80%의 가장 높은 설명력을 갖는 것을 확인하였다. 추가적으로, CIELab L과 상관성이 높았던 종자 색상의 19개 파장에 대해 분석한 결과, 파장에 따른 각 색상(470 ~ 570nm, 640 ~ 780nm)과도 관련이 있음이 확인되었고, CIELab L과 더불어 형태복합변수로 분석한 회귀식의 경우에는 82%의 높은 설명력이 확인되었다. 이로부터 잔개자리 종자의 밝기와 특정 가시광선 영역의 색상이 환경변수의 영향을 받을 수 있다는 것을 의미한다.

** 본 연구는 산림 내 작물 재래원종 확보 및 활용 지원 사업(사업번호: RF-2021-KF001796)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

교신저자 E-mail: chaesun.na@koagi.or.kr

P4-05

산림 내 작물 재래원종(CWR) 개자리속 식물의 미래 잠재서식지 변화 및 종자 휴면·발아 특성

남경배[p], 김가은, 김준혁, 김지은, 조민수, 나채선[c]

한국수목원정원관리원 국립백두대간수목원 산림생물자원본부 야생식물종자실

개자리속(*Medicago*)은 콩과(Fabaceae)에 속하며 온대·아열대 유라시아 및 북아프리카를 중심으로 약 90종이 분포한다. 일부 종은 사료작물로 이용되며, 산림 내 작물 재래원종(Crop Wild Relatives, CWR) 자원으로서 보전·활용 가치가 높다. 본 연구는 CWR로 선정된 개자리속 식물을 대상으로 기후변화에 따른 미래 잠재서식지 변화와 종자 휴면·발아 특성을 분석하였다. 종분포모델링은 잔개자리(*M. lupulina*), 좀개자리(*M. minima*), 개자리(*M. polymorpha*), 노랑개자리(*M. ruthenica*)를 대상으로 MaxEnt, Random Forest 등 5개 알고리즘의 앙상블 모델을 구축하고, 5개 GCM과 4개 SSP 시나리오를 적용하여 2021~2100년의 변화를 예측하였다. 미래 적합지는 종별로 상이하여 잔개자리는 고배출 시나리오에서 중북부 적합성이 감소하고 남부 해안·저지대로 적합성 중심이 이동하는 경향을 보였다. 좀개자리와 개자리는 제주 및 남부 연안, 노랑개자리는 제주를 중심으로 고적합지가 비교적 안정적으로 유지되었다. 발아시험에서 무처리 종자는 발아가 낮았으나 파상처리 후 자주개자리와 잔개자리는 각각 87~100%, 93~100%의 높은 발아율을 보여 물리적 휴면 특성이 확인되었다. 파상처리 후 최종 발아율은 온도 조건 간 차이가 크지 않았으나 발아 속도가 달랐고, 자주개자리는 15~25℃ 및 25/15℃에서, 잔개자리는 30~35℃ 및 30/15~35/20℃에서 가장 빠르게 발아하였다. 특히 잔개자리의 높은 온도 조건에서의 빠른 발아 특성과 미래 잠재서식지가 남부 해안·저지대 중심으로 재편되는 예측이 함께 나타났다. 이러한 결과는 개자리속 CWR의 보전·활용 시 종별 미래 서식지 변화와 휴면 해제 후 발아 온도 반응을 함께 고려할 필요가 있음을 시사한다.

** 본 연구는 산림청(한국임업진흥원) 산림과학기술연구개발사업(RS-2021-KF001796)의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 Email: chaesun.na@koagi.or.kr

P4-06

Complete chloroplast genome of *Ligularia taquetii*(H.Lév. & Vaniot) Nakai (Asteraceae) and its phylogenetic relationships with closely related taxa

Yoo Jung Park[p], Jaeeun Choi, Ye-Jin Yoon, and Kyeong Sik Cheon[c]

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

Ligularia taquetii (H.Lev. & Vaniot) Nakai (Asteraceae) is a perennial herb endemic to Korea, restricted to a few localities on Jeju Island and in Gangwon, Jeollanam, and Gyeongsangnam Provinces, and an important medicinal plant resource. We sequenced the complete chloroplast genome of *L. taquetii* to clarify its relationship with the morphologically similar *L. mongolica* and compared it with published congeneric genomes. The genome was 151,150 bp long, with the typical quadripartite structure and 114 unique genes: 80 protein-coding, 30 tRNA, and 4 rRNA genes. The standard gene set was duplicated in the IR, and *ycf1*/*rps19* partially duplicated at the boundary; no unusual losses or copy changes were found, consistent with high sequence identity among *Ligularia* chloroplast genomes. Phylogenetic analysis using complete chloroplast genomes showed *L. taquetii* resolved as sister to a clade of *L. intermedia*, *L. jaluensis*, *L. stenocephala*, *L. fischeri*, and *L. biceps*, with *L. mongolica* sister to this entire group. Despite the high sequence identity, *L. mongolica* and *L. taquetii* did not form a single clade, suggesting the two may not be conspecific; further study is warranted.

** This research was supported by Korea Institute of Planning and Evaluation for Technology in Food, Agriculture and Forestry (IPET) through Agriculture and Food Convergence Technologies Program for Research Manpower Development Program (or Project), funded by Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA) (grant number RS-2024-00400922).

Corresponding author E-mail: cheonks@sangji.ac.kr

P4-07

Genetic diversity and population structure of *Tripterospermum japonicum* (Siebold & Zucc.) maxim. using 3RAD-Seq

Yoo Jung Park[p], Halam Kang, and Kyeong Sik Cheon[c]

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

Tripterospermum japonicum (Siebold & Zucc.) Maxim. occurs only in Japan and Korea, and in Korea is known only from Ulleungdo Island and a few localities on Jeju Island. It is Near Threatened per the Korea Forest Service but Least Concern per the Ministry of Environment, and conservation research is virtually nonexistent. We conducted a population genetic study using 3RAD-Seq to inform a conservation strategy. F_{IS} was negative in all populations, indicating little inbreeding. AMOVA showed most variation (80%) arose within individuals rather than among populations. PCoA clearly separated the Ulleungdo and Hokkaido (Japan) populations from the rest, corroborated by ADMIXTURE and UPGMA, whereas the three Jeju populations were admixed. Pairwise F_{ST} and gene flow tracked geographic distance, increasing and decreasing, respectively, with distance. These results clearly distinguish the Ulleungdo and Jeju populations; the Jeju populations, the core of the species' Korean range, showed relatively low diversity, indicating a need for long-term enhancement. Gene flow between Jeju and Ulleungdo was minimal, suggesting the two regions be managed as separate conservation units.

** This work was supported by a grant from the National Institute of Biological Resources (NIBR), funded by the Ministry of Environment (MOE) of the Republic of Korea (NIBR202505202).

Corresponding author E-mail: cheonks@sangji.ac.kr

P4-08

환경변수 기반 계층적 군집분석을 이용한 설악산국립공원 식생유형 재분류

최대훈[pc], 명현호

국립공원공단 국립공원연구원

설악산국립공원은 한반도 산악식생의 수직적 분포가 압축적으로 나타나는 대표적 산악 보호지역이다. 특히 아고산 식생은 기후변화에 민감할 가능성이 높아, 식생분포 변화 예측과 취약지역 평가를 위한 분석체계 구축이 필요하다. 그러나 정밀식생도는 상관식생을 기준으로 식물군락이 세분화되어 군락유형 코드가 수백 개에 이르며, 이를 예측모델의 반응변수로 직접 활용할 경우 표본 부족과 통계적 불안정성이 발생할 수 있다. 이에 본 연구는 정밀식생도의 자연식생유형을 대상으로 환경적 유사성에 기반한 식생유형 재분류를 수행하였다. 분석을 위해 정밀식생도와 기후·지형·토양·태양복사 등 총 109개 환경변수를 30 m 격자 단위로 결합하고, 변수 간 상관분석을 통해 절대상관계수 0.85 이상인 변수 쌍은 다중공선성 방지를 위해 입력자료에서 제외하였다. 식물군락 유형별 환경특성값을 산출하여 z-score 표준화를 실시하고, 유클리드 거리 기반 Ward 최소분산법의 응집형 계층적 군집분석을 수행하였으며, 적정 군집 수(k)는 k=2–8 범위에서 silhouette score가 최대가 되는 지점으로 결정하였다. 그 결과 7개 자연식생유형으로부터 총 19개의 환경적 하위군집(sub-cluster)이 도출되었다. 산지습성림은 7개 하위군집(k=7, silhouette 0.121)으로 세분화되어 수분조건, 지형적 위치 및 에너지 환경에 따른 내부 이질성이 크게 나타났고, 나머지 유형은 각 2개 하위군집으로 구분되었다(silhouette 0.138–0.327). 대부분의 유형에서 하나의 우점 군집이 격자의 대부분을 차지하는 비대칭적 군집구조가 확인되었으며, 아고산대 식생과 관목림의 일부 군집은 한랭·건조하고 노출도가 높은 입지환경의 공통 특성을 보였다. 정밀식생조사자료와 비교한 결과, 산지낙엽활엽수림에서는 굴참나무군락과 신갈나무군락이 서로 다른 환경군집으로 구분되었으며, 아고산침엽수림에서는 전나무 우점 군집과 분비나무–사스래나무 혼효 군집이 구분되는 경향을 보였다. 이는 환경 기반 하위군집이 실제 우점종 구성 및 입지환경 차이와 정합함을 보여준다. 본 연구는 세분화된 상관식생 단위를 환경 유사성에 기반해 재구성하여, 생태적 특성을 유지하면서 공간모델링에 활용 가능한 분석단위로 단순화하는 방법론을 제시하였다. 이러한 환경 기반 식생유형은 기후변화 시나리오와 연계한 잠재분포 변화 예측과 취약지역 평가의 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

교신저자 E-mail: hun6325@knps.or.kr

P4-09

국내 내륙습지 유형별 외래식물 비율 및 지표종 특성

윤영은[p1], 조은희[1], 장성대[1], 한동욱[2,3], 손덕주[c1]

[1]단국대학교 과학교육학과
[2]고려대학교
[3]한국PGA생태연구소

최근 기후변화와 급격한 인위적 교란으로 인해 국내 내륙습지의 생물다양성이 위협받고 있어 내륙습지 유형별 식물상에 대한 종합적 분석의 필요성이 커지고 있다. 본 연구는 2000~2021년 전국내륙습지조사와 내륙습지 정밀조사 결과를 수집하여 내륙습지 유형별 습지식물 및 지표종 특성을 파악하고 보전·관리의 기초자료를 마련하고자 하였다. 식물상 자료가 확보된 1,246개 습지를 대상으로 산지형·담수호수형· 인공형·하구형·하천형 5개 유형으로 구분하였다. 외래식물·생태계교란 생물 비율 분석에서는 조사연도를 별도의 분석요인으로 두지 않고, 누적된 종의 출현 자료를 활용하였다. 이를 바탕으로 습지 유형별로 전체 출현 종수 대비 외래식물과 생태계교란 생물의 비율을 산출하고 중앙값을 비교하였다. 지표종 분석은 5개소 이상에서 출현한 절대·임의 습지식물 311종을 대상으로 지표 가치(IndVal.g)를 도출하였으며, 동일 조사연도 내 9,999회 제한순열과 Benjamini–Hochberg(BH) 보정을 통해 통계적 유의성을 검정하였다.내륙습지 1,246개소는 유형별로 산지형 245곳, 담수호수형 247곳, 인공형 155곳, 하구형 114곳, 하천형 485곳으로 나타났다. 외래식물 비율의 중앙값은 하구형 26.14%, 하천형 23.76%, 인공형 20.74%, 담수호수형 20.51%, 산지형 11.36% 순이었다. 생태계교란 생물 비율의 중앙값은 하천형 2.84%, 하구형 2.77%, 인공형 2.22%, 담수호수형 2.16%, 산지형 1.41% 순으로, 두 비율 모두 하구형과 하천형에서 상대적으로 높고 산지형에서 낮았다. 지표종 분석에서는 절대·임의습지식물 189종이 특정 습지 유형과 유의한 연관성을 보였으며(BH 보정 $p<0.05$), 산지형 61종, 담수호수형 58종, 하천형 38종, 하구형 29종, 인공형 3종이었다. 대표 지표종으로는 하천형에서 생태계교란 생물인 가시박과 절대습지식물인 달뿌리풀, 인공형에서 외래식물인 노랑꽃창포와 멸종위기 야생생물 II급인 가시연이 나타났다. 특히 하천형에서 생태계교란 생물인 가시박이 대표 지표종으로 나타나, 이에 대한 관리가 시급한 것으로 판단된다. 본 연구 결과는 습지 유형별 식물상 특성을 이해하고, 습지의 지속적인 모니터링과 보전·관리 방향을 설정하는 데 기초자료로 활용될 수 있다.

** 본 결과물은 기후에너지환경부의 재원으로 한국환경산업기술원의 습지생태계 가치평가 및 탄소흡수 가치증진 기술개발사업의 지원을 받아 연구되었습니다. (RS-2022-KE002066)

교신저자 E-mail: djson0714@dankook.ac.kr

P4-10

Seasonal shifts in weed community composition and their soil linkages under organic resource and tillage management

Sung-Jun Hong[p], Sang-Min Lee, Hyun-Young Hwang, Jaehyeong Lee, Young-Mi Lee, Ji-Won Kang, Yeomyeong Lee, and Min-Jae Kong[c]

Regenerative Organic Agriculture Division, Department of Agricultural Environment, RDA, Jeonbuk 55365, Korea

In organic farming, weed communities integrate a field's long-term nutrient and disturbance history, yet organic-resource(soil) and tillage effects are usually confounded. Repeated organic-resource use differentiates soil pH, nutrients, and microbial properties(Eo et al., 2016) and filters species by nutrient-response traits(Moreau et al., 2014), whereas tillage reshapes the vertical seedbank(Yenish et al., 1992) and shifts communities from annuals toward perennials (Chauhan et al., 2012). In a 10-year long-term organic field, we examined how the seasonal shift in weed community composition differed among five treatments(animal-manure compost, mineral fertilizer, green manure with tillage, green manure without tillage, and control; three replicates) and how it related to soil properties, using weed cover-abundance surveys in summer(August 2025) and spring(April 2026) matched to soil chemical, physical, and biological data. Communities shifted from summer-annual dominance(*Acalypha, Setaria, Echinochloa*) to winter annuals and perennials, with treatment-specific composition. In summer the community was unrelated to soil chemistry(Mantel r = 0.04, ns) and was structured by tillage(pure fraction 33.6%), whereas in spring the organic-resource-driven fertility gradient structured the community(Mantel r = 0.23; soil pure fraction 13.3%), the two factors acting independently(shared fraction ≈ 0). Manure raised soil pH and exchangeable Ca and favored nitrophilous winter annuals*(Capsella bursa-pastoris, Veronica persica*; importance value vs. pH, r = 0.98), consistent with the alkaline-nitrophily association reported by Moreau et al. (2014), whereas no-till favored the wind-dispersed perennial Taraxacum officinale(indicator species, IndVal P = 0.012), consistent with reduced-tillage effects on the seedbank(Yenish et al., 1992). The weed emergence pattern thus reflected two independent filters—organic resource(soil) and tillage—whose relative importance alternated seasonally.

Corresponding author E-mail: alswogud@korea.kr

P5-01

Light-dependent production of volatile organic compounds in *Magnaporthe oryzae* mediates self-inhibition and interspecific antagonism

Yong-Soon Park[pc]

Depatment of Plant Resources, Kongju National University, Yesan 32439, Korea

Volatile organic compounds (VOCs) are valuable compounds in diverse microbial interactions with certain biotic stimuli, yet pivotal roles of any VOCs derived by the rice blast fungus, *Magnaporthe oryzae*, in intra- and interspecies communications have been poorly understood. Therefore, in this study, we investigated that how certain VOCs by *M. oryzae* manipulate the fungal growth of the same species and other species. Using a partitioned I-plate assays, the result showed that pre-inoculated fungal colony (sender) significantly suppressed the late arriving colony (receiver) in a time- and media-dependent manner, suggesting that VOCs may function as self-inhibition agents in regulation of fungal growth. A total of twelve compounds were identified by the gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS), among which four VOCs (1-hexanol, 2-ethylhexanoyl chloride, 1-octen-3-ol, and 3-octanol) exhibited strong self-inhibition effects. Further analysis revealed that the self-inhibition mediated by *M. oryzae* VOCs was enhanced under light conditions compared with darkness. Genetic approaches revealed that deletion of the *MoCPKA* and *MoPMK1* genes reduced the self-inhibitory effects, suggesting that both genes are required for growth inhibition and that VOCs play a pivotal role in regulating turgor pressure generation and appressorium formation. In addition to self-inhibition effects, *M. oryzae*-mediated VOCs contributed to the interspecific antagonistic interactions with other fungal species (*Aspergillus nidulans*, *Fusarium oxysporum* f.sp. *conglutinans,* and *Sclerotinia Sclerotioum*). Our data clearly demonstrated that VOCs produced by the *M. oryzae* under light conditions are the key factors in enhancing growth inhibition both within a species (intraspecific) and among different species (interspecific).

Corresponding author E-mail: yspark2005@kongju.ac.kr

P5-02

Isolation of genetic resources of arbuscular mycorrhizal fungi for improving sustainable strawberry productivity

Yeyeong Lee[p1], Taedong Kim[1], Junggyu Lee[1], Minjae Kang[1], Kwangho Jeong[1], Hyungho Jung[1], Chae An Yu[1], Okhee Choi[2], and Jinwoo Kim[c1]

[1]Department of Plant Medicine, Gyeongsang National University, Jinju 52828, South Korea
[2]Institute of Smart Space Agriculture, Gyeongsang National University, Jinju 52828, South Korea

Arbuscular Mycorrhizal Fungi (AMFs) that live symbiotically on plant roots play a crucial role in promoting nutrient absorption and enhancing resistance to environmental stress. Particularly in strawberry (*Fragaria* × *ananassa*) cultivation, where soil-borne diseases and nutritional imbalances are common due to intensive cultivation and continuous cropping, the symbiotic capacity of AMFs is attracting attention as a key factor in mitigating environmental stress, improving functionality, and promoting eco-friendly agriculture. This study was conducted to secure genetic resources of AMFs inhabiting strawberry plants grown in the soil of major strawberry cultivation sites in the Gyeongnam region. Soil samples were collected from cultivated strawberry plants, and seeds of the alternative host, Sudan grass, were sown and propagated for about 4 months. Subsequently, mycorrhizal spores were re-isolated and observed under a microscope. Directly identifying AMFs in strawberry root samples is difficult due to the high proportion of host-plant DNA and other soil fungal DNA. We followed an identification protocol that selectively amplifies AMF while minimizing interference with strawberry DNA by utilizing Nested PCR targeting the SSU (18S rDNA) region of ribosomal RNA genes. The Nested PCR results showed that the primer combination of AML1/AML2 followed by AMG1F/AM1 combination reliably detected the target band (250-bp) of major strains belonging to the phylum Glomeromycota while completely excluding non-specific amplification of strawberry plant DNA.

** This work was supported by the Regional Crop Technology Development Project of the Rural Development Administration, Republic of Korea (Grant No. RS-2026-25547031).

Corresponding author Email: jinwoo@gnu.ac.kr

P5-03

Taxonomic characterization of a putative novel bionectriaceous fungus related to Ovicillium from Okjeongho lake, Korea

Haeun Kim[p] and Zhun Li[c]

Biological Resource Center, Korean Collection for Type Cultures (KCTC), Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), Jeongeup 56212, Republic of Korea

Strain OJF2 was isolated from water collected from Okjeongho Lake, Korea, on 27 October 2025, during a conspicuous cyanobacterial bloom. The strain was investigated as a putative novel taxon within Bionectriaceae using an integrative taxonomic approach combining cultural and microscopic characterization with maximum-likelihood phylogenetic analyses of ITS, LSU, TEF1, and RPB2 sequences. The primary concatenated dataset included 25 taxa and 2,628 nucleotide positions. OJF2 formed a distinct lineage sister to the sampled *Ovicillium* species, with strong support (SH-aLRT/UFBoot = 99.7/92), while the *Ovicillium* clade itself was maximally supported (100/100). Analyses of ITS and TEF1 recovered a similar broad affinity, whereas LSU did not resolve the immediate phylogenetic position of OJF2 and RPB2 provided limited resolution. In a supplementary ITS+LSU analysis including *O. yunnanense*, *Ovicillium* monophyly remained strongly supported (99.9/100), but the immediate relationship of OJF2 was unresolved. Light microscopy revealed septate hyphae, lateral conidiogenous outgrowths, and hyaline, ellipsoid to oblong conidia. Preliminary scanning electron microscopy revealed compact aggregates of ellipsoid to short-cylindrical elements and occasional annular terminal structures, although their developmental nature remains uncertain. Taken together, the molecular and morphological evidence supports OJF2 as a distinct bionectriaceous lineage closely related to *Ovicillium*.

Corresponding author E-mail: lizhun@kribb.re.kr

P5-04

Molecular and Morphological Identification of Fungal Pathogens Associated with Olive (*Olea europaea*) Diseases in Korea

Chung Youl Park[p1], Byung-Hyuk Kim[1], Hyoseok Lee[1], Sukman Park[1], Jae Ho Joa[1], Minji Shin[1], Seong Eun Lee[1], and Jong-Hwan Shin[c2]

[1]Research Institute of Climate change and Agriculture, National Institute of Horticultural & Herbal Science (NIHHS), Rural Development Administration, Jeju 63240, South Korea
[2]Citrus Research Center, Department of Horticultural Crop Research, & Herbal Science, Rural Development Administration, Jeju 63607, South Korea

Under climate change scenarios such as SSP5-8.5, concerns are growing over declining yields, deteriorating quality, and shifts in optimal cultivation areas and periods for major crops in Korea. As part of ongoing efforts to introduce and evaluate new subtropical crops, olive is currently cultivated by some farms, mainly in Jeju. From 2024 to 2026, a three-year survey was conducted to investigate the occurrence of major fungal diseases on olive in Jeju, Korea. Anthracnose caused the most severe damage to fruits, and leaf spot symptoms were also observed on foliage. Multilocus phylogenetic analysis and morphological characterization revealed several Colletotrichum species, including *C. fioriniae*, *C. gloeosporioides*, and *C. nymphaeae*, with *C. fioriniae* as the predominant species. The leaf spot pathogen was identified as *Epicoccum* sp. To date, few pesticides are registered for olive disease control in Korea. Based on these results, further studies on the efficacy of control agents and the development of disease management strategies are needed.

** This research was supported by the Rural Development Administration (Project No. PJ01734101).

Corresponding author E-mail: sjh5576@korea.kr

P5-05

Taxonomic characterization and carotenoid biosynthetic potential of *Hymenobacter* sp. GJ7, a potential novel species isolated from a freshwater stream in Korea

Haeun Kim[p] and Zhun Li[c]

Biological Resource Center, Korean Collection for Type Cultures (KCTC), Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), Jeongeup 56212, Republic of Korea

Strain GJ7 (=KCTC 102546), the proposed type strain of *Hymenobacter jeonjuensis* sp. nov., was isolated from a freshwater stream in Jeonju, Korea. The strain was aerobic, Gram-stain-negative, motile by gliding, rod-shaped, catalase-positive and oxidase-negative, and formed moderately mucoid, pink-to-red colonies on R2A agar. Phylogenetic analysis based on the 16S rRNA gene sequence showed that strain GJ7 belonged to the genus Hymenobacter and was most closely related to *H. perfusus* (98.50% sequence similarity) and *H. swuensis* (98.28%). Despite the high 16S rRNA gene sequence similarities, the maximum OrthoANIu and digital DNA–DNA hybridization values with *H. perfusus* were only 86.60% and 32.0%, respectively far below the 95-96% and 70% boundaries for species delineation. The draft genome comprised 5.30 Mb and had a DNA G+C content of 60.74 mol%. A phylogenomic tree reconstructed from 2,177 universal single-copy orthologues placed the strain as a fully supported sister lineage to the *H. perfusus–H. swuensis* clade. The genome contained two predicted terpene regions and five primary candidate genes associated with carotenoid biosynthesis. The predominant cellular fatty acids were iso-C15:0, summed feature 4 and summed feature 3. On the basis of the phylogenetic, genomic, phenotypic and chemotaxonomic data, strain GJ7 is considered to represent a novel species of the genus Hymenobacter.

Corresponding author E-mail: lizhun@kribb.re.kr

P5-06

Macrophyte-associated bacterial communities contribute to *Microcystis* inhibition: implications for plant-microbe interactions

Hayoung Lee[p1,2], Seonah Jeong[1], So-Ra Ko[1], Yun-kyoung Kwon[1], and Chi-Yong Ahn[c1,2]

[1]Cell Factory Research Center, Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), Daejeon 34141, Republic of Korea
[2]Department of Bioresource & Environmental Engineering, KRIBB School of Biotechnology, University of Science and Technology (UST), Daejeon 34113, Republic of Korea

Harmful algal blooms (HABs) threaten aquatic ecosystems under climate change. While macrophyte-derived allelochemicals can inhibit *Microcystis*, their concentrations are often too low for effective inhibition. However, macrophytes harbor diverse bacteria, including algicidal strains. This study evaluated the contribution of macrophytes and their associated bacterial communities in *Microcystis* inhibition. Natural *Myriophyllum* (M), artificial plants colonized with bacterial communities (AP), and axenic *Myriophyllum* (AX) were co-cultured with *Microcystis* for 7 days. Active chlorophyll and bacterial communities were analyzed on days 0, 3, 5, and 7. *Microcystis* inhibition was stronger in the M and AP treatments than in the AX treatment. Indicator species analysis identified condition-specific bacterial taxa, indicating that macrophyte presence shapes bacterial community composition. Furthermore, network complexity and the number of interactions increased from AX to AP to M. Overall, the bacterial community appeared to contribute more strongly than the macrophyte itself to *Microcystis* inhibition. These results highlight the importance of considering both macrophytes and plant–bacteria interactions in understanding aquatic microbial ecosystems.

Corresponding author E-mail: cyahn@kribb.re.kr

P5-07

Carbon substrate utilization characteristics of soil microorganisms under SSP2 climate change scenario conditions during rice cultivation

Jinu Eo[pc], Yeonju Lee, So-Jin Yeob, Sang-Min Jun, Bu-Yeong Oh, Byung-Mo Lee, Jong-Mun Lee, Yerin Yang, and Wook-Jae Lee

Climate Change Division, National Institute of Agricultural Sciences, RDA, Wanju 55365, Korea

Soil microorganisms play important roles in biogeochemical cycling and nutrient supply in rice paddies, and their functions may vary under changing climatic conditions. This study evaluated soil microbial activity and carbon substrate utilization under recent climate conditions (1991–2020) and the near-future SSP2 scenario (2031–2060) using an ecotron facility. Rice was cultivated in lysimeters and pots, and microbial activity was assessed using Biolog EcoPlates containing 31 carbon substrates. In the lysimeter experiment, non-rhizosphere soils were analyzed at the seedling and heading stages. At the seedling stage, average well color development (AWCD) was similar between treatments, whereas carbohydrate utilization increased under SSP2 at the heading stage. Shannon diversity (H) and evenness were lower under SSP2 at the heading stage, although no differences in physiological diversity were observed at the seedling stage. In the pot experiment, rice was grown under recent climate, SSP2, and SSP2 with delayed maturity conditions. At the seedling stage, AWCD was higher under recent climate conditions than under SSP2, while physiological diversity indices did not differ among treatments. These results indicate that climate conditions affect soil microbial activity and carbon substrate utilization differently depending on rice growth stage.

** This work was carried out with the support of “Cooperative Research Program for Agricultural Science and Technology Development (PJ017795) of National Institute of Agricultural Sciences, RDA.

Corresponding author E-mail: eojiny@korea.kr

P5-08

Isolation and characterization of azoxystrobin-degrading bacteria isolated from agricultural soils

hye-won Choi[p] and Dong-Uk Kim[c]

Department of Biological Science, College of Life and Environmental Sciences, Sangji university

Strobilurins constitute one of the most significant fungicide groups globally, comprising 16 compounds and accounting for approximately 15% of the global fungicide market. Among these compounds, azoxystrobin is one of the most widely used strobilurin fungicides. In this study, four strains of azoxystrobin-degrading bacteria were isolated from 120 soil samples collected from various agricultural fields in South Korea, and their genetic and phenotypic characteristics were investigated. The isolates were able to utilize azoxystrobin as the sole source of carbon and energy, resulting in its complete degradation. Analysis of 16S rRNA gene sequences identified these isolates as belonging to the genera *Pseudorivibacter, Rhodanobacter*, and *Rhodococcus.* Notably, all four strains demonstrated the ability to completely degrade 100 ppm of azoxystrobin within 48 hours.

** This research was supported by the ANCHOR program through the Gangwon ANCHOR Center, funded by the Ministry of Education (MOE) and the Gangwon State (G.S.), Republic of Korea. (2026-ANCHOR-10-005)

Corresponding author E-mail: dukim@sangji.ac.kr

P5-09

Isolation and characterization of benomyl-degrading bacteria isolated from agricultural soils

Seung-Hyeon Seo[P] and Dong-Uk Kim[C]

Department of Biological Science, College of Life and Environmental Sciences, Sangji University

Six Benomyl-degrading bacteria were isolated from forty soil samples collected from various agricultural sites in Korea, and their genetic and phenotypic characteristics were investigated. The isolates were able to utilize benomyl as a sole source of carbon and energy during the complete degradation of benomyl. Analysis of 16S rRNA gene sequences indicated that the isolates were related to members of the genera *Burkholderia, Pandoraea,* and *Pseudomonas*. The isolates were able to degrade 100 ppm of benomyl within 72 hours.

** This research was supported by the ANCHOR program through the Gangwon ANCHOR Center, funded by the Ministry of Education (MOE) and the Gangwon State (G.S.), Republic of Korea. (2026-ANCHOR-10-005)

Corresponding author E-mail: dukim@sangji.ac.kr

P5-10

Biodegradation of the strobilurin fungicide azoxystrobin by bacteria isolated from agricultural soils

Jongmin An[p] and Dong-Uk Kim[c]

Department of Biological Science, College of Life and Environmental Sciences, Sangji university

Four azoxystrobin-degrading bacteria were isolated from agricultural soils collected from various fields in South Korea, and their genetic and phenotypic characteristics were investigated. The isolates were capable of utilizing azoxystrobin as a sole source of carbon and energy and were able to degrade azoxystrobin. Analysis of the 16S rRNA gene sequences revealed that the isolates were closely related to members of the genera Flexivirga, Lysobacter, Microvirga, and Mycolicibacterium. Repetitive extragenic palindromic PCR (REP-PCR) analysis revealed four distinct chromosomal DNA fingerprinting patterns among the four isolates, indicating genetic differences between the isolates. All four isolates were capable of degrading 100 ppm azoxystrobin within 72 hours.

** This research was supported by the ANCHOR program through the Gangwon ANCHOR Center, funded by the Ministry of Education(MOE) and the Gangwon State(G.S.),Republic of Korea.(2026-ANCHOR-10-005)

Corresponding author E-mail: dukim@sangji.ac.kr

P5-11

Isolation and characterization of fenobucarb-degrading bacteria from rice paddy soils

Dong-Gyun Choi[p] and Dong-Uk Kim[c]

Department of Biological Science, College of Life and Environmental Sciences, Sangji university

Four fenobucarb-degrading bacteria were isolated from rice paddy soils collected from three different regions, and their genetic and phenotypic characteristics were investigated. The isolates were able to utilize fenobucarb as the sole source of carbon and energy. Analysis of the 16S rRNA gene sequences indicated that all of the isolates belonged to the genus *Sphingobium*. The isolates completely degraded 50 ppm fenobucarb in minimal medium (MM) within 48 h. All of the isolates exhibited similar growth and degradation patterns on fenobucarb.

** This research was supported by the ANCHOR program through the Gangwon ANCHOR Center, funded by the Ministry of Education (MOE) and the Gangwon State (G.S.), Republic of Korea. (2026-ANCHOR-10-005)

Corresponding author E-mail: dukim@sangji.ac.kr

P5-12

Isolation and characterization of fenitrothion-degrading bacteria isolated from agricultural soils

Dong-Hyeon Kang[p] and Dong-Uk Kim[c]

Department of Biological Science, College of Life and Environmental Sciences, Sangji university

Five fenitrothion-degrading bacteria were isolated from 2 soil samples obtained from various agricultural fields in South Korea and their genetic and phenotypic characteristics were investigated. The isolates were able to utilize fenitrothion as a sole source of a carbon and energy during the complete degradation of fenitrothion. Analysis of 16S rRNA gene sequence indicated that the isolates were related to members of the genera, Variovorax, Paenarthrobacter. These strains have the ability to completely degrade 100 ppm of fenitrothion within 72 hours. Additionally, the ability of the isolates to degrade other organophosphorus pesticides was evaluated.

** This research was supported by the ANCHOR program through the Gangwon ANCHOR Center, funded by the Ministry of Education(MOE) and the Gangwon State(G.S.), Republic of Korea.(2026-ANCHOR-10-005)

Corresponding author E-mail: dukim@sangji.ac.kr

P6-01

Environmental DNA metabarcoding of winter *Aphanizomenon*: water–sediment genotype comparison in B Dam and D Submerged Weir

Jae Hong Jeong[p], Hyoseong Jeong, Min Young Kim, Jiwon Park, Gyu-Cheol Lee, Heuidae Lee, Sangjun Park, and Min-jeong Kim[c]

Water Environmental Management Department, K-water, Daejeon 34350, Republic of Korea

Winter dominance of *Aphanizomenon* has recently been observed in several Korean water bodies despite low water temperatures. This study examined the genetic relationship between *Aphanizomenon* populations in the water column during winter and akinetes in the sediment using environmental DNA (eDNA) metabarcoding at B Dam and D Submerged Weir. At B Dam, surface, mid-depth, and deep-water samples and sediment samples from three sites, together with samples from an upstream reference site, were analyzed. At D Submerged Weir, surface, mid-depth, and deep-water samples and a sediment sample were analyzed. The phycocyanin *cpcBA-IGS* region was amplified for eDNA metabarcoding to characterize cyanobacterial communities and compare *Aphanizomenon* genotypes. *Aphanizomenon flos-aquae* was detected in both water and sediment samples from B Dam. Among the seven genotypes detected, genotype 1 was predominant and was detected in both water and sediment samples. Microscopic observations also confirmed vegetative *Aphanizomenon* cells in the water column and akinetes in the sediment at one site in B Dam. At D Submerged Weir, *A. flos-aquae* dominated the water samples and was also detected in the sediment. Only a single genotype was detected at D Submerged Weir, showing 100% sequence identity to genotype 1, the dominant genotype in B Dam. The detection of the same *A. flos-aquae* genotype in the water column and sediment at both water bodies supports a genetic association between water-column populations and sedimentary akinetes. These results demonstrate the potential of eDNA metabarcoding for investigating water–sediment linkages and winter *Aphanizomenon* occurrence.

Corresponding author E-mail: herbej@kwater.or.kr

P6-02

산업시설 주변 온배수 하천에서 외래어류의 출현과 정착 가능성: 국내 반도체 산업지역 하천을 중심으로

최원균[pc], 김다은

국립생태원 생태안전연구실 외래생물팀

최근 국내 산업시설에서 배출되는 온배수는 하천의 수온 환경을 변화시키는 주요 인위적 요인 중 하나로 작용하고 있다. 특히 겨울철 수온 상승은 저수온에 의해 생존이 제한되던 열대·아열대성 외래어류의 월동을 가능하게 하여 자연생태계 내 정착 가능성을 증가시킬 수 있다. 본 연구에서는 산업시설 온배수가 유입되는 하천에서 외래어류의 출현현황을 파악하자 2025년 외래생물 전국 서식실태조사의 중점관리지역으로 선정된 경기도 이천시 죽당천, 충북 진천군 석남천 및 칠장천, 경기도 평택시 서정리천 등 4개 온배수 하천을 대상으로 현장조사를 실시하였다. 조사는 온배수 유입부 주변을 중심으로 투망과 족대 등을 이용하여 외래어류를 채집하였다. 조사 결과, 4개 온배수 하천에서 총 9종의 외래어류가 확인되었으며, 생태계교란 생물인 배스(*Micropterus salmoides*)와 블루길(*Lepomis macrochirus*)과 구피(*Poecilia reticulata*), 플래티(*Xiphophorus maculatus*), 비파(*Hypostomus plecostomus*), 컨빅터시클리드(*Amatitlania nigrofasciata*), 카디널테트라(*Paracheirodon axelrodi*) 등 총 8종의 외래어류가 확인되었다. 이러한 결과는 산업시설에서 지속적으로 공급되는 온배수에 의해 형성된 인위적 고수온 환경이 국내 하천에서 열대·아열대성 외래어류의 저온 생존장벽을 완화하여 월동 및 정착이 가능한 미소서식처로 기능할 가능성을 시사한다. 따라서 산업시설의 온배수 하천을 외래생물의 잠재적 정착 가능지역으로 선정하고, 겨울철을 포함한 장기 수온 모니터링과 열대성 외래어류의 조기탐지 및 지속적인 서식실태조사가 요구된다.

교신저자 E-mail: wonkyun@nie.re.kr

P6-03

Review of species distribution modeling studies and prediction of the potential distribution of *Bactrocera dorsalis* in Korea

Saebom Eom[p1], Jinsol Hong[3], Taechul Park[1], Mingyu Park[1], and Jung-Joon Park[c1,2]

[1]Department of Plant Medicine, Gyeongsang National University, Jinju, Republic of Korea
[2]Institute of Agriculture and Life Science, Gyeongsang National University, Jinju, Republic of Korea
[3]Ojeong Resilience Institute, Korea University, Seoul, Republic of Korea

The oriental fruit fly, *Bactrocera dorsalis* (Hendel), is a highly invasive quarantine pest of Asian origin with a broad host range including tropical and temperate fruits. Its development, survival, and overwintering are strongly affected by temperature and moisture, while climate warming and human-mediated dispersal may promote its northward expansion. Seasonal occurrence may also cause crop damage even where year-round establishment is limited. Previous studies have applied diverse SDMs, but often differed in how seasonal occurrence, establishment, and invasion risk were defined, as well as in the treatment of calibration areas, validation, and future extrapolation. This talk reviewed previous studies to identify these methodological gaps and analyzed the potential distribution of *B. dorsalis* in South Korea.

Corresponding author E-mail: jungpark@gnu.ac.kr

P6-04

Assessment of seagrass distribution and blue carbon stocks in marine protected areas along the coast of Korea: a literature-based approach

Jinwoo Ku[p] and Seung Hyeon Kim[c]

Coastal Vegetation Ecology Laboratory, Department of Marine Biology and Aquaculture, Gyeongsang National university, Tongyeong 53064, Republic of Korea

Seagrass meadows are important yet vulnerable coastal ecosystems with considerable potential for long-term organic carbon (C_{org}) storage in sediments. This study assessed the distribution and C_{org} stocks of seagrass meadows within marine protected areas (MPAs) along the coast of Korea using data compiled from the published literature. Seagrasses were reported in 14 of the 39 MPAs, with seven of the nine seagrass species recorded in Korea. The total seagrass area within MPAs was estimated at 1.33 km^2, with *Zostera marina* accounting for the largest proportion (71.2%). The C_{org} stock in living biomass was estimated at 158.7 Mg C, comprising 71.5 Mg C in *Zostera* spp. and 87.2 Mg C in *Phyllospadix* spp. Sediment C_{org} stocks to a depth of 1 m were estimated at 9,950 Mg C, resulting in a total C_{org} stock of 10,108.8 Mg C. Among the MPAs, Seonchon village showed the highest species richness, with four seagrass species, while Goheung Getbol had the largest seagrass extent and the highest sediment C_{org} stock, accounting for 47.6% of the total estimated stock. This study provides a comprehensive assessment of seagrass distribution and blue carbon stocks within Korean MPAs, offering baseline information for future conservation and management.

Corresponding author E-mail: shkim0928@gnu.ac.kr

P6-05

Estimation of sediment organic carbon stocks beneath brown-algal farms off the southwestern coast of Korea

Jinwoo Ku[p], Ye Heun Park, and Seung Hyeon Kim[c]

Coastal Vegetation Ecology Laboratory, Department of Marine Biology and Aquaculture, Gyeongsang National university, Tongyeong 53064, Republic of Korea

Seaweed aquaculture has received increasing attention for its potential contribution to coastal carbon storage; however, sediment organic carbon (OC) stocks beneath seaweed farms remain poorly quantified. We investigated sediment OC stocks in the upper 50 cm of sediments at five brown-algal farms along the southwestern coast of Korea: Jindo (JD), Soan Island (SI) and Cheongsan Island (CI) in Wando (WD), Goheung (GH), and Jangheung (JH). Sediment dry bulk density (DBD), organic matter (OM) and OC content were measured, and sediment OC stocks were calculated based on DBD and OC content. Regional total OC stocks were further estimated using the areal extent of brown-algal farms at each study site. Mean DBD ranged from 0.69 ± 0.02 to 1.12 ± 0.04 g cm^{-3}, OM from 4.22 ± 0.24 to 7.42 ± 0.12%, and OC from 0.37 ± 0.04 to 0.91 ± 0.02%. Sediment OC stocks ranged from 20.48 ± 0.64 to 30.88 ± 0.55 Mg C ha^{-1} among the study sites. The estimated total OC stock beneath brown-algal farms across the four regions was 685.83 Gg C, representing a substantial reservoir of sediment OC associated with brown-algal aquaculture. Further studies on sediment accumulation rates and stable isotope-based source attribution are needed to determine the contribution of brown-algal farms to long-term coastal carbon sequestration.

Corresponding author E-mail: shkim0928@gnu.ac.kr

P6-06

Potential distribution and environmental associations of six Collembola species occurring in Korea across vertical soil habitat types

Yun Sang Jeong[p1], Ji Yong Song[2], and June Wee[c1,2]

[1]Department of Agricultural biology, Chungnam National University, Daejeon 34143, Korea
[2]Department of Applied biology, Chungnam National University, Daejeon 34143, Korea

Collembola are important decomposers and bioindicators in soil ecosystems, but their distributions and environmental associations remain poorly understood. We classified six Korean species into Euedaphic (*Folsomia candida*), Hemiedaphic (*F. quadrioculata*, *Deuteraphorura inermis*, *Ceratophysella denticulata*), and Epigeic (*Homidia socia*, *Bourletiella hortensis*) groups and modeled their distributions using MaxEnt with climatic, land-cover, and soil variables. All models showed acceptable performance (mean AUC ≥ 0.971; mean F1 ≥ 0.495). *F. candida* showed high suitability in temperate regions and soils with high organic carbon and neutral-to-alkaline pH. Hemiedaphic species were mainly suitable in boreal and some polar regions of Europe. Epigeic species were mainly suitable in temperate regions, near water bodies, and in soils with high organic carbon. Most species favored low mean diurnal range, low precipitation seasonality, and <250 mm precipitation in the driest quarter, whereas *H. socia*showed the opposite trend for diurnal range and driest-quarter precipitation. These findings support understanding Collembola distribution in Korea and evaluating their use as soil bioindicators.

Corresponding author E-mail: junewee@cnu.ac.kr

P6-07

Diversity and spatial heterogeneity of snow algal communities in Barton Peninsula, Antarctica

Sung Mi Cho[pc1,2], Jong Hee Kim[1], and Sanghee Kim[1]

[1]Division of Life Sciences, Korea Polar Research Institute, Incheon 21990, Republic of Korea
[2]Department of Polar Sciences, University of Science and Technology, Incheon 21990, Republic of Korea

Snow algae are important primary producers in Antarctic snowfields, yet their community diversity and spatial distribution remain poorly understood. We surveyed 35 snow patches across approximately 6 km² of Barton Peninsula, King George Island, during the 2022/23 austral summer and characterized snow algal communities using 18S rRNA V4 amplicon sequencing. A total of 15,387 unique sequence variants were detected, of which 12,417 (81%) were assigned to algal lineages. Chlorophyta and Chromista accounted for 52.7% and 45.8% of algal reads, respectively, revealing unexpectedly diverse snow algal assemblages. *Sanguina*, *Chloromonas* and *Raphidonema* were among the dominant green algal genera, and the Antarctic endemic *Sarcinofilum mucosum* was also detected. Community composition showed substantial spatial heterogeneity and was broadly separated into two assemblages associated with environmental gradients, particularly elevation. These findings reveal substantial spatial heterogeneity in Antarctic snow algal communities and provide an important baseline dataset for evaluating future community shifts associated with ongoing climate warming in the maritime Antarctic.

Corresponding author E-mail: smcho@kopri.re.kr

P6-08

RAD 프레임워크를 적용한 국립공원 산불 및 생물다양성 대응 전략 평가 - 설악산국립공원과 주왕산국립공원을 중심으로 -

현윤지[p1], 이연서[2], 김진원[3], 황진후[c4]

[1]고려대학교 환경생태공학부 학사과정
[2]고려대학교 환경생태공학과 석사과정
[3]한국지속가능발전해법네트워크 청년위원회 사무차장
[4]국립공주대학교 환경교육과 교수

기후위기로 인한 대형산불이 국립공원 생물다양성을 위협하는 핵심 리스크로 작용함에 따라, 생태계 변화에 대응하는 의사결정 체계인 RAD(저항·수용·유도) 프레임워크의 도입 필요성이 커지고 있다. 국내 주요 국립공원인 설악산과 주왕산은 2025년 기준 각각 6,001종과 5,063종의 야생생물이 서식하는 생물다양성의 핵심 축이다. 특히 설악산은 산양, 털복주머니란, 노랑만병초, 홍월귤 등 고산·아고산대 멸종위기종의 주요 서식지이며, 주왕산은 수달, 붉은박쥐, 큰바늘꽃 등 멸종위기종과 활엽수 혼합림이 넓게 발달한 생태계의 보고이다. 더불어 2021년 기준 기후변화에 취약한 위기 식물은 설악산에 59종, 주왕산에 21종이 분포한다. 본 연구는 강수 위플래시(precipitation whiplash) 현상에 기반해 산불 대형화 위험도가 높은 설악산국립공원과 최근 대형 산불로 심각한 서식지 파괴를 겪은 주왕산국립공원을 대상지로 선정하여, 현행 산불 및 생물다양성 대응 전략을 RAD 관점에서 평가하였다. 관련 적응대책 및 시행계획을 분석한 결과, 현행 전략은 물리적 재난 방어 및 핵심 생태계 보호 등 기존 상태를 유지하려는 저항(Resist)에 고도로 집중되어 있었다. 반면 수용(Accept) 및 유도(Direct) 전략은 대형산불 발생 이후 사후 복구 목적으로만 제한적으로 적용되는 한계를 보였다. 과거로 되돌리려는 물리적 저항만으로는 한계가 명확하므로, 장기적인 생물 모니터링에 기반한 RAD 통합 의사결정 기준을 정책에 내재화할 필요가 있다. 본 연구는 사유지 복원을 통한 핵심 서식지 주변의 생태적 완충지대 구축, 산불취약지구 내 선제적 내화수종 식재를 통한 자연 방화림 조성, 그리고 기후변화 취약 고산식물의 보조 이주 등 숲의 구조를 능동적으로 재편하는 생태적 산불 대응 체계로의 패러다임 전환을 제안한다.

** 본 연구는 숲과나눔과 카카오뱅크의 에코실험실 3기 사업의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: jinhoo.hwang@kongju.ac.kr

P6-09

Benthic community biomass and composition around Jeju Island: interannual variation from 2023 to 2026

Chang Ho Yi[P] and Hye Seon Kim[C]

National Marine Biodiversity Institute of Korea
Department of Ecology and Conservation

The coastal waters around Jeju Island form a biogeographic transition zone where temperate canopy-forming macroalgae coexist with subtropical scleractinian corals. Ocean warming is reorganizing rocky benthic communities, but quantitative time-series data on these changes remain limited. We quantified interannual variation in benthic community biomass and composition at northern and southern sites. Each July from 2023 to 2026, eight replicate quadrats were surveyed at a depth of 15 m at each site to estimate wet-weight biomass per unit area. At the northern site, following the extreme marine heatwave of 2024, mean coral biomass declined from 1,061 ± 391 g wet weight (WW) m^{-2} in 2024 to 261 ± 107 g WW m^{-2} in 2026, whereas algal biomass increased from 224 ± 69 to 2,744 ± 294 g WW m^{-2} over the same period. By 2026, *Ecklonia cava* accounted for approximately 92% of algal biomass, indicating a shift in biomass dominance from corals to kelp. By contrast, despite the mass mortality of *Alveopora japonica* following the 2024 marine heatwave, the southern site remained consistently coral-dominated, with scleractinian corals accounting for 76.8–93.0% of total biomass throughout the study period. Articulated coralline algae also consistently dominated the algal assemblage, accounting for 84–98% of algal biomass. Overall, the two sites showed contrasting post-heatwave trajectories: a shift from coral to kelp dominance at the northern site versus persistent coral dominance at the southern site. This study provides a quantitative baseline for assessing future benthic community change around Jeju Island under ongoing ocean warming.

** This research was supported by grants from the National Marine Biodiversity Institute of Korea (2026M00300)

Corresponding author E-mail: hskim99@mabik.re.kr

P6-10

Assessment of recent 20-year (2006-2025) changes in Arctic SST and SIC (Sea Ice Coverage): Implications for marine habitat environments

Sun Kyeong Choi[p1,2], Fahim Ahmad[1,2], Seonggil Go[1], and Young Baek Son[c1,2]

[1]Tropical and Subtropical Research Center, Korea Institute of Ocean Science & Technology (KIOST), Jeju 63349, Korea
[2]Major of Ocean Science, University of Science and Technology (UST), Daejon 34113, Korea

Climate-driven shifts in the Arctic Ocean are reshaping not only physical oceanographic regimes but also the structural integrity of marine habitats. This study quantitatively assessed the interannual variability of Sea Surface Temperature (SST) and Sea Ice Concentration (SIC) over two decades (2006-2025) using two reanalysis products: NOAA OI SST V2 and ECMWF ORAS5. Following quality control and spatial harmonization, monthly means, anomalies, and linear trends were computed across the pan-Arctic basin. Sea ice coverage dynamics were further classified into three concentration regimes: low (<15%), intermediate (15?80%), and high (>80%). At the pan-Arctic level, SST exhibited a modest warming trend (+0.06°C over 20 years), whereas SIC decreased by 1.26%. Notably, regime-specific analysis revealed that high-concentration (-2.20%) and intermediate-concentration (-0.25%) ice covers significantly declined, while low-concentration ice increased by 2.46%. This shift underscores a qualitative transition from thick multi-year ice to fragmented, thinner seasonal ice. Spatially, pronounced SST warming in the East Siberian and Greenland Seas coincided with sharp SIC declines in the Laptev and Siberian Seas, demonstrating substantial regional heterogeneity. The replacement of consolidated sea ice with marginal ice and localized thermal shifts directly impacts underwater light penetration, the phenology of sympagic algae and phytoplankton blooms, and the availability of critical habitats for higher trophic levels. These findings demonstrate that pan-Arctic averaging conceals critical regional anomalies, emphasizing the necessity of region-specific environmental assessments when evaluating the ecological vulnerability of Arctic marine ecosystems.

** This work was supported by the Technology Innovation Program (RS-2026-25548497, Development of AI-based ICE Navigation for sea-ice detection, prediction, risk assessment, and route optimization) funded by the Ministry of Trade, Industry, and Resources (MOTIR, Korea).

Corresponding author E-mail: sonyb@kiost.ac.kr

P6-11

제주도 남부권역 내 비래해충 유인성 식물의 분포 실태 조사

오영주[pc1], 김창석[1], 이용호[2], 홍선희[2]

[1](주)미래환경생태연구소
[2]한경국립대학교 식물자원조경학부

제주도는 아열대 기후 특성상 비래해충의 유입 위험이 높으며, 국내 유입 시 자연 생태계 내 유인성 식물을 거점으로 정착·확산되나, 기존 예찰·방제는 농경지 주변부에 집중되어 있어 유인성 식물 분포 정보는 부족한 실정이다. 녹나무(*Cinnamomum camphora,* 녹나무과)는 메틸 유제놀(ME)과 같은 방향족 화합물의 성분이 높은 식물이며 목본으로서 군락을 형성해 안정적이고 지속적인 해충 정착 거점으로 작용할 가능성이 높아 분포 정보를 확인하여 비래해충 모니터링 거점으로 활용이 가능한 수종이다. 본 연구에서는 제주도 남부권역을 대상으로 GPS 기반 좌표 및 서식지 환경정보를 기록하며 녹나무의 분포 실태를 조사하였다. 사전 문헌 조사 결과 남부권역에서는 서귀포시 서부 지역을 중심으로 군락을 이루며 밀집 분포하는 것으로 보고된 바 있으며, 조사 결과 서귀포시 서남부 지역을 중심으로 분포가 확인되어 문헌조사 결과와 대체로 일치하는 양상을 보였다. 구체적으로 도순동 일대, 법화사 입구 등 여러 지점에서 군락이 확인되었으며, 일부 개체는 중산간의 곶자왈 지역까지 분포가 확장되어 있음을 추가로 확인하였다. 조사 결과는 향후 녹나무 분포지를 중심으로 한 예찰·방제 트랩 설치 및 GIS 기반 유인성 식물 분포지도 작성의 기초 자료로 활용될 것이며, 비래해충의 초기 정착 거점을 정밀하게 예측함으로써 표적화된 방제 전략 수립에 기여할 수 있을 것으로 기대된다.

** 본 연구는 농림축산검역본부 식물검역검사및수출촉진사업(과제번호 : PQ20264B023) 연구개발비를 지원받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: cave50joo@gmail.com

P6-12

경상도 지역 관행 및 유기 밭의 잡초 다양성 변화

오영주[pc1], 이용호[2], 홍선희[2], 공민재[3]

[1](주)미래환경생태연구소
[2]한경국립대학교 식물자원조경학부
[3]농촌진흥청 국립농업과학원

잡초는 작물과 경쟁하여 수량 및 품질을 저하시키고, 병해충의 서식처로 작용해 간접적 피해를 유발한다. 잡초의 종구성과 우점종은 재배 방식, 작물 종류, 지역 환경에 따라 달라지므로 효과적인 방제를 위해서는 이에 대한 파악이 필요하며, 특히 제초제 사용과 토양 관리 방식이 다른 관행 농업과 유기 농업 간 잡초 분포 비교는 맞춤형 관리 전략 수립에 중요한 근거가 된다. 본 연구는 2021년, 2025년 경상도 지역의 관행 및 유기 농업 밭의 잡초 분포 특성을 비교 분석하였다. 경상도 관행 및 유기 밭 4개 지역을 대상으로 Braun-Blanquet(1964)의 7등급 기준에 따라 연간 3회 실시하였다. 조사한 결과 2025년에는 관행 농업에서 25과, 55속, 59종, 4아종, 4변종으로 총 67분류군이, 유기 농업에서 41과, 81속, 89종, 6아종, 4변종으로 총 99분류군이 확인되었으며, 전체적으로는 43과, 91속, 106종, 6아종, 5변종으로 총 117분류군이 조사되었다. 환삼덩굴은 옥수수 관행 및 유기 농업 모두에서 우점종으로 확인되었다. 2021년도와 비교하면 관행 농업의 분류군수는 69분류군에서 67분류군으로 큰 변화가 없었던 반면, 유기 농업은 77분류군에서 99분류군으로 뚜렷이 증가하였고, 전체적으로는 104분류군에서 117분류군으로 늘었다. 우점종 역시 관행 농업은 바랭이에서 환삼덩굴로, 유기 농업은 바랭이에서 쑥, 바랭이로 변화하여 두 농업 방법이 모두 시간 경과에 따른 우점종 변화가 확인되었다. 잡초 군집의 다양성을 정량적으로 비교하기 위해 종 다양성지수(H')를 산출한 결과, 관행농업에 비해 유기농업에서 출현 종 수와 다양성지수(H`)가 더 높게 나타나 유기 농업이 식물 다양성 증진에 긍정적인 영향을 미치는 것으로 나타났다. 2021년 관행 H'=3.240, 유기 H'=3.300이었으며, 2025년에는 관행 H'=3.748, 유기 H'=4.093으로 각각 증가하였다. 2021년 전체 H'=3.403, 2025년에는 H'=4.120으로 증가하였다. 이는 조사 대상 농경지의 전반적인 식생 다양성이 확대되었을 뿐만 아니라, 군락의 균등도가 향상되면서 생태계가 점차 안정적인 구조로 변화하고 있음을 나타냈다. 또한, 재배 방식별 특성을 반영한 잡초 관리 전략 수립과 유기 농업에서의 화학적 제초제에 의존하지 않는 방제 기술 개발에 실질적 근거를 제공할 것으로 판단된다.

** 본 연구는 농촌진흥청(과제번호: RS-2026-25518774)의 지원으로 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: cave50joo@gmail.com

P6-13

국립백두대간수목원 종자은행 2025년 저장종자의 초기 활력 특성

김건모[p], 신운섭, 이형주, 이종숙, 이태훈 나채선[c]

국립백두대간수목원 산림생물자원본부 야생식물종자실

국립백두대간수목원은 2018년부터 야생식물종자은행을 운영하며 매년 자생지에서 수집된 종자를 장기 저장하고 있다. 저장종자의 활력을 평가하기 위해 X-ray를 이용한 충실률 검사, 발아검정 및 TZ(tetrazolium) test를 단계적으로 수행하고 있다. 본 연구에서는 2025년 저장종자 중 충실률이 80% 이상인 25과 83종 198점(accession)을 대상으로 발아 및 활력 특성을 조사하였다. 대상 종자는 벼과 90점(45.5%), 배추과 47점(23.7%), 사초과 16점(8.1%), 콩과 13점(6.6%) 순으로 많았으며, 이들 4개 과가 전체의 83.8%를 차지하였다. 발아검정은 무처리 종자를 대상으로 종 특성에 따라 5~30℃의 항온 또는 25/15℃ 변온조건에서 실시하였다. 발아검정 결과, 최종발아율이 80% 이상인 종자는 105점(53.0%), 50~79%는 29점(14.6%), 50% 미만은 64점(32.3%)으로, 전체 198점 중 134점(67.7%)에서 50% 이상의 발아율을 나타냈다. 발아 후 미발아 종자에 대해서는 TZ test를 실시하여 잔존 활력을 평가하였으며, TZ 판정 결과를 포함하여 최종 활력률 산정이 가능한 166점 중 112점(67.5%)이 80% 이상, 21점(12.7%)이 50~79%의 활력률을 나타내어 총 133점(80.1%)에서 50% 이상의 활력이 확인되었다. 일부 미립종자와 곰팡이가 발생한 종자는 TZ 판정에 제한이 있었다. 또한 동일 종에서도 accession에 따라 발아율에 큰 차이가 나타났으며, 냉이는 1~98%, 얼치기완두는 17~95%, 돌피는 31~100%의 범위를 보여 종 내에서도 종자 활력의 변이가 확인되었다. 이러한 결과는 국립백두대간수목원 종자은행에 저장되는 종자의 초기 활력을 accession별로 평가하고 그 차이를 파악하기 위한 기초자료로 활용될 수 있으며, 향후 저장종자의 주기적인 활력 모니터링과 종자 품질관리 체계 구축에 활용될 것으로 판단된다.

** 본 연구는 산림청(한국임업진흥원) 연구과제(사업번호: RS-2021-KF001795)의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: chaesun.na@koagi.or.kr

P6-14

Comparison of dragonfly emergence characteristics between paddy fields and artificial wetlands

Yeonju Lee[p], Sojin Yeob, Sangmin Jun, Buyeong Oh, Byungmo Lee, Jongmun Lee, Yerin Yang, Wookjae Lee, and Jinu Eo[c]

Climate Change Division, National Institute of Agricultural Sciences, RDA, Wanju 55365, Korea

Dragonflies are important components of aquatic and terrestrial food webs. Their emergence timing varies among species and environmental conditions. Paddy fields undergo repeated flooding and drainage during rice cultivation, which may affect dragonfly emergence. This study compared emergence timing and seasonal species composition between paddy fields and artificial wetlands. From 2025 to 2026, dragonfly exuviae were collected three times per week from paddy fields and artificial wetlands (1m × 1m). In paddy fields, *Orthetrum albistylum* and *Pantala flavescens* were predominant. *O. albistylum* was dominant from July to early August, followed by *P. flavescens*. In artificial wetlands, both years showed a seasonal sequence of *O. albistylum*, *Crocothemis servilia*, and *P. flavescens*. *O. albistylum* emergence began in mid-April in both years, while emergence of *C. servilia* was concentrated around August. Differences in emergence patterns between the two environments may be associated with flooding and rice transplanting periods. This study provides baseline information on seasonal dragonfly emergence in paddy fields and surrounding wetland environments.

** This work was carried out with the support of "Cooperative Research Program for Agricultural Science and Technology Development (RS-202400397542) and the 2026 RDA Fellowship Program of National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Republic of Korea.

Corresponding author E-mail: eojiny@korea.kr

P6-15

피속(*Echinochloa*) 3종의 종자 발아 특성 및 최적 발아 조건

이지훈[p1], 송수현[2], 홍미현[1], 김승희[1], 김준혁[1], 나채선[c1]

[1]국립백두대간수목원 산림생물자원본부 야생식물종자실
[2]대구광역시 수목원관리사무소 교육연구팀

피속(*Echinochloa*) 식물은 식량 및 사료 작물로 활용되어 유전자원으로서 중요성이 높다. 그중 물피[*Echinochloa crus-galli var. echinata* (Willd.) Honda], 좀돌피(*Echinochloa crus-galli var. praticola* Ohwi), 논피[*Echinochloa oryzicola* (Vasinger) Vasinger]는 산림 내 작물재래원종(Crop wild relative, CWR)으로서 미래 식량으로 활용 가능성이 있으나, 종자 발아 정보는 부족하다. 따라서 본 연구는 CWR의 활용을 위해 피속 3종의 발아 특성을 분석하여 최적 발아 조건을 확립하고자 한다. 종자는 2025년 9-10월에 수집하여 국립백두대간수목원 종자은행(-20℃)에 보관 후 사용하였다. 종자의 발아 특성을 확인하기 위해 기초 특성을 조사하고, 발아 실험(5, 15/6, 20/10, 25/15℃)을 수행하였다. 이후 지베렐린(0, 100, 250, 500, 1000 $mg \cdot L^{-1}$, 2일 침지)과 저온 층적(5℃, 0, 4, 8, 12주) 처리 후 25/15℃에서 발아를 확인하였다. 모든 실험은 25립 4반복으로 수행하고, 30일간 발아를 관찰하여 최종 발아율(Final germination, FG), 발아소요일수(Mean germination time, MGT)를 계산하였다. 기초 특성 조사 결과, 물피, 좀돌피, 논피의 활력은 각각 92.5 ± 1.0, 85.0 ± 2.0, 67.5 ± 1.4%이며, 발달된 배와 원활한 수분흡수로 형태적 및 물리적 휴면은 아닌 것으로 판단하였다. 발아 실험에서 모두 5℃는 발아하지 않았으며, 25/15℃에서 물피(99.0 ± 1.0%, 3.7 ± 0.1), 좀돌피(92.0 ± 6.3%, 6.6 ± 0.2), 논피(46.0 ± 6.2%, 5.8 ± 0.2)의 FG, MGT가 가장 우수하였다. 따라서 물피와 좀돌피는 비휴면으로, 논피는 활력 대비 낮은 발아율로 약 20%는 생리적 휴면으로 판단하였다. 지베렐린 처리는 효과가 없었으나, 4주 층적 처리로 물피(99.0 ± 1.0%, 1.59 ± 0.1), 좀돌피(98.0 ± 2.0%, 4.76 ± 0.3), 논피(55.0 ± 9.29%, 3.73 ± 0.4)의 MGT가 단축되고 논피의 발아가 향상되었다. 결론적으로 물피, 좀돌피는 비휴면이며, 논피는 약 20%의 생리적 휴면으로 저온 층적을 통해 발아 향상 및 발아소요일수 단축이 가능하였다.

** 본 연구는 산림청(한국임업진흥원) 산림과학기술 연구개발사업(RS-2021-KF001796)의 지원으로 수행되었음.

교신저자 E-mail: chaesun.na@koagi.or.kr

P6-16

Persistence of the bar transgene during recurrent backcrossing between GM *Brassica napus* and *Brassica rapa* subsp. *narinosa*: Morphological and SSR marker evidence

Subramani Pandian, Eun-Kyoung Shin[p], and Soo-In Sohn[c]

Department of Agricultural Biotechnology, National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Jeonju 54874, Republic of Korea

Interspecific hybridization between genetically modified (GM) crops and their wild or closely related species represents an important pathway for transgene escape and is therefore a major consideration in environmental biosafety assessment. This study evaluated the potential for transgene introgression from GM *Brassica napus* L. into the related species *Brassica rapa* subsp. *narinosa* through interspecific hybridization and recurrent backcrossing. A GM *B. napus* line (TG#39) carrying the herbicide-resistance *bar* gene was used as the transgenic parent, and reciprocal crosses were performed with *B. rapa*. The DC × TG#39 and TG#39 × DC crosses showed crossability indices of 16.2 ± 2.8 and 19.2 ± 1.6, respectively. Although crossability declined in subsequent F_2 and backcross generations (BC_1 and BC_2), viable backcross progenies were successfully obtained. Morphological analysis revealed that F_1 hybrids exhibited donor-like or intermediate characteristics, whereas BC_1 progenies showed substantial phenotypic variation. By contrast, BC_2 progenies displayed more stable phenotypes and greater similarity to their respective recurrent parents, while retaining some intermediate characteristics. Combined morphological and SSR marker analyses further demonstrated progressive, lineage-specific recovery of the corresponding recurrent parental genetic background during successive backcrossing. Notably, in the DC × TG#39 lineage, the *bar* transgene remained detectable in BC_2 progenies despite their increased similarity to the *B. rapa* recurrent-parent background. These results demonstrate that a transgene derived from GM *B. napus* can persist across interspecific hybridization and successive backcross generations, highlighting the potential for continued transgene introgression into related *Brassica* populations. The findings provide useful evidence for post-release monitoring strategies and environmental biosafety risk assessment of GM *Brassica* crops.

Corresponding author E-mail: sisohn@korea.kr

P6-17

자생식물 13종의 장기저장에 따른 종자 활력 변화 및 저장특성 평가

김가은[p1,2], 김현민[1], 문미정[1], 이형주[1], 손연화[1], 나채선[c1]

[1]국립백두대간수목원 산림생물자원본부 야생식물종자실
[2]한경국립대학교 탄소중립바이오시스템융합학과

자생식물종자는 식물자원의 보전 및 지속적인 활용을 위한 중요한 유전자원으로서, 종자은행을 통한 안정적인 장기보전이 필요하다. 그러나 자생식물을 대상으로 장기저장에 따른 종자의 활력 변화와 저장특성을 평가한 연구는 아직 미흡한 실정이다. 따라서 본 연구는 국립백두대간수목원 종자은행(–20°C, 40% RH)에 5년간 저장된 자생식물 13종 31점을 대상으로 종자 활력 변화를 분석하여 장기저장에 따른 종자의 저장특성을 평가하였다. 2020~2021년 저장된 가는기린초(*Phedimus aizoon*), 개쑥부쟁이(*Aster meyendorffii*), 담배풀(*Carpesium abrotanoides*), 돌피(*Echinochloa crus-galli*), 딱지꽃(*Potentilla chinensis*), 바늘꽃(*Epilobium pyrricholophum*), 산오이풀(*Sanguisorba hakusanensis*), 쌀새(*Melica onoei*), 영아자(*Asyneuma japonicum*), 익모초(*Leonurus japonicus*), 장구채(*Silene firma*), 큰뱀무(*Geum aleppicum*) 및 파리풀(*Phryma leptostachya*)을 대상으로 저장기간에 따른 발아율을 비교하였다. 13종 29점은 5년 저장 후에도 73.0 ± 8.1~100.0 ± 0.0%의 발아율을 유지하였으며, 저장기간에 따른 유의미한 차이는 나타나지 않았다. 반면, 돌피 1점은 저장 전 71.0 ± 1.0%에서 저장 후 94.0±1.2%로 발아율이 유의하게 증가하였다. 담배풀 1점은 95.0 ± 1.9%에서 77.0 ± 3.8%로 유의하게 감소하였으며, 큰뱀무 1점에서도 95.0 ± 1.9%에서 79.0±5.5%로 유의한 발아율 감소가 확인되었다. 본 연구에서 조사한 13종은 –20°C 조건에서 5년간 활력을 유지하여 장기저장에 적합한 Orthodox 저장특성을 나타내는 것으로 평가되었다. 이러한 결과는 자생식물 종자의 장기보전을 위한 종자은행 저장관리 및 보전전략 수립에 유용한 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

** 본 연구는 한국임업 진흥원(RS-2025-02253003)의 지원에 의해 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: chaesun.na@koagi.or.kr

P6-18

Nationwide temporal patterns in amphibian diversity and community composition revealed by coverage-standardized long-term surveys

Hong-Suk Koh[pc]

National Ecosystem Survey, National Institute of Ecology
Seocheon 33657, Republic of Korea

This study evaluated nationwide temporal patterns in amphibian diversity and community composition using long-term, spatially extensive survey data, while accounting for accounting for differences in sampling effort and sample completeness through balanced subsampling and coverage-based rarefaction. Taxon accumulation curves, alpha diversity indices, and mean recorded abundance were calculated, while PERMANOVA, PERMDISP, non-metric multidimensional scaling, and SIMPER analyses were conducted on the original dataset and the datasets standardized by balanced subsampling and coverage-based rarefaction. The most recent survey cycle had the highest cumulative taxon richness, whereas taxa accumulated more slowly during the earliest cycle, for which the accumulation curve did not reach a clear asymptote. Grid-level diversity differed significantly among survey cycles, but most effect sizes were small; after coverage standardization, the intermediate and most recent cycles exhibited broadly similar diversity patterns. Community composition also differed significantly among survey cycles, although substantial overlap in ordination space and the small proportion of variation explained by survey cycle suggested limited ecological separation. Across pairwise comparisons, the five leading taxa collectively contributed approximately 65% of Bray–Curtis dissimilarity on average. Several common taxa exhibited their highest mean recorded abundance during the most recent cycle. Overall, amphibian community composition remained broadly consistent over time, and the observed differences may reflect a combination of ecological variation and methodological factors, including differences in survey design, detectability, and spatial coverage.

Corresponding author E-mail: hskoh@nie.re.kr

P6-19

상주보 인근 수중 퇴적토의 돌말류 다양성 및 미기록종 후보 탐색

이혜진[p], 박미례, 이창수, 이상득[c]

국립낙동강생물자원관 원생생물연구부

본 연구는 낙동강 상주보 인근 수중 퇴적토에 보존된 돌말류의 분류학적 다양성을 조사하고, 국내 미기록종 후보를 탐색하기 위해 수행하였다. 핸드 코어를 이용하여 총 21 cm 깊이의 퇴적토를 채취한 후, 1 cm 간격으로 분할하여 분석 시료를 확보하였다. 광학현미경(LM)과 주사전자현미경(SEM)을 이용하여 돌말류의 화상자료를 확보하고, 형태 및 초미세구조 관찰을 바탕으로 종 동정을 수행하였다. 본 발표에서는 현재까지 관찰 결과가 정리된 표층 0–9 cm 구간의 분석 결과를 제시하였다. 분석 결과, 전체 관찰 구간에서 총 69속의 돌말류가 확인되었다. 가장 많은 종이 출현한 구간은 2–3 cm로 63 종이었으며, 1–2 cm에서 59 종, 0–1 cm에서 54 종이 확인되었다. 전체 9개 구간 중 5개 이상의 구간에서 공통으로 출현한 분류군은 12 종으로, *Asterionella formosa, Cocconeis placentula, Diatoma vulgaris, Gyrosigma acuminatum* 등이 포함되었다. 확인된 분류군은 저서성 담수종이 주를 이루었다. 또한, *Diploneis boldtiana, Kobayasiella micropunctata, Paraplanothidium sheathii* 등을 포함한 총 25개의 국내 미기록종 후보가 도출되었으며, 후보가 가장 많이 확인된 구간은 1–2 cm였다. 이러한 결과는 상주보 인근 수중 퇴적토에 다양한 돌말류 분류군이 보존되어 있으며, 퇴적토를 대상으로 한 현미경 기반 조사가 국내 돌말류 다양성 파악과 미기록 분류군 탐색에 활용될 수 있음을 보여준다. 향후 미분석 구간의 관찰을 확대하고, 미기록종 후보의 원기재문 및 국내 기록 검토와 형태학적 비교를 통해 분류학적 실체를 검증하고자 한다.

교신저자 E-mail: diatom83@nnibr.re.kr

P6-20

국립공원 서식지 상태 평가지표 선정: 수정 델파이 기법을 활용한 단계적 접근

김지영[p], 최대훈, 김정은, 이승록, 명현호[c]

국립공원연구원 생태연구부

국립공원의 서식지는 기후변화, 탐방압, 외래종 확산 등의 다양한 교란 외부 압력에 노출되어 있다. 그러나 기존의 생물종 중심 조사만으로는 서식지의 상태를 종합적으로 진단하거나 공원별 관리 우선순위를 정하는 데 한계가 있다. 이에 본 연구는 국립공원 간 단순 서열화가 아닌 생태계 건강성 저하 원인 진단, 취약지역의 공간적 파악 및 관리 우선순위 설정, 보전·복원·교란 저감·기후 적응을 위한 과학적 의사결정을 목적으로 국립공원 서식지의 상태를 구조(Structure), 기능(Function), 교란(Disturbance)의 측면에서 진단할 수 있는 핵심 평가지표를 마련하고자 하였다. 산림 및 수생태계 상태 평가 후보 지표 70개를 문헌 분석을 통해 도출하였다. 이후 전문가 워크숍과 수정 델파이 기법을 적용하여 적합한 후보 지표를 단계적으로 추출하였다. 1차 설문에는 내·외부 전문가 23명이 참여하였으며, 강제 순위 법을 적용하여 각 평가 영역 내 후보 지표의 우선순위를 응답하도록 하였다. 그 결과 1순위 선택률과 동순위 지표를 함께 고려하여 37개 지표로 압축하였다. 이어 내·외부 전문가 15명을 대상으로 2·3차 검토를 진행하여 각 지표의 필요성과 현장 적용 가능성을 재확인하였다. 이 과정에서 지표의 정의와 평가목적을 명확히 하고, 유사한 정보를 나타내는 지표 간 중복성과 자료 확보 가능성을 함께 검토하여 후보 지표를 조정하였다. 이러한 과정을 거쳐 산림생태계 9개, 수생태계 9개, 총 18개의 핵심 평가지표를 확정하였다. 지표는 구조·기능·교란의 평가 영역과 다양한 종·개체군, 군집·생태계, 경관·유역의 공간 수준을 고려하여 구성하였다. 확정된 지표는 향후 국립공원별 생태계 건강성 평가와 GIS 기반 공간분석을 통한 취약지역 도출에 활용할 수 있을 것이다. 본 연구는 문헌 분석과 전문가 합의를 결합한 단계적 절차로 국립공원 서식지 상태 평가에 필요한 핵심 평가지표를 마련하였다는 데 의의가 있으며, 후속 연구에서는 도출된 지표를 활용하여, 공원별 분석평가를 진행함으로써 서식지 상태를 파악하고, 지표의 현장 적용성과 평가 기준의 타당성을 검증할 예정이다.

교신저자 E-mail: ecomyung@knps.or.kr

P6-21

Allometric models to estimate blue carbon stock of cultivated seaweeds

Ji Hwan Oh[p1], Huijin Jeong[1], Yun Hee Kang[2], and Sang Rul Park[c1,3]

[1]Estuarine & Coastal Ecology Laboratory, Department of Marine Life Sciences, Jeju National University, Jeju, 63243, Republic of Korea
[2]Center for Climate Change Response, Jeju National University, Jeju, 63243, Republic of Korea
[3]NAVI Hyper-Tropicalization Research Institute, Jeju National University, Jeju, 63243, Republic of Korea

As macroalgae gain recognition as prospective blue carbon sinks, accurate quantification of total cultivated biomass is essential. This study established non-destructive allometric equations for four major cultivated brown algae (*Ecklonia cava*, *E. stolonifera*, *Saccharina japonica* and *Undaria pinnatifida*) at Jindo. Blade area and blade-length parameters showed strong power relationships with individual weight (r^2 = 0.75-0.85, $P < 0.001$). Specifically, the longest blade length × blade number served as the most robust predictor for *E. cava* (r^2 = 0.80), whereas blade area best predicted biomass for the other three species. Conversely, stipe length alone exhibited the lowest predictive capacity across all examined species (r^2 = 0.20-0.40). Tissue nitrogen content peaked during winter (January), whereas tissue carbon content increased markedly during the late growth stage in June. Consequently, C:N ratios reached annual minima in January before increasing to 16-20 in June. These allometric models enable reliable, non-destructive biomass assessments, facilitating certified blue carbon accounting in seaweed aquaculture.

Corresponding author E-mail: srpark@jejunu.ac.kr

P6-22

A decadal shift in *Scleronephthya gracillima* assemblages driven by ocean warming and marine heatwaves in Jeju Island

Hyun Woo Jeong[p1], Su Hyun Kim[1], Yun Hee Kang[1,3], and Sang Rul Park[c1,2]

[1]Estuarine & Coastal Ecology Laboratory, Department of Marine Life Science, Jeju National University, Jeju, 63243, Republic of Korea
[2]NAVI Hyper-Tropicalization Research Institute
[3]Center for Climate Change Response, Jeju National University, Jeju, 63243, Republic of Korea

Rising seawater temperatures are altering marine ecosystem structure worldwide. Jeju Island, Korea, is undergoing warming among the most rapid recorded globally. *Scleronephthya gracillima*, a dominant subtidal soft coral that provides habitat and sustains biodiversity in this region, has recently exhibited marked declines in coverage coinciding with this warming trend. To determine how temperature change and marine heatwaves (MHWs) are associated with this decline, we analyzed long-term (2015-2025) records of *S. gracillima* and seaweed coverage and water temperature at 20 m depth at Munseom, Jeju Island. Water temperature increased significantly over the study period, with annual maximum and mean temperatures exhibiting pronounced warming trends while minimum temperature showed no significant change. MHW frequency, duration, and cumulative intensity increased steadily, culminating in intense summer MHWs during 2023-2025. Coverage of the dominant species *S. gracillima* showed a significant negative correlation with annual mean water temperature, whereas other coral species showed no significant correlation. In contrast, most seaweed species showed a significant positive correlation. These results indicate that continued warming will further diminish *S. gracillima* coverage, with broader consequences for subtidal community structure, and underscore the importance of long-term monitoring as an indicator of subtidal ecosystem response.

Corresponding author E-mail: srpark@jejunu.ac.kr

P6-23

가시광-근적외선 반사 스펙트럼을 활용한 나노프라이밍 처리 고추 종자의 판별

허예진[p1], 이용호[2], 공시은[3], 서예린[3], 우지연[1], 유남곤[1], 김현식[3], 이제원[3], 임성욱[3], 포우델 아닐[2], 프라밧 아디카리[2], 홍선희[c2,3]

[1]한경국립대학교 탄소중립바이오시스템융합학과
[2]한경국립대학교 인문생태융합리질리언스연구실
[3]한경국립대학교 식물자원조경학부

나노프라이밍은 나노입자를 종자에 처리하여 발아 및 생리적 특성을 조절·향상시키는 기술이다. 본 연구는 다양한 나노프라이밍 처리가 수행된 종자의 반사 스펙트럼을 활용하여 나노프라이밍 처리조건을 판별하기 위해 수행되었다. 나노프라이밍 소재로는 산화구리와 다중벽탄소나노튜브를 사용하였다. 입자크기는 산화구리 10, 40, 80 nm, 다중벽탄소나노튜브 8~18, 30~50, 48~78 nm를 사용하였으며 처리농도는 10, 50, 100 ppm, 시간은 1, 5, 16, 24시간으로 설정하였다. 분광 스펙트럼 분석기를 이용하여 각 나노프라이밍 처리조건의 종자를 대상으로 325~1075 nm 파장 범위에서 비접촉·비파괴 방식으로 처리구별 500개의 스펙트럼을 측정하여 총 37,000개의 데이터를 수집하였다. 수집한 스펙트럼에는 raw spectra(RAW), Savitzky-Golay first derivative(SG1), standard normal variate(SNV), SG1과 SNV를 결합한 전처리(SG1 + SNV)를 적용하고, 이후 Extra Trees, Random Forest, support vector machine with radial basis function kernel 모델을 이용하여 전처리와 분류모델 조합에 따른 처리구 판별 성능을 비교하였다. 분석 결과, 전체 처리구 73개 판별에서는 SG1과 Extra Trees 조합이 99.2%로 가장 높은 성능을 나타냈다. 산화구리 처리구에서 입자크기는 RAW와 Random Forest 조합이 99.8%, 처리농도는 SNV와 Random Forest 조합이 99.7%, 처리시간은 SG1 + Extra Trees 조합이 98.3%로 가장 높은 판별 성능을 나타냈다. 다중벽탄소나노튜브 처리구에서 입자크기는 SG1과 Random Forest 조합이 99.8%, 처리농도는 RAW와 Random Forest 조합이 100.0%, 처리시간은 SNV와 Random Forest 조합이 99.0%로 가장 높은 판별 성능을 나타냈다. 이는 나노프라이밍 조건에 따라 종자의 가시광-근적외선 영역의 반사 특성이 변화하였으며 광학적 차이를 머신러닝을 통해 판별할 수 있음을 의미한다. 본 기술은 종자를 훼손하지 않고 처리 상태를 평가할 수 있어 분석 과정에서 발생하는 종자 손실과 자원 소모를 줄일 수 있으며, 지속가능한 종자관리 기술로 활용될 가능성이 있다.

** 본 연구는 농림식품기술기획평가원의 농식품과학기술 융합형 연구인력양성사업(RS-2024-00400922) 및 종자 부가가치 제고기술(RS-2025-02304278)의 지원에 의해 수행되었음

교신저자 E-mail: shhong@hknu.ac.kr

P6-24

고추 종자의 산화구리(CuO) 및 다중벽탄소나노튜브(MWCNT) 나노프라이밍 최적 처리조건 선정과 산화구리 처리요인 간 상호작용 분석

허예진[p1], 이용호[2], 공시은[3], 서예린[3], 우지연[1], 유남곤[1], 김현식[3], 이제원[3], 임성욱[3], 포우델 아닐[2], 프라밧 아디카리[2], 홍선희[c2,3]

[1]한경국립대학교 탄소중립바이오시스템융합학과
[2]한경국립대학교 인문생태융합리질리언스연구실
[3]한경국립대학교 식물자원조경학부

기후변화 대응과 탄소중립 실현을 위해 지속가능한 농업기술의 중요성이 증가함에 따라, 투입 자원의 효율성을 높이고 안정적인 작물 생산을 가능하게 하는 종자 품질 향상 기술에 대한 관심도 높아지고 있다. 종자 품질은 작물의 균일한 출현과 초기 생육을 결정하는 중요한 요인으로 고품질 종자의 생산 및 품질 향상 기술은 종자산업의 경쟁력 확보를 위해 중요하다. 종자 프라이밍은 파종 전 종자에 적절한 수분 및 처리물질을 공급한 후 건조하여 발아 과정의 초기 대사활동을 유도함으로써 발아율과 발아 균일성을 향상시키는 기술이며 최근에는 나노물질을 이용한 나노프라이밍의 활용 가능성이 연구되고 있다. 본 연구는 산화구리 및 다중벽탄소나노튜브 나노프라이밍이 고추 종자의 발아특성에 미치는 영향을 평가하기 위해 입자크기, 처리농도 및 처리시간에 따른 최적 처리조건을 선정하고, 세 요인 간 상호작용이 발아세에 미치는 영향을 분석하였다. 산화구리는 10, 40, 80 nm, 다중벽탄소나노튜브는 8~18, 30~50, 48~78 nm의 입자크기를 사용하였으며, 각각 10, 50, 100 ppm의 처리농도와 1, 5, 16, 24시간의 시간을 조합하여 처리 후 고추 종자의 발아세(First count of normal seedings)와 최종 발아율(Final germination)을 조사하였다. 그 결과 대조구의 발아세는 19.5 ± 1.0%, 산화구리 10 nm 50 ppm 24시간은 50.5 ± 2.6%, 다중벽탄소나노튜브 8~18 nm 100 ppm 24시간은 38.5 ± 1.5%로 유의성 있게 향상되었다. 발아율은 대조군과 유의성있는 차이가 발견되지 않았다. 최종적으로 산화구리 10 nm 50 ppm 24시간 처리를 최적 나노프라이밍 처리조건으로 선정되었다. 산화구리 처리조건에 따라서는 10 ppm의 10 nm 처리에서는 처리시간 증가에 따라 발아세가 증가한 후 감소하였지만 50 ppm의 10 nm 처리에서는 처리시간 증가에 따라 발아세가 크게 증가하여 24시간에서 가장 높은 증가 양상을 보였다. 하지만 40 및 80 nm 처리에서는 상대적으로 변화가 작았다. 이는 산화구리 나노프라이밍의 효과가 입자 크기에 따라 농도와 시간의 효과가 상이함을 보여준다.

** 본 연구는 농림식품기술기획평가원의 농식품과학기술 융합형 연구인력양성사업(RS-2024-00400922) 및 종자 부가가치 제고기술사업(RS-2025-02304278)의 지원에 의해 수행되었음

교신저자 E-mail: shhong@hknu.ac.kr

P6-25

Impacts of long-term sea surface temperature rise on the morphology and productivity of *Zostera marina*

Jun Hyun Lim[p1], Kyung Jung Chung[1], Yun Hee Kang[2], and Sang Rul Park[c1,3]

[1]Estuarine & Coastal Ecology Laboratory, Department of Marine Life Sciences, Jeju National University, Jeju, 63243, Republic of Korea
[2]Center for Climate Change Response, Jeju National University, Jeju, 63243, Republic of Korea
[3]NAVI Hyper-Tropicalization Research Institute, Jeju National University, Jeju, 63243, Republic of Korea

Temperate seagrass meadows are increasingly imperiled by climate-driven coastal warming and recurrent marine heatwaves (MHWs). Utilizing a decadal monitoring dataset (2013-2026), this study evaluated the long-term ecological responses of *Zostera marina* to shifting coastal regimes. Physicochemical parameters were continuously quantified alongside photosynthetic pigments, shoot morphology, density, productivity, and biomass. While vegetative development was accelerated within optimal spring thermal windows, summer conditions consistently exceeded biological thermal thresholds. Notably, the absence of episodic summer typhoons prevented heat dissipation to the atmosphere, sustaining elevated thermal energy in shallow coastal waters. This deficit in storm-induced cooling extended MHW duration and maintained sustained high seawater temperatures. Prolonged MHW events were statistically significantly correlated with physiological impairment, evidence by chlorophyll degradation, shoot morphological reduction, and suppressed productivity. These sustained thermal extremes precipitated extensive community-level biomass collapses and shoot die-offs unaffected by ambient nutrient or light availability. Decadal trajectory analyses revealed that persistent thermal stress and sustained heat retention led to an attenuation of annual peak biomass and delayed demorphic recovery. These findings demonstrate that the absence of storm-driven thermal alleviation exacerbates climate warming, establishing MHW duration and heat dissipation as critical determinants for seagrass resilience.

Corresponding author E-mail: srpark@jejunu.ac.kr

P6-26

밤나무(*Castanea crenata*)의 장기 저장조건에 따른 종자활력 및 저장특성 평가

공시은[p1], 이용호[3], 유남곤[2], 허예진[2], 우지연[2], 서예린[1], 임성욱[1], 이제원[1], 김현식[1], 프라밧 아디카리[2], 포우델 아닐[2], 홍선희[c1,3]

[1]한경국립대학교 식물자원조경학부
[2]한경국립대학교 탄소중립바이오시스템융합학과
[3]한경국립대학교 인문생태융합리질리언스실험실

밤나무(*Castanea crenata*)는 산림청의 조림 권장 수종 중 유실 수종으로 난저장성(Recalcitrant) 특성을 가지고 있다. 밤 종자의 품질을 안정적으로 유지하기 위해서는 수분 상태, 저장온도 및 공기 조성을 고려한 적정 저장조건의 확립이 필요하다. 본 연구는 대보 밤 종자를 활용하여 최적 저장조건을 탐색하기 위해 습윤 처리(침지 30분) 또는 건조처리(25℃, 50%RH 1주) 후 포장 방식(밀폐 또는 타공)과 저장 온도(-2℃, 2℃ 및 25℃)를 조합한 5개 조건으로 저장 후 발아율, 발아세, 건묘율 및 테트라졸륨을 활용한 활력률을 조사하였으며, 수분함량 측정 방법의 최적화를 위해 종자 개수(2, 3, 5개)와 종피 유무에 따른 수분함량의 변동계수(coefficient of variation, CV)를 비교하였다. 그리고 저장조건에 따른 공기 조성 변화를 파악하기 위해 포장 타공 수준(밀폐, 타공 2, 타공 4)과 온도(-5℃, -1℃, 5℃, 15℃, 25℃)에 따른 산소, 이산화탄소 농도 변화를 측정하였다. 최적 저장조건 탐색 시험 결과, 저장 시 98%부터 저장 167일 후 습윤, 타공 -2℃와 2℃ 처리의 발아율은 각각 64 ± 23.0%와 72 ± 19.2%(mean ± SD, n=5)였으며, 두 처리 간 유의한 차이는 없었다($p=0.526$). 발아세는 각각 46%와 34%, 건묘율은 각각 36%와 48%였으며, 건조 밀폐(25℃, 2℃) 및 건조 타공 2℃ 조건에서는 발아 지표가 모두 0%였다. 활력률은 발아율($\rho=0.749$), 발아세($\rho=0.585$) 및 건묘율($\rho=0.788$)과 양의 상관을 보였으나, 실제 발아 지표보다 높은 값을 나타내는 경향을 보였다. 수분함량 측정 최적화 시험에서는 종자 5개·종피 포함 조건에서 CV가 2.81%로 가장 낮아 높은 측정 반복성을 보였다. 저장조건에 따른 공기 조성 측정 결과 초기 반복측정 구간(약 39시간)에서 밀폐 조건의 산소 농도는 타공 조건보다 유의하게 낮았고($p<0.001$), -5, -1 및 5℃에서는 15℃와 25℃보다 유의하게 높았다($p<0.05$). 이산화탄소 농도는 15℃와 25℃의 밀폐 조건에서 높게 나타났으며, 시간×온도×포장 방식의 상호작용이 유의하였다($p<0.001$). 이 결과는 밤 종자와 난저장성 산림종자의 적정 저장조건 구명을 위한 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

** 본 연구는 한국임업 진흥원(RS-2025-02253003), 농림식품기술기획평가원의 농식품과학기술 융합형 연구인력양성사업(RS-2024-00400922)의 지원에 의해 수행되었음

교신저자 E-mail: shhong@hknu.ac.kr

P6-27

신규 지정 금정산국립공원 내륙습지의 생태학적 특성

이준수[p1], 박소원[1], 명현호[1], 송희진[2], 김세희[2], 성희진[2], 신이찬[c1]

[1]국립공원공단 국립공원연구원
[2](주)두산

금정산국립공원은 2025년 신규 지정된 국립공원으로, 부산광역시와 경상남도 양산시에 걸쳐 산림, 계곡, 하천 및 다양한 습지생태계 등이 도시지역과 인접해 분포한다. 내륙습지는 수생 및 육상 생물의 서식·번식처일 뿐 아니라 탄소를 저장하는 생태계로서도 중요하다. 본 연구는 신규 지정된 금정산국립공원 내륙습지의 분포 및 신규 습지 발굴, 그리고 생태학적 특성을 파악하고자 하였다. 2026년 금정산국립공원 내륙습지를 대상으로 신규 습지 발굴 및 생태계 조사를 실시하였다. 신규 습지 발굴은 GIS 공간정보를 활용하여 습지 가능 지역을 예측하고 현장조사를 통해 습지 여부를 확인하였으며, 생태학적 특성을 알기 위해 수리·수문, 식생, 식물, 조류, 포유류, 양서·파충류, 담수어류, 저서성대형무척추동물 등 8개 분야를 조사하였다. 조사 결과, 신규 습지 발굴은 기존 13개소에 더해 12개소의 신규 습지를 확인하여 총 25개소(총 면적 87,917㎡)를 확인하였고, 확인한 습지 25개소의 탄소저장량은 3,492 CO_2톤으로 추정되었다. 생물다양성 조사 결과, 총 484종 출현하였으며, 멸종위기야생생물(II급)은 7종을 확인하였다. 본 연구는 신규 지정 금정산국립공원 내륙습지의 분포 및 신규 습지 발굴과 생물다양성, 탄소저장량을 제시했다는 점에서 의의가 있다. 향후 습지별 생태적 특성과 보전가치를 바탕으로 지속적인 모니터링을 실시하고, 생물다양성과 탄소저장 기능을 고려한 체계적인 보전·관리 방안을 마련할 필요가 있다.

교신저자 E-mail: biotop@knps.or.kr

P6-28

국립공원 단절 하천 및 어류 군집 현황

김정은[p1], 윤봉한[2], 임우찬[3], 명현호[c1]

[1]국립공원공단 국립공원연구원
[2]한국생태네트워크
[3]국립공원공단

수생태계 종적 연속성은 담수 생물다양성 보전과 자연스러운 물질 순환을 유지하기 위한 핵심 기작이다. 과거 재난·재해 예방, 농업용수 확보, 치수 등을 목적으로 건설된 인공구조물(보, 낙차공)은 물길을 변형시키고 하천 상·하류를 차단하여 수생태계의 구조적·기능적으로 교란해 왔다. 이는 수생생물의 이동 통로를 차단할 뿐만 아니라, 정체수역을 형성하여 미소서식지를 훼손하는 주요 원인이 되고 있다. 국립공원은 상류 하천 내 존치된 인공구조물이 다수 존재하며, 일부는 기능을 상실하여 수생태계 단절과 수질오염, 경관 훼손의 문제를 야기하고 있다. 따라서 본 연구에서는 국립공원 내 분포하고 있는 인공구조물의 현황과 실태를 진단하고, 구조물이 수생태계 생물다양성에 영향을 미치는지 확인하기 위해 연속성 평가를 수행하였다. 조사 결과, 인공구조물은 16개 국립공원 내 182개와 어도 6개가 분포하고 있는 것으로 확인되었다. 보(63.4%), 사방댐(16.4%), 세월교(11.5%), 낙차공(2.2%), 하상유지공(1.0%), 기타(5.5%)로 수직형 보 형태의 콘크리트 재질이 가장 많이 설치된 것으로 확인되었다. 대부분의 구조물은 용수 이용 흔적이 없는 것으로 나타났다(63.7%). 월악산에서 14종으로 가장 많은 어류가 출현하였으며, 가야산과 내장산, 소백산, 태백산에서 1종으로 가장 적은 어류가 출현하였다. 이는 4월에 실시한 1차 조사 결과이며 최상류 수계에서 채집했기 때문에 생물다양성이 비교적 낮게 나타난 것으로 판단된다. 우점종은 참갈겨니(Zacco koreanus), 금강모치(Rhynchocypris kumgangensis)로 대부분 상류 하천에서 출현하는 어종으로 나타났다. 일부 공원에서 멸종위기 야생생물 II급 어류가 5종이 출현하였다. 수생태계 연속성 판별을 위해 구조물 단위 평가를 수행한 결과, 단절률이 90% 이상으로 평가되어, 국립공원 내 구조물들이 어류 이동에 교란 요인으로 작용하고 있는 것으로 나타났다. 본 연구 결과는 국립공원 내 방치된 인공구조물 현황을 파악하고 연속성을 평가하여 향후 단계적 철거를 통한 생태계 복원의 핵심 근거자료로 활용하고자 한다. 철거 및 복원 우선순위 결정을 위한 객관적 기준을 제시하고, 상·하류 간 수생태 연결성 복원을 위한 핵심 자료로 기여할 수 있을 것으로 전망한다.

교신저자 E-mail: ecomyung@knps.or.kr

P6-29

기후변화 시나리오에 따른 국내 조류·포유류·양서류·파충류의 시군구별 잠재적 서식가능성 변화

유남곤[p1], 이용호[2], 공시은[3], 서예린[3], 우지연[1], 허예진[1], 김현식[3], 이제원[3], 임성욱[3], 포우델 아닐[2], 프라밧 아디카리[2], 홍선희[c2,3]

[1]한경국립대학교 탄소중립바이오시스템융합학과
[2]한경국립대학교 인문생태융합리질리언스연구실
[3]한경국립대학교 식물자원조경학부

기후변화는 생물종의 잠재적 서식 가능 지역을 변화시켜 지역별 서식 가능 종 구성의 변화, 보전관리대상종의 서식 가능성 감소 및 생태계교란종의 잠재적 분포 확대를 유발할 수 있다. 본 연구에서는 조류 384종, 포유류 57종, 양서류 21종, 파충류 22종 등 총 484종을 대상으로 MaxEnt 종분포모형을 구축하여 현재와 미래의 잠재적 서식 가능성을 예측하고, 전국 229개 시군구 단위에서 변화를 평가하였다. 모형 구축에는 BIO5, BIO6, BIO12 등의 기후 인자와 지형 인자를 포함하여 양서류 10개, 조류 9개, 포유류 9개, 파충류 10개의 환경 인자를 각각 적용하였다. 미래 기후 조건은 SSP1-2.6, SSP2-4.5, SSP3-7.0, SSP5-8.5의 4개 시나리오와 2021–2040, 2041–2060, 2061–2080, 2081–2100년의 4개 기간을 조합한 총 16개 조건으로 구성하였다. 시군구별 현재와 미래의 서식 가능 종 목록을 비교하여 전체 서식 가능 종의 변동률을 산정하였다. 또한 멸종위기종과 국가적색목록 CR·EN·VU 등급 종을 통합하고 중복 종을 제외한 85종을 보전관리대상종으로 설정하여 감소율을 산정하였으며, 생태계교란종 8종에 대해서는 증가 종수를 산정하였다. 분석 결과, 전체 종의 평균 변동률과 보전관리대상종의 평균 감소율은 전반적으로 미래 시점이 늦어질수록 증가하였으며, 특히 2081–2100년에는 고배출 시나리오에서 상대적으로 높게 나타났다. 생태계교란종의 평균 증가 종수 역시 미래 시점이 늦어질수록 증가하는 경향을 보였다. SSP5-8.5의 2081–2100년에는 전체 종 변동률이 서울 중랑구(42.05%), 경기 오산시(38.25%), 서울 서대문구(37.46%)에서 높았으며, 보전관리대상종 감소율은 충남 계룡시(40.00%), 강원 태백시(37.04%), 경기 의왕시(35.71%)에서 높았다. 생태계교란종은 강원 양구군에서 잠재적 서식 가능 종수가 4종 증가하여 가장 큰 변화를 보였다. 이러한 결과는 기후변화에 따른 생물다양성의 지역별 변화 양상을 파악하고, 시군구 단위의 생물다양성 보전 및 기후변화 대응을 위한 기초자료로 활용될 수 있다.

** 농심품과학기술 융합형 연구인력양성사업(RS-2024-00400922)과 국립생물자원관의 지원. 기후변화 대응 취약성 평가(NIBR202612201)의 지원에 의해 수행되었음

교신저자 E-mail: shhong@hknu.ac.kr

P6-30

CSIA-AA can reveal macroalgae-derived matters in complex environmental samples

Hee Young Yun[p1,2], Jihwan Oh[3], Jeongsang Yun[1], Kyung-Hoon Shin[c1], and Sang Rul Park[c,3]

[1]Department of Marine Sciences and Convergence Engineering, Hanyang University-ERICA
[2]Center for Creative Convergence Education, Hanyang University-ERICA
[3]Department of Marine Life Science, Jeju National University

Compound specific isotope analysis of amino acids (CSIA-AA) has emerged an important new method for characterizing primary producer composition and investigating trophic links in both marine and terrestrial ecosystems. Multiple analytic approaches have shown that $\delta^{13}C$ values of individual AA of threonine (thr), valine (val), leucine (leu), isoleucine (ile), phenylalanine (phe) and lysine (lys) can be coupled to diagnose estimates of macroalgal resources in environmental samples (e.g., sediment and water column), while simultaneously decoupling $\delta^{13}C$ values from the effects of phytoplanktons, including microalgae, cyanobacteria, and heterotrophic bacteria. However, the current standard gas chromatography-combustion-isotope ratio mass spectrometry (GC-C-IRMS) approach is relatively limited for diagnozing brown macroalgal resources, and relatively low precision for environmental sample types. We optimized AA derivatization methods under this analytic platform, a trifluoroacetyl isopropyl ester (TFA-IP), for exploring macroalgal matters in environmental samples collected from a cultivation area of 5 macroalgal complex (two *Ecklonia*, *Undaria*, *Laminaria*, *Sargassum*) area in January and July 2026. As results, linear discriminant analysis showed that AA-$\delta^{13}C$ patterns of overall macroalgal group were separated from those of referenced bacteria and microalgal groups. Moreover, these macroalgal AA-$\delta^{13}C$ patterns were detected in sediment and particulate matters in water column with microalgal AA-$\delta^{13}C$ patterns. Particularly, sediment and particulate matters in July were also close to bacterial AA-$\delta^{13}C$ patterns. Our results support a significant expansion of CSIA-AA applications in evaluating macroalgal matters in nearshore region in marine environments .

Corresponding author E-mail: shinkh@hanyang.ac.kr, srpark@jejunu.ac.kr

P6-31

설악산국립공원 내 저서성 대형무척추동물 군집구조 및 종다양성 분석

권재현[p1], 이애임[1], 왕주현[1], 고민섭[1], 신이찬[2], 이황구[c1]

[1]상지대학교 생명과학과 담수생태학실험실
[2]국립공원공단 국립공원연구원

본 연구는 2025년 국립공원 공원자원조사의 일환으로 설악산국립공원 내 저서성 대형무척추동물 군집구조를 파악하고, 생태적 안정성을 평가하고자 수행되었다. 조사는 2025년 4월부터 9월까지 총 2회 수행되었으며, 조사 결과, 총 5문 7강 17목 64과 124종 5,259개체가 확인되었다. 날도래목이 31종으로 가장 높은 종 다양성을 보였으며, 하루살이목에서 2,351개체로 최다 개체수를 기록하였고, 하천생태계 지표군인 EPT-group이 3,773개체(71.74%)로 높게 나타났다. 우점종은 두점하루살이(*Ecodyonurus kibunensis*, 11.54%), 아우점종은 깔따구류(Chironomidae spp., 8.90%)로 나타났다. 지점별 군집지수 분석 결과, 다양한 하상 기질을 갖춘 R19는 높은 다양도(2.97)와 낮은 우점도(0.30)를 보인 반면, 기질 구조가 단순한 W1은 특정 종의 우점으로 가장 낮은 다양도(1.47)와 가장 높은 우점도(0.72)로 나타나, 서로 다른 서식처 특성이 군집구조에 반영되는 양상을 나타냈다. 비곤충류를 제외한 곤충강 114종에 대한 군집안정성 분석 결과, 저항력과 회복력이 모두 높은 Group I에 속하는 종이 49종(42.98%)으로 가장 높은 비율로 나타나, 설악산국립공원 내 저서성 대형무척추동물 군집은 외부 교란에 대한 잠재적 저항력과 회복력이 비교적 높은 특성을 보이는 것으로 판단되었다. 생물학적 수환경을 평가할 수 있는 AESB 및 TESB 결과, 산지 계류 환경인 R 지점은 대부분 A~B 등급으로 평가되었다. 설악산국립공원 수계는 전반적으로 우수한 생태적 건강성을 유지하고 있으며, 서식처 특성(유수성 계류 및 정수성 습지)에 따라 종조성의 변화가 뚜렷하게 나타나므로, 향후 종다양성 보전을 위한 이원화된 관리 및 지속가능한 모니터링 전략이 필요할 것으로 판단된다.

교신저자 E-mail: morningdew@sangji.ac.kr

P6-32

설악산국립공원 내 어류상 및 주요 생물종 서식 현황

강민서[p1], 고민섭[1], 이황구[1], 권재현[1], 최희규[2], 김정은[3], 신이찬[3], 왕주현[c1]

[1]상지대학교 생명과학과 담수생태학실험실
[2]상지대학교 생명과학과 분자생태 및 진화학실험실
[3]국립공원공단 국립공원연구원

국립공원은 자연성이 높은 생태계를 보전하고 생물다양성을 유지하는 핵심 보호지역이며, 담수어류는 수온, 유량, 하상구조 및 수질 등 수환경 변화에 민감하게 반응하여 하천생태계의 건강성과 서식환경을 평가하는 중요한 생물지표로 활용된다. 설악산국립공원은 동·서 수계가 분화된 산악지형과 다양한 산간계류가 발달하여 어류 분포의 공간적 이질성이 크고, 한국고유종과 냉수성 어종 및 멸종위기종의 주요 서식지로 알려져 있다. 본 연구는 2025년 설악산국립공원 공원자원조사 자료를 이용하여 공원 내 최신 어류상 및 주요 종의 분포 현황을 파악하고, 향후 어류자원 보전 및 관리에 필요한 기초자료를 제공하고자 수행하였다. 조사는 2025년 4월부터 9월까지 백담, 장수대, 점봉산, 오색, 설악동 및 신선봉지구의 27개 지점을 대상으로 수행하였다. 조사 결과 총 6목 10과 17종의 어류가 확인되었으며, 이 중 한국고유종은 10종, 멸종위기 야생생물 II급은 가는돌고기, 둑중개, 열목어 3종, 기후변화 생물지표종은 금강모치 1종이 확인되었고 생태계 교란 생물은 출현하지 않았다. 공원관리지구별 출현 종수는 설악동지구와 백담지구에서 각각 10종으로 가장 많았으며, 장수대지구 7종, 신선봉지구 5종, 오색지구 4종, 점봉산지구 2종의 순으로 나타났다. 특히 멸종위기종은 점봉산지구와 백담지구에서 확인되어 자연성이 높은 산간계류가 주요 서식처로 기능하는 것으로 판단된다. 본 연구는 설악산국립공원 담수어류의 최신 분포 현황을 제시한 자료로서, 법정보호종 서식지의 지속적인 모니터링과 하천 자연성 보전을 위한 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

교신저자 E-mail: hyoun215@naver.com

P7-01

Field-applicable biological early warning of freshwater contamination using deep learning-based behavioral monitoring of *Daphnia magna*

Hyeon-Jeong Bae[p1] and Tae-Yong Jeong[c1,2]

[1]Environmental indicator and assessment center, Hankuk University of Foreign Studies, Yongin 17035, Korea
[2]Department of Environmental Science, Hankuk University of Foreign Studies, Yongin 17035, Korea

Biological Early Warning Systems (BEWS) complement chemical monitoring by detecting water-quality disturbances through organismal responses. We developed a YOLOv5s-based behavioral monitoring platform for *Daphnia magna* and tested it in three experiments using river waters with contrasting physicochemical characteristics. *Daphnia* behavior was monitored for 7 days during baseline, copper-exposure, and recovery periods. Swimming speed, speed variability, turning angle, individual dispersion, and group dispersion were evaluated as *Z*-score deviations from baseline behavior. Composite indices were tested. YOLOv5s maintained stable detection and tracking despite variable lighting, suspended particles, and biological noise in river water. Swimming speed and group dispersion were the most sensitive indicators of copper stress. Composite indices completely distinguished exposed from control chambers (TPR = 1.0) and detected behavioral alterations at 10 μg/L copper. Consistent responses across river-water matrices demonstrate reliable performance under realistic conditions. This approach provides a scalable, non-invasive tool for early detection of sublethal stress in freshwater monitoring.

Corresponding author E-mail: tyj@hufs.ac.kr

P7-02

중금속 혼합 노출에 따른 두 해양 규조류의 생리 반응 양상 비교

손진혁[p1], 김세용[c2]

[1]충북대학교 생명시스템학과
[2]충북대학교 생물학과

중금속은 해양 환경의 주요 오염물질 중 하나로, 해양 생물의 성장과 생리 기능에 영향을 미칠 수 있다. 그러나 기존 연구는 주로 개별 금속 노출의 영향을 평가하는 데 집중되어 왔으며, 여러 금속이 동시에 존재하는 혼합 노출의 영향에 관한 연구는 상대적으로 제한적이다. 규조류는 해양 생태계의 주요 일차생산자로서 영양소 순환에 기여할 뿐만 아니라 먹이망의 기초를 형성한다. 중금속 혼합물에 의한 규조류의 성장 및 생리적 변화는 일차생산과 먹이망을 통한 에너지 흐름 및 물질 순환에 영향을 미칠 수 있다. 이에 본 연구에서는 국내 해양환경에서 보고된 각 금속의 농도 범위를 바탕으로 구성한 구리(Cu), 니켈(Ni), 카드뮴(Cd), 납(Pb) 혼합물이 해양 규조류 *Phaeodactylum tricornutum*과 *Chaetoceros gracilis*에 미치는 영향을 비교하였다. 두 종을 네 금속을 모두 포함한 4종 혼합물(4M)과 4M에서 각 금속을 하나씩 제외한 3종 금속 혼합물(3M)에 노출시켰다. 노출 후4시간, 1일, 3일 및 5일에 세포 밀도, 세포당 클로로필a, 카로티노이드 함량 및 중성지질 수준을 측정하였다. 노출 5일 후 두 종 모두 Cu+Cd+Pb와 Ni+Cd+Pb 처리군에서 세포 밀도가 대조군보다 유의하게 낮았다. 대조군과4M 처리군은 유의한 차이를 보이지 않았다. 두 종에서 동일한 두 가지 3M 처리군의 세포 밀도가 낮았다는 점은 혼합물의 성장 억제 효과가 혼합된 금속의 수에 비례하기보다 그 조합에 따라 달라질 수 있음을 시사한다. 한편, 생리적 반응 양상은 두 종에서 서로 달랐다. 노출 5일 후, *P.tricornutum*의Ni+Cd+Pb 처리군은 세포당 클로로필 a와 카로티노이드 함량이 대조군보다 높았으며, Cu+Cd+Pb 처리군에서도 세포당 카로티노이드 함량이 높았다. 실험군과 대조군 간 중성지질 함량은 유의한 차이를 보이지 않았다. 반면, *C.gracilis*의 동일 처리군에서는 세포당 클로로필 a와 카로티노이드 함량이 대조군과 유의한 차이를 보이지 않았다. 또한 4M 처리군에서는 세포당 중성지질 수준이 대조군과 Cu+Ni+Pb, Cu+Cd+Pb, Ni+Cd+Pb처리군보다 유의하게 높았다. 이러한 결과는 동일한 금속 조합에서 두 종 모두 성장 억제가 나타났지만, 생리적 반응 양상은 종에 따라 다를 수 있음을 보여준다.

교신저자 E-mail: seayongkim@cbnu.ac.kr

P7-03

Effects of soil-gut microbiota interactions on arsenic toxicity in *Allonychiurus kimi* (Collembola)

Taewoo Kim[p1], Jinsol Hong[2], Yongeun Kim[2], Jaejun Song[2], Dohwan Yoon[1], and Kijong Cho[c1]

[1]Department of Environmental Science & Ecological Engineering, Korea University, Seoul 02841, Korea
[2]O-Jeong Eco-Resilience Institute, Korea University, Seoul 02841, Korea

The gut microbiota of Collembola are closely associated with soil microbiota, which serve as a food resource. However, the relationship between soil and gut microbiota under pollutant exposure remains poorly understood. We investigated the link between soil and *Allonychiurus kimi* microbiota and its potential contribution to arsenic toxicity. *A. kimi* was exposed to arsenic at EC_{10} and EC_{50} in autoclaved and non-autoclaved soils. Arsenic exposure caused a greater reduction in reproduction in *A. kimi* in non-autoclaved soil than in autoclaved soil. Both soil and *A. kimi* microbial communities showed significant shifts across arsenic treatments. At EC_{50}, Bray–Curtis dissimilarity between soil and *A. kimi* microbiota decreased, with an increase in shared taxa and a decrease in non-shared taxa. This shift toward greater similarity with the soil microbiota may indicate restructuring of the resident gut microbiota and altered microbial functions related to host fitness, potentially contributing to arsenic toxicity. These findings highlight the role of soil–gut microbial interactions in shaping host responses to arsenic exposure.

** This work was supported by Korea Environment Industry & Technology Institute(KEITI) through Climate Change R&D Project for New Climate Regime, funded by Korea Ministry of Environment(MOE)(RS-2022-KE002294)

Corresponding author E-mail: kjcho@korea.ac.kr

P7-04

Bio-degradation of 3,5,6-Trichloro-2-pyridinol (TCP) by Novel Soil Bacteria: Tolerance Assessment, Cytotoxicity Mitigation, and Phytotoxicity Relief

Gwang-Min Lee, Pavithra Muthukuma Sathya[p], and Byung-Taek Oh[c]

Intergrative Environmental Biotechnology, Jeonbuk National University, Iksan 54596, Korea

Excessive use of chlorpyrifos has led to persistent accumulation of its primary metabolite, 3,5,6-trichloro-2-pyridinol (TCP), in soils and aquatic systems. TCP exhibits higher water solubility, persistence, and cytotoxicity than its parent compound, posing severe ecological hazards. In this study, 74 bacterial strains isolated from contaminated soil were screened using a 2,6-dichlorophenolindophenol (DCPIP) assay to identify isolates utilizing TCP as sole carbone and energy source. Minimum inhibitory concentrations (MICs) were determined to evaluate chemical tolerance, and kinetic survival under high exposure (100 mg/L) was monitored. To evaluate dotoxification, a macrophage cell line (RAW 264.7) and *Lactuca sativa L*. seeds were tested. Three superior strains exhibiting robust growth against substrate inhibition were isolated. Cultivation in TCP-containing media revealed that post-treatment samples significantly improved macrophage viability and restored *L.sativa* seed germination relative to untreated controls. This work confims efficient biocatalysts for TCP removal and supports future biosafety evaluations.

** This work was supported by a grant from the Honam National Institute of Biological Resources (HNIBR), funded by the Ministry of Climate, Energy and Environment (MCEE), Republic of Korea (HNIBR2026-B-1-15).

Corresponding author E-mail: btoh@jbnu.ac.kr

P7-05

Electrode-assisted biodegradation of 1,2-dibromoethane by *Bradyrhizobium diazoefficiens* USDA 110 and ecotoxicity assessment

Harshavardhan Mohan, Pavithra Muthukumar Sathya[p], and Byung-Taek Oh[c]

Intergrative Environmental Biotechnology, Jeonbuk National University, Iksan 54596, Korea

1,2-Dibromoethane (EDB) is a persistent halogenated contaminant posing substantial ecological and toxicological risks. This study investigated the biodegradation of EDB by *Bradyrhizobium diazoefficiens* USDA 110 within an electrode-assisted biodegradation (EBS) system and assessed the corresponding attenuation of ecotoxicity. Under optimized conditions, the EBS achieved 97.3% EDB removal after 14 days, compared with 87.2% by biodegradation and 7.2% under abiotic conditions. Concurrently, EBS attained 86.2% total organic carbon removal and released 17.12 mg L^{-1} bromide, driven by enhanced haloalkane dehalogenase activity (2.03 U mg^{-1} protein). HPLC-MS/MS analysis identified key transformation intermediates, delineating a plausible dehalogenation pathway. Multitrophic bioassays using plants, *Artemia salina*, and *Eisenia fetida* confirmed significant biological stress mitifation following EBS treatment. *Artemia* exhibited enhanced survival alongside normalized antioxidant responses, while earthworms oxidative biomarkers recovered to near-control levels, albeit with minor residual mortality. Consequently, the EBS coupled with *B. diazoefficiens* USDA 110 markedly accelerates EDB degradation and mitigates ecotoxicity, offering a robust and sustainable bioremediation strategy for halogenated organic pollutants.

** This work was supported by a grant from the Honam National Institute of Biological Resources (HNIBR), funded by the Ministry of Climate, Energy and Environment (MCEE), Republic of Korea (HNIBR2026-B-1-15).

Corresponding author E-mail: btoh@jbnu.ac.kr

P7-06

From contaminant removal to detoxification: bio-electrodegradation of methylparaben and mitigation of ecotoxicity in *Artemia salina*

Pavithra Muthukumar Sathya[p], Gwang-Min Lee, and Byung-Taek Oh[c]

Intergrative Environmental Biotechnology, Jeonbuk National University, Iksan 54596, Korea

Methylparaben (MeP), an emerging organic contaminant, is detected in aquatic environments, raising concerns about its persistence and ecological effects. This study evaluated bio-electrodegradation (BES) for MeP removal and toxicity attenuation. Under optimized conditions, BES achieved 98.48% MeP removal within 7 days, with 77.09% total organic carbon reduction, indicating substantial degradation. HPLC-MS/MS identified transformation intermediates supporting a degradation pathway. Acute toxicity was evaluated using *Artemia salina*. Untreated effluent markedly reduced hatchability and survival to 5% and 11%, respectively, after 48 h, with morphological abnormalities and oxidative stress. In contrast, BES-treated effluent increased hatchability and survival to 97% and 90%, respectively, comparable to the control. SOD, CAT, GSH, and LDH responses also approached control levels following BES treatment, indicating reduced oxidative and cellular stress. These findings demonstrate that BES can simultaneously enhance MeP degradation and reduce its associated acute ecotoxicity, highlighting its potential as a sustainable treatment strategy for emerging organic contaminants.

** This research was supported by Glocal University 30 project(Establishment of Asia's Largest Green-Bio Microbial Supply Chain) at Jeonbuk National University in 2026.

Corresponding author E-mail: btoh@jbnu.ac.kr

P7-07

Ecotoxicological Evaluation of a *Bacillus thuringiensis israelensis* on the Non-Target Soil Organism *Allonychiurus kimi* (Collembola)

Ji-Yong Song[p1], Young Min Park[2], Yun Sang Jeong[2],
Seong Hyeon Yeo[1], and June Wee[c1,2]

[1]Department of Applied biology, Chungnam National University, Daejeon 34143, Korea
[2]Department of Agricultural biology, Chungnam National University, Daejeon 34143, Korea

Plecia longiforceps outbreaks have recently increased in South Korea, with a large-scale outbreak in June 2025 causing severe public concern. Accordingly, we intend to use *Bacillus thuringiensis* var. *israelensis* (Bti) for *P. longiforceps* control. However, it is hardly known whether and how Bti affects non-target soil organisms. This study evaluated the effects of the applied Bti formulation on soil ecosystems using the collembolan *Allonychiurus kimi* as a bioindicator. Tests were performed according to OECD Guideline 232 at five concentrations using 30 g of soil from Eungol Mountain, Daejeon, as the test medium. A 1-week acute exposure showed no significant mortality across all groups. Following a 4-week chronic exposure, no prominent effect on either adult survival or reproduction (the number of offspring) was observed. This indicates that both recommended and high-concentration (10×) Bti exposure do not adversely affect soil ecosystems. These findings provide scientific evidence supporting the ecological safety of Bti application for non-target organisms and may serve as baseline data for developing environmentally friendly pest management guidelines.

Corresponding author E-mail: junewee@cnu.ac.kr

P7-08

Are duckweed root-length assays interchangeable? Comparative herbicide responses of *Lemna aequinoctialis* and *Spirodela polyrhiza*

Hojun Lee[p1], Taejun Han[1,2], and Jihae Park[c1,2]

[1]Marine@UGent Korea, Incheon, Republic of Korea
[2]Ghent University Global Campus, Incheon, Republic of Korea

Root length provides a rapid and sensitive endpoint for assessing phytotoxicity in duckweeds. However, root-length assays may represent different biological processes even when they share similar exposure durations and measurement endpoints. This study compared two 72 h duckweed assays: root re-growth following excision in mature *Lemna aequinoctialis* fronds and root development during germination of rootless *Spirodela polyrhiza* turions. Although both assays begin with zero initial root length, they differ in species, developmental stage, and the biological origin of subsequent root growth. Thirteen herbicides were evaluated under matched exposure conditions, of which nine produced quantifiable EC_{50} values and met the predefined variability criterion for the *L. aequinoctialis* assay. Herbicide sensitivity differed substantially between the two assays. EC_{50} ratios (*S. polyrhiza*/*L. aequinoctialis*) ranged from 0.75 to 430, with a median of 2.76. Five herbicides showed responses within approximately three-fold between assays, whereas four showed pronounced differences of 74- to 430-fold across multiple herbicide target-site classes. Consistent with this variability, herbicide potency rankings were not significantly correlated between assays (Spearman $\rho = 0.43$, $p = 0.24$). In contrast, responses to the common reference toxicant differed by only approximately two-fold, indicating that comparable reference-toxicant performance did not ensure comparable sensitivity to herbicides. These findings demonstrate that the two duckweed tests cannot be considered interchangeable solely because they use the same endpoint and exposure duration. Because species identity, developmental stage, and root-growth process vary simultaneously between the assays, their individual contributions cannot be resolved by the present comparison. Nevertheless, the marked compound-specific differences highlight the importance of considering the biological basis of an endpoint when interpreting and comparing plant ecotoxicity assays.

Corresponding author E-mail: Hojun.Lee@ugent.be; Jihae.Park@ghent.ac.kr

P7-09

Metal-, time-, and endpoint-specific responses of Daphnia magna during prolonged exposure

Hojun Lee[p1], Alfredo Mayorga Villalobos[2], Soyeon Choi[2], Euiseong Kim[2], Taejun Han[1,2], and Jihae Park[c1,2]

[1]Marine@UGent Korea, Incheon, Republic of Korea
[2]Ghent University Global Campus, Incheon, Republic of Korea

Prolonged toxicity testing can reveal biological responses that are not fully captured by conventional immobilization alone. However, whether toxicity simply increases with exposure duration or follows endpoint- and toxicant-specific trajectories remains unclear. This study investigated the responses of *Daphnia magna* during prolonged exposure to aluminum (Al), cobalt (Co), and arsenic (As). Immobilization, growth, cardiac activity, and morphological deformation were evaluated after 7 and 10 days of exposure in three independent experiments for each metal. Median effective concentrations (EC_{50}) were estimated when concentration-response relationships permitted reliable quantification. Prolonged exposure did not produce a uniform increase in toxicity but revealed distinct metal- and endpoint-specific response patterns. For As, the mean immobilization EC_{50} decreased from 13.19 mg/L at Day 7 to 6.51 mg/L at Day 10, representing an approximately two-fold increase in apparent sensitivity. In contrast, the corresponding EC_{50} for Al changed from 17.19 to 25.00 mg/L, indicating that the temporal shift observed for As was not consistent across metals. Morphological deformation provided complementary concentration- response information during prolonged exposure. At Day 10, deformation EC_{50} values were quantifiable in all three experimental replicates for each metal, with mean values of 15.10 mg/L for Al, 18.23 mg/L for Co, and 14.58 mg/L for As. Notably, for Co, morphological deformation remained quantifiable across all replicates despite the absence of a quantifiable Day 10 immobilization EC_{50}. In contrast, cardiac activity did not consistently reach a 50% effect level, while growth EC_{50} values were obtained only under selected exposure conditions. These findings demonstrate that prolonged metal toxicity in *D. magna* cannot be represented by a single temporal or biological response pattern. Instead, toxicity profiles varied according to metal, exposure duration, and endpoint. The persistence of quantifiable morphological responses when other endpoints were not consistently quantifiable further indicates that morphological deformation can provide complementary information rather than simply reproducing conventional immobilization responses. Integrating multiple biological endpoints may therefore provide a more comprehensive characterization of toxicity during prolonged exposure.

Corresponding author E-mail: Hojun.Lee@ugent.be; Jihae.Park@ghent.ac.kr

P7-10

Mixed nitrogen supply alleviates free ammonia toxicity in *Chlamydomonas* sp.

Eun Bin Joa[p1] and Sang-Ah Lee[c1,2,3]

[1]Faculty of Biotechnology, College of Applied Life Sciences, Jeju National University, Jeju 63243, Republic of Korea
[2]Interdisciplinary Graduate Program in Advanced Convergence Technology and Science, Jeju National University, Jeju, 63243, Republic of Korea
[3]Bio-Health Materials Core-Facility Center, Jeju National University, Jeju, 63243, Republic of Korea

Wastewaters from different sources often differ in their inorganic nitrogen composition, providing an opportunity to adjust the NH_4^+/NO_3^- balance by mixing complementary wastewaters without external nutrient supplementation. However, in ammonium-rich wastewater, elevated pH during microalgal treatment can shift the NH_4^+/NH_3 equilibrium toward free ammonia (FA), potentially inhibiting microalgal growth and wastewater treatment performance. Whether mixed NH_4^+/NO_3^- supply can alleviate FA toxicity in *Chlamydomonas* sp., however, remains unclear. At pH 10.8, where a large proportion of ammoniacal nitrogen occurs as NH_3, 61–63 mg NH_3-N L^{-1} caused approximately 90% growth inhibition. Under comparable FA exposure, mixed NH_4^+/NO_3^- conditions maintained higher growth and photosynthetic performance than ammonium-only conditions. These findings suggest that the NH_4^+/NO_3^- balance influences microalgal tolerance to FA. Mixing wastewaters with complementary nitrogen profiles may therefore provide a practical strategy for improving microalgae-based wastewater treatment under ammonium-rich conditions.

Corresponding author E-mail: leesa@jejunu.ac.kr

P7-11

Screening of synthetic peptides for microcystin degradation

Ve Van Le[p1], Nakyeong Lee[2], and Sang-Ah Lee[c1]

[1]Faculty of Biotechnology, College of Applied Life Sciences, Jeju National University, Jeju 63243, Republic of Korea
[2]Division of Climate and Environmnetal Biology, Honam National Institute of Biological Resources (HNIBR), Mokpo 58762, Republic of Korea

Cyanobacteria threaten freshwater quality due to the production of nuisance secondary metabolites, such as the hepatotoxin microcystin. Although microbial degradation of microcystins has been extensively investigated, the ability of peptides to degrade these toxins remains largely unexplored. In this study, ten candidate peptides were screened for their ability to degrade different microcystin congeners. Among them, peptide 35_2 exhibited the highest degradation activity, degrading 55.44% of microcystin-LR (20 ppb) at a peptide concentration of 20 ppb after 6 h of incubation. The degradation of microcystin-LR was concentration-dependent, with the greatest activity observed at a peptide concentration of 50 ppb. In additi[on, peptide 35_2 showed lower degradation efficiencies for microcystin-RR (23.06%), microcystin-YR (20.78%), and microcystin-LY (19.33%), suggesting that its degradation activity may depend on congener-specific structural characteristics. Collectively, these findings provide preliminary evidence that selected peptides can facilitate microcystin degradation and identify peptide 35_2 as a promising candidate for further mechanistic investigation and optimization.

Corresponding author E-mail: leesa@jejunu.ac.kr

P9-01

Evaluation of the DNRA Mechanisms in Marine Sediment-Derived Indigenous Isolates and Validation of Nitrogenous Pollutant Removal for Replacing Commercial Formulations

Han-Jun Cho, Pavithra Muthukumar Sathya[D], and Byung-Taek Oh[C]

Intergrative Environmental Biotechnology, Jeonbuk National University, Iksan 54596, Korea

The intensification of shrimp aquaculture accelerates the accumulation of feed residues, ammonia (NH_4^+-N) and nitrite (NO_2^-N), triggering mortality and eutrophication. While commercial microbial agents are widely applied, high costs and variable efficiencies necessitate robust indigenous bio-resources. Here, marine sediment-derived indigenous isolates were obtained to evaluate their nitrogen-removal efficacy as commercial alternatives. Primary screening in minimal salts medium with sodium nitrite identified superior NO_2^-N degrading candidates, followed by secondary screening with sodium acetate for concurrent NO_2^-N and NH_4^+-N removal. Isolates were identified via 16S rRNA gene sequencing, and their dissimilatory nitrate/nitrite reduction to ammonium (DNRA) pathways were quantitatively verified. Among the three strains. HJ-3 and HJ-7 showed NO_2^-N removal equivalent to commercial inoculant, while HJ-7 significantly exceeded the field average for NH_4^+-N removal. These results confirm that marine sediment-derived indigenous isolates serve as viable alternatives to conventional microbial inoculant. Optimizing parameters (C/N ratio, dissolved oxygen, and HRT) and stabilizing bioreactor communities will further maximize nitrogen remediation.

** This research was supported by Glocal University 30 project(Establishment of Asia's Largest Green-Bio Microbial Supply Chain) at Jeonbuk National University in 2026.

Corresponding author E-mail: btoh@jbnu.ac.kr

P9-02

Bioresource potential of antarctic snow algae: Biomass production, biochemical composition, and antioxidant assay

Jeongha So[p1,2], Nam-Ju Lee[1], Jong Hee Kim[1], Sanghee Kim[1], Seulah Lee[2], and Sung Mi Cho[c1,3]

[1]Division of Life Sciences, Korea Polar Research Institute, Incheon 21990, Republic of Korea
[2]Department of Convergent Biotechnology and Advanced Materials Science, Kyung Hee University, Yongin 17104, Republic of Korea
[3]Department of Polar Sciences, University of Science and Technology, Incheon 21990, Republic of Korea

Snow algae are microalgae that inhabit snow-covered environments and form blooms on sun-exposed snow surfaces despite harsh environmental conditions. Previous studies on snow algae have primarily focused on pigment-related characteristics, particularly carotenoid accumulation, whereas research on their potential as bioresources remains limited. This study evaluated five snow algal isolates representing the genera *Raphidonema*, *Micractinium*, *Chloromonas*, *Sphaerocystis*, and *Chlorominima*, isolated from snow patches on Barton Peninsula, Antarctica. Under laboratory-scale cultivation, final biomass yields ranged from 0.379 ± 0.181 to 0.846 ± 0.139 gDCW/L. Photosynthetic pigments (total chlorophyll and carotenoids), total phenolic content, and nutritional components (carbohydrates, proteins, and total fatty acids) were quantified, and antioxidant activity was evaluated using the DPPH radical-scavenging assay. Amino acid and fatty acid profiles were further characterized. These findings reveal diverse biochemical, nutritional, and functional characteristics among Antarctic snow algae, highlighting their potential as novel bioresources for future biotechnological applications.

Corresponding author E-mail: smcho@kopri.re.kr

P9-03

산림생물자원 종자 추출물의 페놀성 성분과 항산화 활성 간 상관성

이화[p], 이민성, 임미정, 허정훈, 김유정, 나채선[c]

국립백두대간수목원 야생식물종자실

산림생물자원의 기능성 소재 가능성을 탐색하기 위해 118종의 종자를 70% Methanol로 추출하였다. 종자 추출물 대상으로 총 페놀 함량(TPC), 총 플라보노이드 함량(TFC), DPPH 및 ABTS 라디칼 소거활성을 평가하였다. TPC와 TFC는 각각 종자 추출물 g당 gallic acid equivalent (mg GAE/g)와 rutin equivalent (mg RE/g)으로 나타냈으며, DPPH와 ABTS는 추출물 최종농도 50 ppm에서 측정하였다. 모든 분석은 sample blank를 보정하여 3반복하고 평균값을 사용하였다. 분석 결과 TPC와 TFC는 강한 양의 상관 (r=0.897)을 나타냈고, DPPH와 ABTS 역시 높은 상관 (r=0.781)을 보였다. 종자 추출물 중 DPPH와 ABTS가 높게 나타난 추출물은 12종이었다. 신나무는 DPPH IC50 5.06±0.30 μg/mL와 ABTS IC50 3.50±0.40 μg/mL를 보였고, 산수유는 DPPH IC50 13.13±2.65 μg/mL와 ABTS IC50 2.78±0.05 μg/mL를 보였다. 고로쇠나무는 TPC 865.34±0.04 mg GAE/g, TFC 695.19±2.41 mg RE/g, DPPH IC50 31.16±0.66 μg/mL, ABTS IC50 9.47±0.82 μg/mL로 페놀성 성분이 항산화 활성에 기여하는 것을 보여준다. 그러나 일부 자원에서는 비페놀성 성분 또는 개별 성분 조성이 항산화 활성에 작용할 가능성을 시사한다.

** 본 연구는 산림청(임업진흥원) 연구과제(Project No. RS-2021-KF001796)의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: chaesun.na@koagi.or.kr

P9-04

산림생물자원 종자 추출물의 RAW 264.7 대식세포 기반 항염증 활성 스크리닝

허정훈[p], 임미정, 김유정, 이민성, 이화, 나채선[c]

한국수목원정원관리원 국립백두대간수목원 야생식물종자실

산림생물자원 중 종자는 다양한 생리활성 물질을 함유하고 있어 염증 조절 소재로 활용될 가능성이 있으나, 종자 추출물의 활성을 비교한 자료는 제한적이다. 본 연구에서는 2021~2024년 확보한 종자 시료 118종의 70% 메탄올 추출물을 대상으로 세포생존율과 항염증 활성을 평가하였다. RAW 264.7 대식세포에 추출물을 50 μg/mL로 처리하고 LPS로 염증반응을 유도한 뒤 Griess assay로 Nitric Oxide(NO) 생성 억제율을 측정하였다. 세포생존율이 80% 이상을 비독성 기준으로 하였으며, 시험은 기술적 3반복으로 수행하여 평균값과 표준오차를 사용하였다. 평균 억제율 60% 이상을 후속 검증 후보의 탐색적 기준으로 적용한 결과, 12종(16.9%)이 이에 해당하였고 70% 이상은 9종(12.7%), 80% 이상은 8종(11.3%), 90% 이상은 3종(4.2%)이었다. 섬초롱꽃 처리군의 NO 측정값은 무처리 대조군 수준까지 감소하였으며, 형개와 구절초의 NO 생성 억제율은 각각 96.91 ± 0.74%와 92.08 ± 1.67%였다. 세 시료의 세포생존율은 각각 99.24 ± 2.01%, 105.08 ± 2.00%, 115.14 ± 2.32%였다. 이 결과는 일부 종자 추출물이 세포생존율을 유지하면서 LPS 유도 NO 생성을 낮출 가능성을 보여준다. 이들 자원은 단일 농도에서 활용가능한 항염증 소재의 1차 후보로 판단된다.

교신저자 E-mail: chaesun.na@korea.ac.kr

P9-05

야생식물종자 추출물의 생리활성 평가

임미정[p], 김유정, 이민성, 허정훈, 이화, 나채선[c]

국립백두대간수목원 야생식물종자실

본 연구에서는 국내 야생식물종자의 천연 기능성 소재로서의 활용 가치를 검토하고자, 10종의 야생식물종자(주목, 비자나무, 동백나무, 냉이, 딱지꽃, 양지꽃, 측백나무, 이스라지, 찔레꽃 및 해당화) 추출물에 대한 항산화 및 항염증 활성을 평가하였다. 이를 위해 각 종자를 시료량의 10배에 해당하는 70% 에탄올에 혼합하여 상온에서 3일간 침지 추출하였다. 제조된 추출물 배치를 대상으로 총 폴리페놀(TPC) 및 플라보노이드(TFC) 함량, 항산화 활성(DPPH 및 ABTS 라디칼 소거능) 그리고 항산화능이 가장 뛰어난 2종에 대해서 항염증 활성 지표인 LPS로 유도된 산화질소(NO) 생성 억제율을 측정하였다. 항산화 활성 평가 결과, 딱지꽃 추출물 처리군은 TPC 640.08±0.17 mg GAE/g로 가장 높은 폴리페놀 함량을 나타내었으며, DPPH 및 ABTS IC_{50} 값은 17.91±4.08 μg/mL, 6.95±0.04 μg/mL로 우수한 라디칼 소거능을 보였다. RAW 264.7 대식세포를 이용한 세포독성 측정한 결과, 12.5～100 μg/mL 농도에서 모두 80% 이상의 세포생존율을 확인하였다. NO 생성 저해능은 LPS 단독 처리군 대비 시료의 처리 농도에 따라 NO 저해율이 높아짐을 확인하였다. 특히 100 μg/mL 농도에서 딱지꽃 51%, 주목 33% 이상의 NO 생성 저해능을 나타내 유의미한 항염증 활성을 확인하였다. 이러한 결과는 평가된 10개 야생식물종자 자원이 서로 다른 생리활성 기능성 조합을 보유하고 있음을 보여주며, 천연 기능성 신소재 개발을 위한 기초 자료로 활용될 수 있을 것이다.

** 본 연구는 산림청(한국임업진흥원)의 ‘산림과학기술 R&D 프로그램(과제번호 RS-2021-KF001796)’의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: chaesun.na@koagi.or.kr

P9-06

One Health 관점에서 본 한국인의 GMO 수용성에서 지식, 안전 인식 및 적용 영역의 상대적 역할

김진희[pc1], 구겨아[2], 김창술[1]

[1]국립생태원 조사평가연구본부 생태안전연구실
[2]한국환경연구원 국토환경연구본부 자연환경연구실

유전자변형생물체와 그 활용은 인간·동물·환경의 건강이 교차하는 One Health 이슈이다. 대중의 저항이 과학적 지식의 부족에서 비롯된다는 지식결핍모델의 가정은 정책과 과학커뮤니케이션 실무에 여전히 영향을 미치지만, 이를 뒷받침하는 실증 결과는 일관되지 않다. 본 연구는 대국민 LMO 인식조사 5개 연도의 원자료(2020, 2022~2025; N=4,000)를 통합하여 객관적 지식, 안전 인식 및 적용 영역과 GMO 수용성 간의 연관성을 분석하고, 그 함의를 One Health 관점에서 검토하였다. 응답자들은 14개 지식 문항에서 상당한 불확실성을 보였다. 그러나 인구통계학적 특성을 통제한 후 객관적 지식이 식품용 GMO 수용성에 추가한 설명력은 ΔR^2=.002에 불과했으며, 이러한 결과는 조사연도와 분석방법을 달리해도 일관되었다. 수용성은 객관적 지식보다 혜택·위험·안전에 대한 평가와 더 밀접하게 관련되었다. 동일 응답자 내에서 의약용 유전자변형의 수용성은 식품용보다 뚜렷하게 높았으며(5점 척도 평균 4.21 대 3.64; d_z=.63), 지식이 많을수록 수용성이 높아지는 경향은 의약·에너지·환경 분야에서는 나타났지만 식품·축산 분야에서는 거의 나타나지 않았다(분야 간 기울기 차이 $\Delta\beta$=.066). 본 연구는 횡단자료에 근거하므로 정보 제공의 효과나 적용 영역 간 차이가 발생하는 원인을 규명하지 않는다. 종합하면, 식품용 GMO에서는 객관적 지식 수준에 따른 수용성 차이가 매우 작았으며, 수용성은 GMO가 식품·의약 등 어느 분야에 활용되는지에 따라 뚜렷하게 달라졌다. One Health 관점의 대중 커뮤니케이션과 거버넌스에서는 사실 전달과 함께 안전 인식과 적용 영역별 인식 차이를 고려할 필요가 있다.

교신저자 E-mail: jkim@nie.re.kr

P9-07

AI 활용을 위한 연속지적도 기반 LMO 자연환경 모니터링 데이터 표준화 및 관할기관 분류 모델

노동현[p], 박진호, 이은선, 최보연, 김진희[c]

국립생태원 생태안전연구실 LMO팀

최근 인공지능(AI) 기술이 급격히 발전함에 따라 생물모니터링 분야에서도 AI 도입의 필요성이 대두되고 있다. 그러나 기존의 데이터 구축 및 DB화 방식은 연구자 개인의 인지에 의존하는 사람 중심의 데이터로, 판단 근거가 명시적으로 구조화되어 있지 않아 컴퓨터가 판독하고 학습하기에는 한계가 존재한다. 향후 모니터링 데이터가 AI 기술과 융합되어 연구의 연속성을 확보하고 활용 가치를 높이기 위해서는, 기계 가독성(Machine Readability)을 갖춘 명확한 논리 구조 기반의 데이터 표준화가 선행되어야 한다. 한편, 현재 유전자변형생물체(LMO) 자연환경 모니터링 사업은 관련 기관의 역할이 법적으로 규정되어 있으나, 현장 조사자의 개인별 경험과 기관별 조사 여건에 따라 모니터링 결과의 기록 및 판단 과정에 편차가 발생할 수 있다. 특히 LMO 의심 개체 발견 시 해당 지점의 지목과 관리 영역에 따라 초기 대응에 필요한 관계기관이 달라질 수 있어, 관리 주체를 판단하는 과정에서 행정적 모호성이 발생할 수 있다. 이러한 문제를 해결하기 위해 본 연구에서는 기계 가독성 기반 표준화의 적용 사례로서, 현장에서 촬영된 LMO 의심 개체 사진의 GPS 좌표를 연속지적도의 지목 정보와 연동하여, 해당 위치의 지목에 따라 관할 후보기관을 자동으로 분류하고 판단을 지원하는 시스템을 제안한다. 이를 통해 조사자의 경험과 판단에 의존하던 관할 판단 과정을 보완하고, 공간 정보 기반의 자동화된 관할 후보기관 분류를 통해 관계기관 간 LMO 관리 체계의 모호성을 완화할 수 있다. 결론적으로 본 제안 모델은 향후 LMO 모니터링뿐만 아니라 다양한 생태 조사 데이터를 AI 기반으로 처리하기 위한 표준화된 DB 구축의 초석이 될 수 있으며, 국가 차원의 생태 데이터 연속성과 신뢰성 향상에 기여할 것으로 기대된다.

교신저자 E-mail: jkim@nie.re.kr

P9-08

가지속 작물과 CWR의 *Sclerotinia sclerotiorum* 병저항성 및 생육 비교

안희령[p1], 김준혁[1], 이태옥[1], 정규영[2], 나채선[c1]

[1]국립백두대간수목원 산림생물자원본부 야생식물종자실
[2]국립경국대학교 산림과학과

기후변화에 따른 식물병 증가에 대응하기 위해서는 유전적 다양성이 높은 산림 내 작물 재래원종(Crop Wild Relatives, CWR)의 병저항성 자원 발굴이 중요하다. 본 연구에서는 가지속(*Solanum*)의 작물과 CWR을 대상으로 *Sclerotinia sclerotiorum*에 대한 병저항성과 생육 반응을 비교하였다. 시험재료는 작물 가지 *S. melongena* 3품종(A–C)과 CWR인 *S. nigrum*, *S. sarrachoides*, *S. americanum*을 이용하였다. 각 식물의 지제부에 직경 5 mm의 *S. sclerotiorum* agar plug를 접촉시켜 5일간 접종한 후 병반 길이와 너비, 지상부·지하부 길이, 생중량 및 건중량을 조사하였다. 평균 병반 길이는 CWR에서 0.38 cm로 재배종의 0.80 cm보다 유의하게 낮았으며(Mann–Whitney U test, $p<0.05$), 식물 간에도 유의한 차이가 나타났다(Kruskal–Wallis test, $p<0.05$). 병반 면적 지수에서도 식물 간 유의한 차이가 확인되었다(ANOVA, $p<0.05$). 접종에 따른 지상부 길이 변화는 식물종에 따라 유의하게 달랐으며(Plant × Treatment, $p<0.001$), 지하부 길이에서도 유의한 상호작용이 나타났다($p<0.05$). 반면 생중량과 건중량에서는 접종에 따른 유의한 처리 효과가 확인되지 않았다($p>0.05$). *S. americanum*과 *S. sarrachoides*는 각각 0.23 cm와 0.30 cm의 작은 병반을 형성하여 상대적으로 높은 병저항성을 보인다. 반면 *S. nigrum*은 0.60 cm의 비교적 큰 병반이 형성되었음에도 지상부와 지하부 생장이 유지되어 병원균의 병반 형성에 대한 저항성과 생육 유지 능력이 서로 다른 양상을 보인다. 본 연구는 가지속 CWR의 종간 병저항성 및 생육 반응의 차이를 제시하며, *S. sclerotiorum* 저항성 및 내병성 유전자원 선발을 위한 기초자료를 제공한다. (본 연구는 산림청(한국임업진흥원) 산림과학기술 연구개발사업(RS-2021-KF001796)의 지원으로 수행되었음.)

교신저자 E-mail: chaesun.na@koagi.or.kr

P9-09

산림생물자원 종자 추출물의 α-Glucosidase 및 Tyrosinase 저해 활성

이민성[p], 임미정, 허정훈, 이화, 김유정, 나채선[c]

한국수목원정원관리원 국립백두대간수목원 야생식물종자실

본 연구는 산림생물자원 종자 118종의 항당뇨 및 미백 기능성 소재를 발굴하기 위해 수행하였다. 동결건조 후 분쇄하여 얻은 시료를 10배량의 70% 메탄올로 상온에서 3시간 초음파 추출하고, 감압농축 및 동결건조하여 추출물을 확보하였다. 이를 대상으로 항당뇨 지표인 α-glucosidase 저해활성은 250 ppm, 미백 지표인 tyrosinase 저해활성은 1,000 ppm에서 평가하였으며, 각각 acarbose와 arbutin을 양성대조군으로 사용하였다. 모든 시험은 3반복으로 수행하여 평균 ± 표준편차로 나타냈다. 효소 저해율은 70% 이상을 A, 50% 이상 70% 미만을 B, 50% 미만을 C로 등급화하였으며, 두 효소 모두 A 등급에 해당하는 경우를 유효 소재 후보로 간주하였다. RAW 264.7 세포에 50 ppm으로 처리하였을 때 세포생존률이 80% 이상인 비독성 자원은 118종 중 110종이었으며, 이 가운데 두 효소 저해율이 모두 A 등급(70% 초과)을 충족한 자원은 15종이었다. 이는 항당뇨와 미백 활성을 동시에 지닌 소재로서의 가능성을 시사한다. 양성대조군인 acarbose와 arbutin은 각각 75.30 ± 0.64%와 81.08 ± 3.03%의 저해율을 나타냈다. 특히 우수한 활성을 보인 자원으로, 눈개승마는 α-glucosidase 102.02 ± 4.58%와 tyrosinase 103.34 ± 5.06%, 신나무는 각각 100.53 ± 0.88%와 90.74 ± 1.89%, 낙지다리는 98.98 ± 1.43%와 90.63 ± 3.20%, 부채붓꽃은 102.07 ± 0.37%와 89.44 ± 1.49%의 저해율을 보였다. 또한 산겨릅나무와 고로쇠나무는 각각 100.00 ± 2.42%와 84.78 ± 0.81%, 99.87 ± 0.17%와 81.28 ± 3.30%의 저해율을 나타냈다. 본 연구에서 선정된 자원은 탄수화물 대사효소 및 멜라닌 생성효소를 표적으로 하는 유효 소재 발굴의 우선순위 후보군으로 판단된다.

교신저자 E-mail: chaesun.na@koagi.or.kr

P9-10

Development of a hybrid drug delivery system based on freshwater diatom-derived biosilica and nanostructured lipid carriers for sustained anticancer drug release

Suk Min Yun[pc1], Taek Lee[2], Yoseph Seo[3], Wonhwa Lee[4], Chung Hyeon Choi[5], Z-Hun Kim[6], Daeryul Kwon[7], Sang Deuk Lee[1], and Chang Soo Lee[1]

[1]Biological Resources Research Department, Nakdonggang National Institute of Biological Resources, Sangju-si 37242, Korea
[2]Department of Chemical Engineering, Kwangwoon University, Seoul 01897, Korea
[3]Department of Bio and Fermentation Convergence Technology, Kookmin University, Seoul 02707, Korea
[4]Department of Chemistry, Sungkyunkwan University, Suwon 16419, Republic of Korea
[5]Ocean Environment Research, Kunsan-si, Jeollabuk-do, 54133, Korea
[6]Biological Department of Medicinal Bioscience and Bioengineering, Inha University, Incheon 22201, Korea
[7]Biological Resources Research Division, National Institute of Biological Resources, Incheon 22689, Korea

Freshwater diatoms are microalgae with a porous biosilica cell wall, and their high specific surface area and biocompatibility make them promising natural drug delivery materials. In this study, a hybrid drug delivery system (DB-NLC) was developed by combining diatom biosilica (DB) derived from domestic freshwater diatoms with nanostructured lipid carriers (NLC), and its drug loading, controlled release, and anticancer efficacy were evaluated. The optimal formulation was determined using HPLC and fluorescence analysis. In PBS, DB-NLC suppressed the initial burst release compared to conventional NLC and exhibited diffusion-controlled sustained release behavior ($R^2 > 0.96$). DB-NLC showed enhanced anticancer effects relative to the free drug, and the Osimertinib-loaded formulation inhibited the EGFR-Akt-ERK signaling pathway in lung cancer H1975 cells and demonstrated efficacy at lower concentrations in mutant Ba/F3 cell lines. In addition, an LLC-based lung cancer animal model and a 20 L scale-up culture were established to provide a preclinical evaluation and biosilica production platform. These results demonstrate the potential of DB-NLC as a next-generation drug delivery platform.

Corresponding author E-mail: horriwar@nnibr.re.kr

P9-11

Impact of pacific abalone (*Haliotis discus hannai*) co-culture on *Ulothrix* spp. growth and water quality in a static-batch aquaculture system

Patrick Appenteng[p1,2], Hojun Lee[1,2,3], Taejun Han[1,2,3], and Jihae Park[c1,2,3,4]

[1]Ghent University, Faculty of Bioscience Engineering, Department of Animal Sciences & Aquatic Ecology, Belgium
[2]Marine UGent, Korea, Ghent University Building, Incheon Global Campus, Incheon, South Korea, 21985
[3]Bio Environmental Science and Technology (BEST) Lab, Ghent University Global Campus, Incheon 21985, Republic of Korea
[4]Center for Green Chemistry and Environmental Biotechnology, Ghent University Global Campus, Incheon 21985, Republic of Korea

Urban marine parks that rely on natural seawater often face aesthetic and ecological challenges from spontaneous overgrowth of green filamentous algae such as *Ulothrix* spp. Management of this biomass is labor-intensive, costly, and often ecologically disruptive, underscoring the need for sustainable biological control alternatives. This study evaluated the efficacy of Pacific Abalone (*Haliotis discus hannai*) as a biocontrol agent for suppressing *Ulothrix* spp. biomass and examined the effects on water quality and abalone health under static-batch aquaculture conditions. A 21-day static-tank experiment was conducted to simulate park conditions, comprising five treatments: *Ulothrix*-only (ULON), abalone co-cultured with low, medium, and high *Ulothrix* densities (ABUL, ABUM, and ABUH, respectively), and abalone-only (ABAO). We monitored algal growth, water pH, and abalone performance (Specific Growth Rate (SGR), mortality, weight, and shell length) throughout the trial. *Ulothrix* spp. cultured alone exhibited positive net growth (SGR ≈ +1.4% day^{-1}), whereas all abalone co-culture treatments resulted in net algal biomass loss (SGR ≈ -1.6 to -3.7% day^{-1}). Overall final biomass differed significantly between the autogenic control and all co-culture treatments ($p < 0.05$). Water pH was the only measured water-quality parameter that differed significantly among treatments ($p < 0.05$). It remained elevated in the *Ulothrix*-only control relative to all abalone-containing treatments, a pattern attributed to the combined absence of abalone respiration and enhanced photosynthetic CO_2 drawdown by the denser, ungrazed algal biomass. Mean *Ulothrix* grazing rates were 5.08 ± 2.60% day^{-1} (ABUL), 2.99 ± 0.98% day^{-1} (ABUM), and 4.48 ± 1.25% day^{-1} (ABUH). No significant differences were detected among co-culture treatments (all $p > 0.05$). Similarly, abalone performance metrics, including SGR, weight gain, shell length, mortality, survival, and Feed Conversion Ratio (FCR), did not differ significantly across Ulothrix densities (all $p > 0.05$). These findings indicate that although *Ulothrix* spp. do not appear to enhance rapid commercial growth in abalone, the aquatic animals remain resilient, maintain baseline health, and actively graze regardless of algal density. Collectively, these results suggest Pacific abalone (*Haliotis discus hannai*) as an effective and sustainable biological management tool for controlling nuisance *Ulothrix* spp. blooms in static seawater park systems, if pH levels are systematically monitored.

Corresponding author email: jihae.park@ghent.ac.kr

P9-12

Evaluation of TCA cycle-related organic carbon sources for enhanced biomass production in *Haematococcus lacustris*

Ji Eun Jeong[p1], Yeon Woo Jo[2], and Sang-Ah Lee[c1,2]

[1]Interdisciplinary Graduate Program in Advanced Convergence Technology and Science, Jeju National University, Jeju, Republic of Korea
[2]Faculty of Biotechnology, Jeju National University, Jeju, Republic of Korea

Haematococcus lacustris is widely recognized as a high content of antioxidant pigment, astaxanthin (AX). However, its low biomass productivity limits large scale AX mass production. To improve biomass productivity, mixotrophic cultivation has been adopted; however, carbon source selection has largely focused on conventional substrates, with limited consideration of their metabolic roles. This study evaluated TCA cycle-related carbon sources based on their roles in energy metabolism and precursor supply. They were screened *in silico* using COBRApy, and then tested in algal bioprocess. COBRApy analysis showed that citrate and α-ketoglutarate supported the highest growth potential candidates. Cultivation experiments showed that citrate promoted the highest biomass accumulation and abundant zoospore formation. In contrast, α-ketoglutarate induced a red-to-green transition and maintained the green phenotype with sustained biomass accumulation. Overall, metabolic modeling combined with cultivation experiments provides a useful strategy for mixotrophic cultivation of *H. lacustris.*

Corresponding author Email: leesa@jejunu.ac.kr

P9-13

YOLO 기반 종자 X-ray 영상의 자동 검출·분류를 통한 충실률 분석 시스템 개발

추예린[p], 나채선[c]

국립백두대간수목원 야생식물종자실

본 연구에서는 종자 X-ray 이미지에서 개별 종자를 수작업으로 확인·집계하여 충실률을 산정하던 기존 업무를 자동화하기 위해 인공지능 기반 종자 검출·분류 시스템을 개발하였다. 연구 대상은 물피, 좀돌피 등 30종으로 설정하였으며, 이미지당 약 25립이 포함된 X-ray 이미지 1,000장을 이용하여 총 약 25,000개의 종자 객체 데이터를 구축하였다. 전체 이미지는 학습용 800장, 검증용 100장 및 시험용 100장으로 구분하고, 이미지 내 개별 종자를 충실종과 비립종으로 라벨링하여 YOLO11n 기반 객체검출 모델의 학습에 활용하였다. 개발 시스템은 X-ray 이미지에서 개별 종자의 위치를 검출하고 충실종과 비립종을 분류한 후, '충실종 수/전체 종자 수 ×100'의 산식을 적용하여 이미지별 충실률을 자동 산정하도록 구성하였다. 또한 신뢰도가 낮은 객체는 검토대상으로 제시하고, 담당자가 AI 판정 결과를 직접 확인·보정할 수 있는 전문가 검증 기능을 적용하였다. 모델의 성능은 시험용 이미지 100장에서 선별한 종자 객체 250립을 대상으로 평가하였다. 그 결과 정밀도(Precision) 0.917, 재현율(Recall) 0.904, F1 점수(F1-score) 0.910 및 IOU 기준 평균 정밀도(mAP@0.5) 0.929로 나타나 종자 객체의 검출과 충실·비립 분류에서 높은 성능을 보였다. 전문가 검증이 완료된 결과는 업무 결과표, AI 재학습용 라벨 및 검토 메타데이터로 저장할 수 있도록 구성하여 전문가 검증 결과가 후속 모델 개선에 활용될 수 있도록 하였다. 본 시스템은 종자 검출, 품질 분류, 수량 집계 및 충실률 계산 과정을 통합함으로써 반복적인 수작업을 줄이고, 전문가 중심의 최종 검증체계를 유지하면서 종자 품질검사 업무의 효율성과 판정 일관성을 높이는 데 활용할 수 있을 것으로 판단한다.

** 본 연구는 산림청(한국임업진흥원) 연구과제(사업번호 : RS-2021-KF001795)의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 e-mail: chaesun.na@koagi.or.kr

전시 부스(Exhibition)

■ Exhibition

일 자 : 2026. 10. 28.(수) ~ 10. 30.(금)

장 소 : 부산 해운대 한화리조트 지하1층 로비

■ Booth Layout



■ Booth No. Exhibitors

Booth No.	Exhibitors
1	엑스텍바이오㈜
2	(주)베스트텍 코리아
3	브루커(BRUKER) 코리아(주)
4	국립공원연구원
5	㈜모스콤
6	사단법인 한국방역협회
7	재단법인 마린유겐트코리아

※ 화학물질안전원
살생물질 승인유예 제품



BTi 미생물유충구제제
베가비티입제

BTi 미생물제제 베가비티입제는 선진국에서 가장 많이 사용되며 가격이 저렴하고 내성이 없으며 적은 양으로 빠른 속효성을 나타냅니다.



드론을 활용한 모기유충 방제
베가비티입제 살포

선택성
모기와 깔따구 유충만 선택적으로 치사시킵니다.

속효성
빠른 속효성이 나타납니다.

안정성
인축에 전혀 독성효과가 없습니다.

경제성
다른 유충구제제 대비 가격이 저렴합니다.

(주)베스트텍코리아
Best Tech Korea Co., Ltd.
Tel. 031-294-0736

ExtecBio
엑스텍바이오㈜

생태를 이해하는 기술,
공존을 만드는 솔루션

현장 실증 기반의
친환경 방제 · 모니터링 솔루션



Control Equipment

대발생 생물 대응 현장 적용형 장비



부유식 동양하루살이
유인 장치



수변등형 유인장치



주광성 비래생물
대량포집기



동양하루살이 예찰장비



러브버그 예찰장비

Monitoring Equipment

생태 및 환경조사를 위한 현장 조사 장비



팝업식
벌레이즈 펀넬



팝업식
라이트 트랩(백색, 주백색)



우화 트랩



말레이즈 트랩



방형구



서버넷



토양샘플러

생태계 보전을 위한
친환경 기술

과학적 조사 기반의
데이터 중심 접근

지자체·연구기관과의
현장 협력

사람과 자연이 공존하는
지속가능한 환경

ExtecBio 엑스텍바이오㈜

경기도 구리시 갈매중앙로 190, 휴밸나인 지식산업센터 엑스텍바이오 주식회사 **사무실** D6067호 **공장** A3006호
TEL. 031-529-0414 **FAX** 031-529-0416 **E-MAIL** extecbio@extecbio.com www.extecbio.com



한국환경생물학회

Korean Society of Environmental Biology

[06132] Rm. 1514, Yeoksam Hyundai Venturetel 20, Teheran-ro 25-gil, Kangnam-gu, Seoul, Korea
TEL: 070-8825-5449 E-mail: admin@koseb.org