2020 한국환경생물학회 춘계학술대회

2020 Spring Symposium of the Korean Society of Environmental Biology

전 지구적 지속가능을 위한 환경생물재난 대응 Coping with Environmental Bio-disaster for Global Sustainability



2020년 7월 10일(금)

장 소 한국기초과학지원연구원 대덕본원 (E-Conference)

주 최 한국환경생물학회

한국기초과학지원연구원, 해양생태계교란유해생물사업단, ㈜이바이오젠, 세계김치연구소, ㈜대한바이오팜, 젠큐브㈜, 가천대학교 생태학실험실, ㈜바이오피아, 인터페이스 엔지니어링, 사이언 인스트루먼츠 코리아



Opening remarks

한국환경생물학회 회원님께

회원 여러분 그동안 평안하셨습니까? 금년 초, 몰아 다친 코로나19 사태로 전 세계가 팬데믹 전염병이 창궐하여 우리 일상



의 삶이 송두리째 사라졌습니다. 지금은 2차 재확산의 조짐도 보이고 있어서 안심할수가 없는 상황이 되어 버렸습니다. 우리 학회도 고심 끝에 회원님들의 안전을 최우선적으로 고려하여 전면 온라인 방식으로 춘계 학술대회를 개최하게 되었습니다. 고심끝에 내린 결정이오니 많은 양해와 성원을 부탁드립니다.

이번 온라인 춘계학술대회를 열 수 있도록 적극 도움을 주신 한국기초과학지원연구원의 신형식 원장님께 깊은 감사를 드립니다. 온라인 초청 기조강연을 해 주시는 국립환경과학원 장윤석 원장님께도 깊은 감사의 말씀을 올립니다. 아울러 성공적 학회개최를 위해 성원해 주신 전임 회장님들께도 감사의 말씀을 올립니다. 어려운 여건인데도 불구하고 선뜻 학회 후원을 해 주신 한국기초과학지원연구원, 해양생태계교란유해생물사업단, 세계김치연구소, 이바이오젠, 젠큐브, 대한바이오팜, 가천대학교 생태학실험실, 바이오피아, 인터페이스 엔지니어링, 사이언 인스트루먼츠 코리아 대표님께 깊은 감사를 드립니다.

그리고 각 세션을 준비해 주신 좌장님과 발표 연사분들과 구두 및 포스터 발표를 준비하신 대학원생 여러분들 그리고 신진연구자 분들 모두에게 다시 한 번 진심으로 감사드립니다. 이번 학회는 사전에 영상을 편집하여 유튜브 방송 채널을 통해 송출하는 학회 사상 처음으로 시도하는 방식을 도입하였습니다. 언텍트 시대에 맞춰 새로운 형태의 학술대회가 될 것 같습니다.

이번 춘계학술대회는 코로나19와도 연관된 '전 지구적 지속가능을 위한 환경생물 재난 대응'이란 주제로 6개의 세션과 대학원생들을 위한 Job Fair 관련 자료도 소개합니다. 기관 소개에 참여해 준 정부출연연구소와 국립기관 그리고 기업 관계자분들께 감사드립니다. 우리 학생들의 취업에 조금이나마 도움이 되기를 기원합니다. 오늘 하루, 춘계학술대회 기간 동안 비대면이긴 하지만 상호교류와 좋은 정보들을 얻는 시간이 되길 기원합니다. 학회 회원님들과 학회 관계자 그리고 외부 참가자 분들 모두, 어려운 코로나19 사태를 잘 이겨내시고 건강한 모습으로 다음에는 직접 뵐 수 있기를 기원 드립니다. 끝으로 어려운 시기에 춘계학술대회 개최를 위해 헌신해 주신 한국환경생물학회 모든 임원 분들께 깊은 감사의 말씀을 드립니다.

2020. 07. 10

한국환경생물학회 회장 최 종 순 올림

Program at a Glance

2020년 7월 10일(금)

2020 한국환경생물학회 춘계학술대회 E-Conference	구성 시간
개 회 식 - 사 회: 이혁제 총무위원장(한국환경생물학회) - 개회사: 최종순 회장(한국환경생물학회) - 축 사: 신형식 원장(한국기초과학지원연구원) 장윤석 원장(국립환경과학원)	20분
기조강연 - 장윤석 원장(국립환경과학원) "우리나라 야생멧돼지의 아프리카돼지열병 대응"	30분
특별세션 A - KBSI "The state-of-the-art technologies of environmental and biological disaster"	90분
특별세션 B - KIGAM "환경미생물의 활용과 산업적 전망"	90분
특별세션 C - KIOST "담수/해수 유해미세조류(HABs) 대발생 원인분석 및 대응"	90분
특별세션 D - WIKIM "Recent advances in microbial ecology of fermented food and human gut"	90분
특별세션 E - 가천대학교 "유해 외래생물종의 생물학적 연구 및 관리방안"	90분
특별세션 F - 부경대학교 "Environmental DNA as an emerging biomonitoring tool"	90분
E-부스 - 기업 및 기관 소개	15분
구두발표 경진대회 (1부: 학생 / 2부: 신진연구자)	120분
Job Fair - 기업 및 기관 소개	10분
E-poster 발표안내 (홈페이지 E-poster 게시)	2분
폐 회 식 - 사 회: 이혁제 총무위원장(한국환경생물학회) - 시상안내, 운영진소개, 후원사소개 - 폐회사: 최종순 회장(한국환경생물학회)	20분

Contents

모시는 글
Schedule
기조강연 ····································
특별세션 A
특별세션 B ···································
특별세션 C
특별세션 D
특별세션 E ···································
특별세션 F
학생 구두 발표 55
신진연구자 구두발표······67
포스터 발표 71
Job Fair 신청 기업(기관) 소개 ······ 177
Supported By

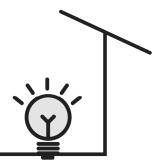


2020 한국환경생물학회 춘계학술대회

기조강연

총 구성시간: 30분

		좌장: 남인현/한국지질자원연구원
30분	S-1	우리나라 야생멧돼지의 아프리카돼지열병 대응 장윤석(국립환경과학원)



S-1

우리나라 야생멧돼지의 아프리카돼지열병 대응

장윤석^{pc}

국립환경과학원

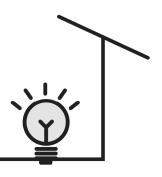
아프리카돼지열병(African Swine Fever, ASF)은 아프리카 케냐에서 1921년에 처음 보고되 었다. 멧돼지와 사육돼지 등 돼지과(Family Suidae)에만 95% 이상의 치사율을 보인다. 아프 리카에서는 토착화된 질병이다. 2000년 이전에 포르투갈과 쿠바로 전파되어 서유럽과 남미 에서 대유행(1957~1999년) 한 바 있다. 2007년 이후 동유럽의 조지아로 전파되어 현재까지 서유럽과 동아시아로 확산되고 있다. 아시아에서는 2018년 9월 중국의 사육돼지에서 처음 으로 발생 보고가 있었으며, 러시아에서 수입된 오염된 돼지고기에 의해 유입된 것으로 추 정된다. 북한에서는 2019년 5월에 압록강 주변 집단 돼지사육농장에서 발생이 보고되었으 나 현황에 대한 정보가 매우 제한적이다. ASF의 국가 간 전파는 주로 오염된 남은 음식물(여 객선, 비행기)이나, 오염된 돼지고기 또는 축산가공품의 유통에 의한 것으로 알려져 있다. 우리나라도 이러한 전파경로를 통해 ASF 바이러스가 유입될 것으로 예상되어 이전부터 농 림부는 국경검역을 그리고 환경부는 농장 주변 멧돼지의 감시를 강화 하였다. ASF는 한번 유입되면 근절을 위해서 많은 시간과 희생이 따른다. 체코공화국과 벨기에 같이 2년여 만에 종식 또는 소멸시킨 사례도 있으나 대부분 수년에서 수십 년에 걸쳐 질병을 근절하였다. 국 립환경과학원에서는 ASF 바이러스의 유입, 전파, 확산을 분석하기 위해 역학조사를 하고 있다. 멧돼지 폐사체 및 포획시료 외에도 다양한 환경시료, 매개동물, 사람 및 차량, 멧돼지 서식지 등에 대한 ASF 바이러스를 분석이 포함된다. 현재까지의 결과로 볼 때 외국의 사례 와 달리 매개동물 또는 환경을 매개로 접경지역을 통해 유입되었을 것으로 분석되었다. 환 경부는 첫 발생과 동시에 SOP에 따라 질병의 확산을 차단하기 위해 감염지역 울타리설치, 발생지역 내 오염원 제거를 위한 폐사체 집중수색 및 멧돼지 개체수 저감을 위한 포획강화 등의 대책을 시행하고 있다. 그 결과 아프리카돼질병은 최초 검출된 접경지역 부근의 울타 리 내에서만 전파되고 있으며, 초기에 발생한 파주, 연천, 철원의 일부지역에서는 7개월이 지나면서 소강국면을 보이는 등 적절한 대응이 이루어지는 것으로 보인다. 환경부에서는 지역별, 시기별 종합대책을 마련하여 조기종식을 위해 노력하고 있지만 앞으로 우리나라에 서 아프리카돼지열병이 언제까지 지속될지 예단하기는 어렵다. 아프리카돼지열병의 조기 종식을 위해서는 정부의 노력과 함께 국민적 참여가 매우 중요하다.

교신저자 E-mail: yschang@postech.ac.kr



2020 한국환경생물학회 춘계학술대회

특 별 세 션



특별세션 A

The state-of-the-art technologies of environmental and biological disaster

총 구성시간: 90분

좌장: 이문상/한국기초과학지원연구원

5분	세션소개	이문상(한국기초과학지원연구원)
15분	AS-1	수용성/투명성 아미노점토 첨가에 따른 남조류 성장 패턴 연구 이영철(가천대학교)
15분	AS-2	환경 유해물질 저감/제거를 위한 광촉매 및 탄소 소재기술의 최근 연구동향 이현욱(한국기초과학지원연구원)
20분	AS-3	PM2.5 induces skin cell toxicity and inflammation: Inhibitory effects of ginsenoside Rg3 (20S) 장병철(계명대학교)
 15분	AS-4	발생 단계를 고려한 흡착 기반 녹조 제어 전략 기술 개발 최윤이(고려대학교)
15분	AS-5	Microfluidic paper based analytical device for on-site bio/chemical analysis 한도경(한국기초과학지원연구원)

수용성/투명성 아미노점토 첨가에 따른 남조류 성장 패턴 연구

이영철

가천대학교 바이오나노학과

본 연구에서는 매년 한국에서 발생하는 남조류 대량 번식에 따른 문제점을 해결하기 위 해, 남조류 성장 제어에 대한 실험실에서의 기초 연구 결과를 고찰하고자 하였다. 우선 대표 적인 남조류인 Microcystis sp.와 Anabana sp.을 단일 배양하거나, 공동 배양하여 남조류의 성 장에 따른 패턴을 분석해보았다. 첨가제로 사용한 물질은 수용성/투명성 마그네슘 아미노 점토로써, 생태독성을 고려하여 마그네슘 기반에 -(CH₂)₃NH₂를 기능기화한 나노입자이며, 농도별 첨가에 따른 남조류의 성장 패턴을 파악해보았다. 첨가제로 사용한 아미노점토는 박테리아와 물벼룩에 대해 고농도에서도 생태독성이 없음을 사전에 확인하였다. 이에 아미 노점토의 농도별 성장에 따른 탄수화물, 지질, 단백질의 전체 함량을 분석하여 성장 조절제 로서의 가능성에 대해 타진해본 결과, 우선 굉장히 낮은 농도의 아미노점토 조건에서는 성 장이 조금 활성화되는 경향을 보이다가 어느 농도 이상에서는 성장이 지연됨을 확인할 수 있었으며, 농도가 증가할수록 남조류가 침전(수확)이 되는 경향을 보여주었다. 단일종 및 공 동 배양에서도 비슷한 패턴을 보여주었으며, 이는 양이온성 아미노점토의 남조류 세포의 표면 코팅에 따른 세포내부의 스트레스에 기인하는 것으로 추정이 된다. 이는 활성산소종 을 정량하였을 때. 성장패턴과 상호 연관성 가지고 있음을 확인하였다. 나아가 흔히 사용이 되는 황토와 본 연구의 아미노점토를 혼합하여, 남조류의 성장 조절에 대한 패턴을 파악할 필요가 있으며, 남조류 바이오매스의 추가적인 수거 기술을 검토해야할 것으로 보인다.

교신저자 E-mail: dreamdbs@gachon.ac.kr

환경 유해물질 저감/제거를 위한 광촉매 및 탄소 소재기술의 최근 연구동향

이현욱

한국기초과학지원연구원

(광)촉매 및 탄소 소재는 환경 유해물질 저감/제거를 위한 다양한 접근법들이 최근 새롭게 등장하였다. 최근(광)촉매 소재는 태양 스펙트럼 상 가시광이 상당 부분을 구성한다는 점을 고려하면, 수질 오염을 해결하기 위해 가시광 활성 광촉매의 개발이 필수적이며, 탄소 소재는 환경 유해성에 대해서 생각해 볼 때 회수 및 재이용관련 기술개발이 필요한 것이 사실이다. 이러한 문제를 해결하기 위해서 기술 개발된 (광)촉매 및 탄소 소재 뿐만 아니라 소재 융합형 시스템의 경우, 환경 오염지역에서 고효율의 환경 유해오염물질 저감/제거 실증이 가능할 정도로 다양한 연구가 활발히 진행되고 있다. 본 발표는 환경 유해물질 저감/제거에 필요한 중요 소재 요소기술 및 개발된 소재를 활용한 융합 시스템관련 내용으로 구성하였으며, 특히, 다양한 합성 방법을 사용하여 가시광 활성 광촉매 소재 제조와 탄소소재의 활용, 그리고 이 개발 소재 융합 시스템에 대한 최신 발전 방향에 대해서 발표할 예정이다. 마지막으로, 이러한 소재와 융합 시스템에 대한 새로운 도전과 관점은 환경정화분야의 향후 발전에 대한 통찰력으로 논의 될 예정입니다.

교신저자 E-mail: leeho@kbsi.re.kr

PM2.5 induces skin cell toxicity and inflammation: Inhibitory effects of ginsenoside Rg3 (20S)

Byeong-Churl Jang^{pc}

Department of Molecular Medicine, School of Medicine, Keimyung University

Exposure of airborne fine particulate matter (PM2.5) is harmful to human skin. However, until now, the molecular and cellular mechanisms underlying PM2.5-induced skin cell toxicity and inflammation are not fully understood. There is also a shortage of natural materials that inhibit PM2.5-mediated skin cell damage and inflammation. In this study, PM2.5 at 50-100 μ g/ml concentration-dependently reduced the survival and induced the apoptosis of HaCaT human keratinocytes, supporting PM2.5-induced epidermal cell toxicity. On mechanistic levels, PM2.5 at 75 μ g/ml caused the activation of caspase-9 and the cleavage of PARP in HaCaT keratinocytes. In addition, PM2.5 at 5-50 μ g/ml dose-dependently up-regulated the expression of cyclooxygenase-2 (COX-2), an inducible enzyme involved in the production of inflammatory prostaglandins (PGs), in both HaCaT keratinocytes and human dermal fibroblasts (HDFs), illustrating PM2.5-induced skin cell inflammation. Strikingly, among the natural materials screened, ginsenoside Rg3 (20R) greatly inhibited not only PM2.5-induced epidermal cell toxicity but also PM2.5-induced skin cell inflammation. These results collectively demonstrate that PM2.5 can induce human skin cell toxicity and inflammation, and importantly ginsenoside Rg3 (20R) can inhibit PM2.5-induced human skin cell toxicity and inflammation. This work suggests that ginsenoside Rg3 (20R) may be used for protecting or improving PM2.5-mediated skin cell toxicity and inflammation.

Corresponding author E-mail: jangbc123@gw.kmu.ac.kr

발생 단계를 고려한 흡착 기반 녹조 제어 전략 기술 개발

김호선, 박윤환, 김석, 최윤이 한

고려대학교 환경생태공학과

녹조 현상은 계속되는 이상기온현상으로 인한 수온상승, 과다한 영양염류 및 인위적 환경 조성(인공호수, 하천 유역의 도시화, 산업단지, 농지 및 위락시설 등의 개발로 인한 수변완 충지대인 녹지나 습지의 급격한 감소) 등으로 조류 발생빈도와 정도가 증가 추세에 있다. 조 류번식으로 인한 직접적인 환경 문제는 Microcystis sp., Anabaena sp., Aphanizomenon sp. 등 과 같은 남조류의 대규모 증식으로 인하여 야기되며, 이러한 남조류들은 마이크로시스틴 (Microcystins), 아나톡신-a(Anatoxin-a) 등의 조류 독성 물질을 생성하여 큰 피해를 야기할 수 있다. 특히 마이크로시스틴은 간독성물질로 간암, 급성 간 출혈 등의 간질환을 일으킬 수 있 는 것으로 보고되고 있어 녹조 현상에 대비할 수 있는 기술의 개발이 필요성이 대두되고 있 는 실정이다. 따라서, 본 연구에서는 발생 단계를 고려한 녹조 제어 전략 기술을 개발하기 위 해 흡착 기술 기반의 전략을 제시하고 있다. 녹조 발생 단계는 크게 녹조 현상이 일어나기 전 (Before algal blooms), 녹조 현상 발생(During algal blooms), 녹조 현상 발생 이후(After algal blooms)으로 나뉜다. 녹조 현상이 일어나기 전 단계에서는 녹조 현상의 억제를 위해 흡착 기 술 기반의 영양염류(N, P 등)을 제어하는 전략 기술을 개발하였으며, 녹조 현상 발생 단계에 서는 흡착 소재를 이용하여 실제 녹조 세포를 비활성화하여 소재 표면에 부착하여 녹조 세 포를 제거하는 기술을 개발하였다. 또한, 녹조 현상 발생 이후 단계에서는 녹조 세포 유래 독 성물질(cyanotoxin)의 흡착 기술 기반 제거 기술을 개발하여 녹조 발생 단계별 전략을 확립 하였다. 개발한 흡착 소재의 경우 폐 바이오매스 등을 활용하여 친환경적이며, 자원의 재활 용을 모색한 흡착 소재를 개발하였으며, 추가적인 화학적 개질을 통해 흡착 소재의 성능을 향상시켰다. 본 연구를 통해 개발된 흡착 기반의 단계별 녹조 제어 전략 기술의 경우 기존에 사용되고 있는 살조제(algaecide), 황토 살포와 달리 유해 조류 제어 시 유해 조류 내부에 존 재하는 조류 독성물질을 배출하지 않으며, 소재의 고정화를 통해 제어 후 회수를 통해 추가 적인 2차오염을 예방하는 친환경 제어 기술을 제시하고 있다. 개발한 소재의 경우 녹조 발생 의 친환경적인 제어기술을 적용할 수 있을 것으로 기대된다.

교신저자 E-mail: yechoi@korea.ac.kr

Microfluidic paper based analytical device for on-site bio/chemical analysis

Do Kyoung Han^{pc}

Research Center for Materials Analysis, Korea Basic Science Institute

Paper is very useful material allowing low-cost, light weight, easy to handle and capillary wicking for transporting fluids. Due to these advantages, microfluidic paper-based devices have recently drawn much attention to various analyticial fields. In this presentation, I will discuss the novel paper-based analytical devices (PAD) for bio/chemical sensing applications. First, I will describe a new one-step device for point-of-care (POC) testing that overcomes the limitations in sensitivity and fluidic manipulation. A three-dimensional PAD provides different fluidic paths for the sequential delivery of multiple fluids. The Integration of multiple reagents for signal amplification improved the sensitivity and the limit of detection (LOD), making it more accessible to an unskilled user and therefore more suitable for POC testing. Second, I will introduce a facile gold nanozyme-based PAD for colorimetric detection of Hg²⁺ ion. The Hg²⁺ sensing mechanism is based on the enzyme-like activity of gold nanoparticles, which is significantly enhanced by the formation of Au-Hg amalgam. This mechanism results in excellent selectivity for Hg²⁺ without requiring surface modification with Hg²⁺ specific ligands. Moreover, analysis can be carried out simply with a smartphone camera, eliminating the need for bulky and expensive analytical equipment.

Corresponding author E-mail: knhan3725@kbsi.re.kr

특별세션 B

환경미생물의 활용과 산업적 전망

총 구성시간: 90분

좌장: 남인현/한국지질자원연구원

5분	세션소개	남인현(한국지질자원연구원)
15분	BS-1	바이오 산업 분리/정제 공정 효율화를 위한 분리막 기술 박호식(한국화학연구원)
15분	BS-2	Syntrophic sulfide oxidation to elemental sulfur coupled with electrotrophic methanogenesis 이창수(울산과학기술원)
20분	BS-3	유기성폐기물 바이오가스화 시설의 운영기술 유영섭(대우건설)
15분	BS-4	습지로부터 확보된 메탄산화균의 유전체 및 생리학적 특성 분석을 통한 응용 가능성 평가 김소정(한국지질자원연구원)
15분	BS-5	Interaction between microplastics and cadmium in the soil-plant system: Effects on plant growth and rhizosphere microbial communities 윤학원(포항공과대학교)

바이오산업 분리・정제 공정 효율화를 위한 분리막 기술

박호식^{pc}

한국화학연구원 그린탄소연구센터 분리막연구그룹

바이오산업은 바이오 기술을 바탕으로 생물체의 기능 및 정보를 활용하여 제품 및 서비스등 다양한 고부가가치를 생산하는 산업으로 국내에서는 의약바이오(Red-Bio), 산업바이오(White-Bio), 그린바이오(Green-Bio), 및 융합바이오 분야로 분류하고 있으며, 기후변화 등환경적 이슈로 인해 석유 기반의 탄소 경제를 그린카본 기반의 탄소 경제로 전환할 수 있는핵심 산업분야로 관심이 증대되고 있다. 특히 삷의질 향상, 고령화, 만성질환 증가 등에 따른글로벌 바이오산업 시장은 지속적으로 확대될 전망이며, 일부 국내 기업은 국제 경쟁력을 갖추고 있는 상황이다. 그러나 바이오산업 공정용 장비 및 원·부자재는 대부분 수입에 의존하고 있는 설정이다. 구체적으로 바이오 제품 생산에 있어 핵심공정인 분리·정제·농축 공정에 분리막 기술이 필수적으로 적용되지만, 이에 필요한 분리막 소재는 대부분 선진 해외기업에서 카르텔을 형성하여 독점하고 있는 상황이다. 또한 최근 일본 수출 규제 등과 맞물려, 우리나라는 생산공정을 포함한 원·부자재 생산 기술 자립화가 반드시 필요한 상황이며,특히 바이오산업 분야에서도 분리·정제·농축 공정을 위한 핵심소재(분리막)의 자립화 기술을 확보할 필요가 있다. 따라서 본 발표에서는 바이오산업 현황과 바이오산업 공정에 필수적으로 적용되는 분리·정제·농축 공정용 분리막 기술에 대한 소개를 하고자 한다.

교신저자 E-mail: hspark@krict.re.kr

Syntrophic sulfide oxidation to elemental sulfur coupled with electrotrophic methanogenesis

Changsoo Leepc

School of Urban and Environmental Engineering, Ulsan National Institute of Science and Technology

Direct interspecies electron transfer (DIET) between exoelectrogenic fatty acid-oxidizing bacteria and electrotrophic methanogens is an important syntrophic process for the reductive conversion of CO₂ to CH₄ in anaerobic digestion (AD). Enhancement of methanogenic performance by promoting DIET by adding conductive materials that serve as electrical conduits between electro-syntrophic partners has been demonstrated in recent studies. Given the vast taxonomic and functional diversity of microbes involved in AD, it is not unlikely that DIET promotion can directly or indirectly influence microbial redox reactions other than methanogenesis. The complexity of microbial responses in AD systems to the addition of conductive materials will likely increase when electron sinks other than CO₂ exist in abundance. However, this possibility has not been experimentally investigated, while previous studies of DIET in AD have primarily focused on accelerating electrotrophic methanogenesis. This talk will introduce a new finding from my laboratory of DIET-based syntrophic sulfide oxidation to S⁰ under sulfur-rich AD conditions with the addition of conductive magnetite (Fe₃O₄, >8 mM Fe). The results from a collection of physicochemical, electrochemical, microbial, and thermodynamic analyses suggest an electric syntrophy between unknown exoelectrogenic sulfide-oxidizing bacteria and electrotrophic methanogens via magnetite-assisted DIET. Given that naturally-occurring conductive minerals, such as iron ores, are abundant in nature, the new route of sulfur metabolism may play a significant role in the sulfur cycle in the biosphere, particularly in anoxic environments. From an engineering point of view, this finding opens new possibilities for in situ removal of toxic H₂S and elemental sulfur recovery in AD processes.

Corresponding author E-mail: cslee@unist.ac.kr

유기성폐기물 바이오가스화 시설의 운영기술

유영섭

대우건설 기술연구원

2012년 이후 가축분뇨, 하수슬러지, 음폐수 등의 유기성폐기물의 해양배출이 금지되면서 국내에서도 이들 폐기물을 바이오가스로 전환하여 에너지를 활용하는 시설들이 지속적으로 설치되고 있으며 최근에는 이러한 시설의 설치가 더욱 증가하고 있다. 그동안의 바이오 가스화 시설 설치사업으로 설계 및 시공기술은 많은 발전과 개선을 이루었으나 운영기술의 발전과 노하우의 축적은 여러 가지 사유로 상대적으로 느리게 진행되고 있다. 본 발표에서는 유기성폐기물을 처리하는 혐기성 소화시설을 안정적 및 효율적으로 운전하기 위한 기술들 중 중요한 내용을 중심으로 요약하여 제시하고자 한다. 주요 내용은 알칼리도의 중요성과 올바른 측정 및 해석 방법, 휘발성유기산 농도의 저해작용 및 측정방법, 유기산 농도와 알칼리도의 비율계산과 해석, 혐기성미생물에 대한 독성과 제어 방안, 암모니아 저해작용, 혐기성 소화에 유용한 물질의 종류 및 역할, 소화조 내 거품과 스컴의 관리 등에 대한 것으로서 실제 바이오가스시설을 안정적으로 운영하기 위해 필요한 자료가 될 것이다.

교신저자 E-mail: youngseob.yu@daewooenc.com

습지로부터 확보된 메탄산화균의 유전체 및 생리학적 특성 분석을 통한 응용 가능성 평가

김소정^{pc1}, 정기용^{1,2}

¹한국지질자원연구원 지질환경재해연구센터 ²충북대학교 미생물학과

습지는 지구 대기 중 메탄 배출에 많은 부분을 차지한다. 메탄산화균과 메탄발생고균이습지 내 메탄 순환에 관계가 되어있다고 알려져 있다. 이 연구는 습지 환경에서 새로운 메탄산화균을 확보한 후 이 균의 생리적 특성과 유전체 특성을 밝히고자 하였다. 이를 위해 소옥천생태 습지로부터 메탄 산화 활성을 가지는 균을 확보하였고, 이를 B8로 명명하였다. 16S rRNA 유전자 상동성 결과 Methylocystis hirsuta와 98.8%의 상동성을 가졌으며, ANI, AAI분석 결과 84.1%와 88.1%로 신규 종임이 확인 되었다. 균주 B8은 15-37℃ (최적 35℃), pH 6.5-10 (최적 pH 9)에서 생장한다. 현재까지 분리된 Methylocystis중 가장 높은 pH에서 최적조건을 가지는 것으로 밝혀졌다. 탄소원으로 메탄과 메탄올을 사용할 수 있으며, 질소원으로는 질산염과 암모니아를 사용한다. B8의 유전체 분석결과 3.4 Mbp, G+C값은 59.9 mol%이다. 메탄 산화에 필요한 methane monooxygenase 중 2개 타입의 particulate methane monooxygenase를 가진다. 2 종의 메탄산화효소는 각각 high-affinity 메탄 산화와 low-affinity 메탄산화에 관여하는 것이다. 이는 B8이 다변화하는 습지 환경 내 다양한 메탄 농도 조건에서 생장 가능함을 보여준다. 이 외에 수은과 비소 저항성, PHB(polyhydroxybutyrate)합성 능력 등다양한 특성은 생태학적 측면에서 뿐만 아니라 균주를 활용한 중금속 저감 및 생분해 플라스틱 개발 등에 응용할 수 있는 가능성을 보여준다.

교신저자 E-mail: sojkim86@kigam.re.kr

Interaction between microplastics and cadmium in the soil-plant system: Effects on plant growth and rhizosphere microbial communities

Hakwon Yoon^{p1}, Yoon-Seok Chang^{c1,2}, and Eun-Ju Kim^{c3}

¹Division of Environmental Science and Engineering, Pohang University of Science and Technology (POSTECH)

²National Institute of Environmental Research (NIER)

³Center for Water Resource Cycle Research, Korea Institute of Science and Technology (KIST)

The microplastics (with the size of smaller than 5 mm; MPs) including nanoplastics (with the size of smaller than 100 nm; NPs) have been detected in terrestrial ecosystems as well as aquatic ecosystems. In addition, MPs may absorb several toxicants, including heavy metals, polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs), pesticides, and persistent organic pollutants. However, the research on MPs effects in terrestrial ecosystems is currently underway. In this study, we observed the potential effects of polystyrene MPs, including NPs, on a terrestrial plant-soil system. The plant *Arabidopsis thaliana* and soil microbial community dynamics were set to assess the above and below ground responses to the MPs. Furthermore, Cadmium (Cd), a representative heavy metal in soil, was added to further explore the interaction and/or synergism of Cd and MPs to the plant and rhizosphere microbial communities.

Corresponding author E-mail: yschang@postech.ac.kr (Y.S. Chang) / eunjukim@kist.re.kr (E.J. Kim)

특별세션 C

담수/해수 유해미세조류(HABs) 대발생 원인분석 및 대응

총 구성시간: 90분

좌장: 백승호/한국해양과학기술원

5분	세션소개	백승호(한국해양과학기술원)
15분	CS-1	유해 와편모조류 Cochlodinium polykrikoides 적조와 태풍의 관계 분석 백승호(한국해양과학기술원)
15분	CS-2	Interaction network of microbiome in cyanobacterial bloom 안치용(한국생명공학연구원)
15분	CS-3	Long-term patterns of chlorophyll and nutrients and the eutrophication processes in Daechung Reservoir 안광국(충남대학교)
15분	CS-4	데이터 전처리를 활용한 녹조발생 예측모델 성능 개선 차윤경(서울시립대학교)
15분	CS-5	Potential role of oil-degrading bacteria in the formation of a harmful dinoflagellate blooms after oil spills 박범수(한국해양과학기술원)

유해 와편모조류 Cochlodinium polykrikoides 적조와 태풍의 관계 분석

백승호^{pc1,2}, 임영균^{1,2}, 이기섭^{2,3}, 조홍연^{2,3}, 최진용⁴

¹한국해양과학기술원 위해성분석연구센터 ²과학기술연합대학원대학교 한국해양과학기술원 스쿨 ³한국해양과학기술원 빅데이터센터 ⁴한국해양과학기술원 해양재난재해연구센터

본 연구에서는 유해 미세조류인 Cochlodinium polykrikoides에 태풍이 미치는 영향을 이해 하기 위해, 태풍 통과 전후 변화하는 한국 연안해역의 수문학적 특성과 관련하여 C. polykrikoides의 발생과 소멸양상을 조사하였다. 2019년 C. polykrikoides 적조는 8월 23일 발 생하여 9월 24일에 종료되었다. 황해를 통과하며 북상한 태풍 링링은 강한 남풍을 유발하여, 9월 8일 남해도 남쪽 해안에 C. polykrikoides의 적조를 집적시켰다. 9월 4일 현장조사 데이터 를 기반으로 한 입자 확산모델 시뮬레이션에 따르면, C. polykrikoides 적조 패치의 이동양상 은 태풍이 유발하는 취송류에 크게 영향을 받아 현장관찰 결과와 유사하게 남해도 남쪽연안 에 집적됨을 확인하였고, 이는 주야수직이동이 포함된 모델 결과에서 더 뚜렷하게 나타났 다. C. polvkrikoides 적조는 남해안 전반으로 점차 확장되는 경향을 보였으며, 약 2주 후에 대 한해협을 거쳐 남해안을 지나간 태풍 타파의 통과 직후 소멸되었다. 2019년 통과 태풍에 따 라 C. polykrikoides 적조의 발생과 소멸양상의 차이를 보여, 과거 C. polykrikoides 적조 기간 동안 통과한 태풍들의 특성과 적조의 거동을 조사하였다. 각 태풍과 적조의 거동을 비교한 결과, 태풍이 동반하는 풍향, 강수, 파고, 파 에너지의 요인 중 지속적으로 높은 유의 파고는 높은 파 에너지로 이어져 물리적인 손상으로써 C. polykrikoides 적조의 소멸에 중요한 역할 을 함을 시사했으며, 특히 2019년 통과 태풍의 48시간 누적 파 에너지는 타파(753.6k J·m⁻²) 가 링링(481.7k J·m⁻²)보다 훨씬 높았다. 결론적으로, 태풍의 풍향 및 파 에너지의 물리적 영 향은 C. polykrikoides 적조의 집적 및 소멸을 결정하는 데 중요한 역할을 시사하였다.

교신저자 E-mail: baeksh@kiost.ac.kr

Interaction network of microbiome in cyanobacterial bloom

Chi-Yong Ahn^{p,c,1}, Seong-Jun Chun¹, Yingshun Cui¹, Jay Jung Lee², In-Chan Choi², and Hee-Mock Oh¹

¹Cell Factory Research Center, KRIBB ²Geum River Environment Research Center, National Institute of Environmental Research

To elucidate the ecological network and interactions among producers, consumers, and decomposers in the Daechung Reservoir, Korea, we investigated the diversity and compositions of the cyanobacterial (16S rRNA gene), including the genotypes of *Microcystis* (cpcBA-IGS gene), non-cyanobacterial (16S), and eukaryotic (18S) communities through high-throughput sequencing. *Microcystis* blooms were divided into the Summer Major Bloom and Autumn Minor Bloom with different dominant genotypes of *Microcystis*. Network analysis demonstrated that the modules involved in the different phases of the *Microcystis* blooms were categorized into the Pre-Bloom, Bloom, Post-Bloom, and Non-Bloom Groups. *Microcystis* genotype-based sub-network uncovered that *Pirellula, Pseudanabaena*, and *Vampirovibrionales* preferred to interact with specific *Microcystis* genotypes in the Summer Major Bloom than with other genotypes in the Autumn Minor Bloom, while the copepod *Skistodiaptomus* exhibited the opposite pattern. In conclusion, the transition patterns of cyanoHAB-related modules and their key components could be crucial in the succession of *Microcystis* genotypes and to enhance the understanding of microbial ecology in an aquatic environment.

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

Long-term patterns of chlorophyll and nutrients and the eutrophication processes in Daechung Reservoir

Kwang-Guk An^{pc1}, Jae-Gu Kim², Sung-Min Jung³, Jeong-Eun Kim¹, and Ji-Yoon Kim¹

¹Department of Biology, Chungnam National University, Daejeon 34134, Korea ²Chungrok Environmental Ecosystem Research Institute, Korea ³Korea Water Environmental Management Research Institute, Korea

Long-term water quality patterns of physical, chemical and biological parameters were analyzed in Daechung Reservoir. The variations of water quality reflected the intensity of the summer rainfall and also partially influenced by the up-reservoir construction. We compared the monsoon effects between high-flood year (intense-monsoon year) and low-flood year (drought year) to identify major key factors controlling the ecosystem, and develop the empirical relations of chlorophyll-nutrients-light regime using the field observations. In addition, in situ short-term nutrient enrichment bioassays (NEBs) were conducted several years. Interannual variations in water quality was mainly influenced by summer rainfall intensity. During an intense monsoon, the riverine zone occupied 80% of the reservoir surface area and the lacustrine zone was confined to the downlake reach, resulting in deep mixing depth, ionic dilution, high TP and NVSS, and the depressed algal biomass in the riverine reach. The analysis of Trophic State Index Deviation (TSID) suggested that the factors other than phosphorus limited algal growth [TSI (Chl) - TSI (TP) < 0] in the headwaters, and that non-algal particles dominated during the summer [TSI (Chl) - TSI (SD) < 0]. In contrast, during a drought year, reduced TP and NVSS, and high chlorophyll yields at a given unit of phosphorus were evident. Phosphorus, based on the NEB experiments, was primary limiting nutrient controlling the algal productivity, and the Chl-TP models showed a strong linear fit during the spring and fall periods, but not during the summer monsoon. Still, more long-term water quality monitoring is required for better understanding of ecological functions in Daechung Reservoir.

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

데이터 전처리를 활용한 녹조발생 예측모델 성능 개선

차윤경^{p,c}, 신지훈

서울시립대학교 환경공학과 물환경관리연구실

계급 불균형은 이진 분류에서 중대한 문제이나, 실제 적용에서 모델의 성능과 계급 불균 형을 연관시키는 시도는 부족한 상황이다. 본 연구는 계급 불균형의 정도가 녹조 발생의 예 측에 미치는 영향을 명시적으로 분석하는 것을 목적으로 한다. 분류 모델에는 2013년부터 2019년까지 영산강, 금강, 낙동강의 13개 지점의 모니터링 자료를 활용했으며, 자료에 포함 된 다양한 물리 화학적, 수문 기상학적 변수들은 입력변수로, 녹조 발생(남조류 세포수 ≥ 1,000 cells/mL)은 종속변수로 활용되었다. 녹조 발생에 대한 불균형 비의 범위는 0.93에서 9.64로 모니터링 지점에 따라 상당한 차이를 나타냈다. 연구 결과는 계급 불균형은 모델의 성능(AUC, 재현율, F-measure) 악화에 영향을 미쳤으며, 이는 불균형 비의 증가에 따라 위음 성률(false negative rate)이 크게 증가하는 것으로 나타났다. 전처리의 적용은 위음성률을 감 소시키는 동시에 진양성률(true positive rate)를 증가시켜 AUC와 재현율을 향상시켰으며, 불 균형 비가 클수록 개선 정도가 큰 경향을 나타냈다. 앙상블 분류기들의 활용만으로는 계급 불균형 문제를 성공적으로 대응하지 못했다. 그에 반해, 전처리와 조합하여 활용한 경우 일 관적으로 단일 분류기보다 뛰어난 성능을 나타냈다. 앙상블 분류기 중 AdaBoost는 전처리 의 적용과 상관없이 모든 불균형 비에서 가장 안정적인 성능을 나타냈다. 본 연구의 결과는 계급 불균형 문제의 대응을 위한 전처리 적용의 적절성을 강조하는 동시에 불균형 데이터에 대한 학습에서 분류 알고리즘, 모델 평가 지표 선택에 대한 유용한 지침을 제공한다.

교신저자 E-mail: ykcha@uos.ac.kr

CS-5

Potential role of oil-degrading bacteria in the formation of a harmful dinoflagellate blooms after oil spills

Bum Soo Park^{pc1,2}, Deana L. Erdner², Hernando Bacosa², Zhanfei Liu², and Edward J. Buskey²

¹Marine Ecosystem Research Center, Korea Institute of Ocean Science and Technology ²Marine Science Institute, University Texas at Austin

There have been no studies on effect of altered bacterial communities due to crude oil exposure on phytoplankton growth, even though crude oil leads to change in bacterial communities, and this change can affect phytoplankton growth and community composition. Thus, we examined effect of change in bacterial communities due to oil exposure on dinoflagellate growth. For this study, free-living bacteria isolated from a *Prorocentrum texanum* culture were exposed to crude oil for a month, and the growth change in P. texanum after co-culture with oil-treated bacteria was investigated. Interestingly, the growth rate and yield of *P. texanum* in bacterial treatment was clearly enhanced. To gain more direct evidence, we investigated variation in dinoflagellates growth after co-culture with oil-degrading bacterial isolates from oil spilled soil after the Texas City "Y" oil spill. Two bacterial isolates (C1-T3 and E1-Gal-T2) clearly enhanced the growth rate and yield of six different dinoflagellates, including axenic cultures (Amphidinium carterae and Peridinium sociale). Lastly, to determine whether or not these isolates can enhance dinoflagellate growth by releasing nutrients, nutrient-limited medium was prepared by removing each one of the components (nitrogen, phosphorous, trace metals or vitamins), and the two bacterial isolates were inoculated into each nutrient limited media, containing A. carterae and Pe. sociale. These bacterial isolates enhanced the growth rate and yield of the two dinoflagellates, regardless of any nutrient-limited media. Together with these findings, oil-degrading bacteria may enhance the growth of dinoflagellates and this growth-enhancing activity may not be derived from nutrients released from the bacteria.

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

특별세션 D

Recent advances in microbial ecology of fermented food and human gut

총 구성시간: 90분

좌장: 노성운/세계김치연구소 노성운(세계김치연구소) 5분 세션소개 Exploring extremely halophilic archaea: from food to human 20분 DS-1 gut 노성운(세계김치연구소) Microbial niches in raw ingredients determine microbial 20분 DS-2 community assembly during kimchi fermentation 원태웅(세계김치연구소) Foodomics: a comprehensive approach to food and 20분 DS-3 fermentation 손홍석(동신대학교) Genomic characterization of Clostridioides difficile strains isolated from South Korean patients with CDI based on 20분 DS-4 comparative genomic analyses 이세희(세계김치연구소)

Exploring extremely halophilic archaea: from food to human gut

Seong Woon Rohpc

Microbiology and Functionality Research Group, World Institute of Kimchi

On the basis of culture-dependent studies, archaea had been mainly thought to be extremophiles thriving under extreme conditions, such as hot springs, salt lakes, acid mine drainages, submarine volcanic habitats and deep oil reservoirs; however, it has been revealed that the archaea are common in various environments and are involved significantly in the process of methanogenesis and in global biogeochemical cycles of carbon and nitrogen. The extreme halophiles are well adapted to hypersaline environments, even though high salinity is toxic to most cells. These extremely halophilic archaea, also called haloarchaea or halobacteria, are known to have red-pigmented colonies and generally require more than 1.5 M NaCl for growth. All haloarchaea are clustered tightly within the class Halobacteria in the phylum Euryarchaeota; this class comprises currently six families in three orders with 62 genera and 258 species. Ecological studies of the haloarchaea in extreme environments have been performed using culture-dependent and next-generation sequencing approaches. It was found that the haloarchaea in food and human gut were more physiologically versatile than was previously suspected and that diverse extremophilic haloarchaea having unknown ecological potentials could be cultivable with intensive cultivation efforts.

Corresponding author E-mail: swroh@wikim.re.kr

Microbial niches in raw ingredients determine microbial community assembly during kimchi fermentation

Tae Woong Whon^{p1}, Hye Seon Song^{1,2}, Juseok Kim¹, Se Hee Lee¹, Joon Yong Kim¹, Yeon Bee Kim^{1,2}, Hak-Jong Choi¹, Jin-Kyu Rhee², and Seong Woon Roh^{c1}

Fermented foods constitute hubs of microbial consortia differentially affecting nutritional and organoleptic properties, quality, and safety. Here we show the origin source of fermentative microbes and fermentation dynamics of kimchi. We partitioned microbiota by raw ingredient (kimchi cabbage, garlic, ginger, and red pepper) to render kimchi fermented by each source-originated microbe pool and applied multi-omics (metataxonomics and metabolomics), bacterial viability, and physiochemical analyses to longitudinally collected samples. Only kimchi cabbage- and garlic-derived microbial inoculums yielded successful kimchi fermentations. The dominant fermentative microbial taxa and subsequent metabolic outputs differed by raw ingredient type: the genus *Leuconostoc*, *Weissella*, and *Lactobacillus* for all non-sterilized ingredients, garlic, and kimchi cabbage, respectively. Gnotobiotic kimchi inoculated by mono-, di-, and tri- isolated fermentative microbe combinations further revealed *W. koreensis*-mediated reversible microbial metabolic outputs. The results suggest that the raw ingredient microbial habitat niches selectively affect microbial community assembly patterns and processes during kimchi fermentation.

Corresponding author E-mail: swroh@wikim.re.kr

¹Microbiology and Functionality Research Group, World Institute of Kimchi ²Department of Food Science and Engineering, Ewha Womans University

Foodomics: a comprehensive approach to food and fermentation

Hong-Seok Sonpc

Department of Korean Medicine, Dongshin University

Fermentation has been employed for a long time to improve the functionality, texture, shelf life, and flavor of food products. Microorganisms can degrade organic substances with their own enzymes and many metabolic changes occur during fermentation. New molecular approaches are needed to gain new insights and to control fermentation. Foodomics has been defined as a discipline that studies the Food and Nutrition domains through the application of omics technologies. Foodomics involves four main areas of omics (genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics). Among them, the field of metabolomics involves holistic analysis of metabolic changes in the complete set of small compound. ¹H NMR spectroscopy, GC-MS, and LC-MS are commonly used for identification and quantification of the metabolome in foods. In metabolomics, pattern recognition method such as principal component analysis and orthogonal projections to latent structures discriminant analysis can be used for facilitating the visualization of the inherent patterns and the identification of the metabolites responsible for classification among objects. Metabolomics approaches are expected to provide new research methods for the study of food and fermentation from holistic perspective. One advantage of the metabolic approach is fingerprinting, which is largely used to monitor metabolic patterns associated with changing metabolites. Metabolomics studies have been successfully applied to investigate the fermented food. They are also used to unravel unknown metabolites in fermented foods. Many metabolomics studies highlight the usefulness of monitoring for distinct metabolite changes in fermented foods.

Corresponding author E-mail: hsson@dsu.ac.kr

Genomic characterization of *Clostridioides difficile* strains isolated from South Korean patients with CDI based on comparative genomic analyses

Se Hee Lee^{p1}, and Seong Woon Roh^{c2}

Clostridioides difficile infection (CDI) is an infectious nosocomial disease caused by Clostridioides difficile, an opportunistic pathogen that occurs in the intestine after extensive antibiotics regimens. This study aimed at investigating the clues for the diagnosis and treatment of South Korean patients with CDI based on comparative genomic analyses of C. difficile strains. Nine C. difficile strains designated CBA7201-CBA7209 were isolated from nine patients diagnosed with CDI at the national university hospital in Republic of Korea, and the whole-genomes of these strains were sequenced to identify their genomic characteristics. Comparative genomic analysis was performed using 51 reference strains and the nine isolated herein. Phylogenetic analysis based on 16S rRNA gene sequence confirmed that all 60 C. difficile strains belong to the genus Clostridioides, while in silico DDH analysis and core-genome tree indicated that they were divided into five groups, which was consistent with the results of MLST clade analysis. KEGG and BLAST analyses confirmed the presence of the genes encoding flagella, which are involved in the ability of C. difficile strains to adhere to intestinal cells. All strains were confirmed to have a clindamycin antibiotic resistance gene, but the other antibiotic resistance genes differ depending on the MLST clade. Genome analysis also confirmed that C. difficile strains possessed different toxin genes loci (PaLoc and CdtLoc). Interestingly, the six strains belonging to ST17 among the nine C. difficile strains isolated here exhibited unique genomic characteristics for these toxin genes loci and had similar antibiotic resistance genes. In this study, we identified the specific genomic characteristics of South Korean C. difficile strains, which can help physicians appropriately prescribe antibiotic regimens to prevent CDI.

Corresponding author E-mail: seong18@gmail.com

¹Microbiology and Functionality Research Group, World Institute of Kimchi, Gwangju 61755, Republic of Korea

²Department of Microbiology, Chonnam National University Medical School, Gwangju 61469, Republic of Korea

특별세션 E

유해 외래생물종의 생물학적 연구 및 관리방안

총 구성시간: 90분

좌장: 이두형/가천대학교

- 5분	세션소개	이두형(가천대학교)
20분	ES-1	Potential of harmonic radar tagging on <i>Lycorma delicatula</i> (Hemiptera: Fulgoridae) nymphal survivorship and behavior 이두형(가천대학교)
20분	ES-2	First report of presence of overwintering <i>Halyomorpha halys</i> (Hemiptera: Pentatomidae) in port area in South Korea 송현성(가천대학교)
20분	ES-3	생태계교란식물 양미역취(Solidago altissima L.)에 대한 전기처리 제초기 효과 홍선희(한경대학교)
20분	ES-4	국내 연안에서 서식하는 4종의 외래 유입 따개비와 1종의 국내 토착 따개비의 분포 및 점유율 현황 이윤식(고려대학교)

Potential of harmonic radar tagging on *Lycorma delicatula* (Hemiptera: Fulgoridae) nymphal survivorship and behavior

Doo-Hyung Lee^{pc}

Department of Life Sciences, Gachon University

The spotted lanternfly, Lycorma delicatula (Hemiptera: Fulgoridae), has recently emerged as a destructive invasive pest. However, understanding of the biology of L. delicatula is currently lacking. This invasive pest has rapidly spread and established itself in new regions (e.g., South Korea), taking advantage of a wide range of host plants, but virtually no studies have investigated the dispersal capacity and patterns of the species. Harmonic radar tracking provides new tools to study the dispersal of small animals such as insects in natural field settings. In this study, we discuss procedures that allow scientists to securely attach harmonic radar tags on the fourth instar nymphs of L. delicatula. The adhesive bond strength between the radar tag and the nymph was sufficiently large for operational use, yielding 431.10 \pm 43.37-g forces (mean \pm SE). Variations in L. delicatula body size of did not affect the adhesive bond strength. Neither horizontal mobility nor vertical climbing ability of L. delicatula was affected by radar tagging compared with untagged control. There was also no significant difference in the jumping capability of radar-tagged and untagged insects. Likewise, radar-tagging did not affect the survivorship of L. delicatula over 3 days. The results of this study indicate that the harmonic radar system can be successfully applied to fourth instar nymphs of L. delicatula without changing their mobility and survivorship. Further study will address the dispersal capacity and behavior of this invasive species under natural field conditions and this information will serve as a basis for the development of effective monitoring and management strategies.

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

First report of presence of overwintering *Halyomorpha halys* (Hemiptera: Pentatomidae) in port area in South Korea

Hyunsung Song^p, Minhyung Jung, Jung-Wook Kho, Soowan Kim, Joo-Young Kim, Do-Hun Gook, and Doo-Hyung Lee^c

Department of Life Sciences, Gachon University, Gyeonggi-do, South Korea

Halyomorpha halys (Hemiptera: Pentatomidae), an agricultural pest native to Asia, has become a globally invasive pest via its overwintering behavior, where H. halys aggregates in artificial structures including shipping goods. Therefore, to evaluate the risk of *H. halys* contamination to international trade goods, research efforts should be made to monitor the overwintering populations in and around port areas. In this study, we monitored the population dynamics of both active and overwintering H. halys in diverse landscapes nearby ports of Pyeongtaek and Ulsan in 2019. For active populations, H. halys abundance was surveyed from October to early December using aggregation pheromone traps in three agricultural fields and a forested area nearby each port. In addition, to detect dispersing H. halys to the port, visual inspections were conducted on vehicles waiting to be loaded and vegetation in the port of Ulsan, and overwintering traps were also deployed. Finally, for overwintering populations, a variety of artificial structures in both ports as well as natural and artificial structures in a forested area nearby the port of Ulsan were visually inspected. For active populations, the mean numbers of H. halys (\pm SE) per trap collected over 2 weeks were 1.08 ± 0.17 and 2.86 ± 0.33 in Pyeongtaek and Ulsan regions, respectively. The populations were collected until late November in both regions. For dispersing populations, no individual was detected from visual inspections and overwintering traps. Finally, we report the first detection of overwintering H. halys in the port area; four overwintering individuals were found from the crevices of artificial structures in the port of Pyeongtaek. These findings suggest continuous monitoring efforts should be in place to detect overwintering H. halys in and near port areas to prevent them from contaminating export goods.

Acknowledgment: This research was supported by a grant (PQ2019B002-SP) from Animal and Plant Quarantine Agency, South Korea.

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

생태계교란식물 양미역취(Solidago altissima L.)에 대한 고압전기처리살초기 효과

홍선희^{pc1}, 이용호¹, 오영주², 이가은¹, 최태양¹

1한경대학교 응용자원환경학과 2㈜미래환경생태연구소

양미역취(Solidago altissima L.)는 북미 원산의 다년생 외래식물로 지하경을 이용해 군락 을 이룬다. 일년생 외래식물의 제거는 매토된 종자가 유일한 번식도구이며, 다년생의 경우 매토된 종자 뿐 아니라 지하 영양번식체를 함께 제거해야 제거 효율이 높으며, 재발생을 낮 출수 있다. 양미역취의 뿌리와 지하경은 매우 복잡한 구조로 토양내에 매몰되어 있으며, 지 상부의 예취, 뿌리의 굴취로 쉽게 제거가 되지 않는 특징을 보이며, 성공적인 제거 사례가 보 고되지 않고 있다. 따라서 본 연구는 효과적인 지하영양번식체 제거 기술의 하나로 고압의 전기를 이용한 생태계교란외래식물의 방제기술을 검증하였다. 처리에 사용된 살초기는 영 국 Rootwave사의 Rootwave pro이며, 최대 5000V, 1A의 출력으로 식물체내에 흐르며, 이 과 정에서 발생하는 열로 인해 지상부 및 지하부를 동시에 살초처리 할 수 있다. 처리는 고압전 기살초기, 지상부예취, 무처리의 세가지 방법을 적용했으며, 살초처리는 2019년 10월 중순 전라북도 완주군에서 실시했으며, 2020년 4월 하순 재생되는 양미역취의 단위면적당 개체 수, 개체당 높이를 측정해여 처리 효과를 비교하였다. 처리 이해듬해 재생되는 양미역취의 수는 각각 43개체/m2, 139.5개체/m2 그리고 286개체/m2 수준이었으며, 초장은 6.975cm, 6.025cm, 3.35cm 수준으로 재생되는 개체수 기준 1회 고압전기처리 효과는 85% 수준의 방 제율을 보이며, 지상부예취 처리의 약 325% 수준의 효과를 보였다. 따라서 고압전기살초기 는 양미역취와 유사한 뿌리체계를 가지는 다년생 외래식물의 방제에 활용 가능할 것으로 판 단되며, 반복처리 또는 예취, 굴취 등의 방법과 혼용하는 연구가 추가로 수행된다면 좀더 효 과적인 제거 기술로써 그 효과가 기대된다.

사사: 본 연구는 환경부(과제번호: 2017002270001)의 연구지원에 의해 수행되었음

교신저자 E-mail: shhong@hknu.ac.kr

국내 연안에서 서식하는 4종의 외래 유입 따개비와 1종의 국내 토착 따개비의 분포 및 점유율 현황

이윤식^{p1,3}, Mike Dadole Ubagan^{2,3}, 이택준³, Bal Dev Bhattrai³, 박승빈⁴, 홍진솔⁵, 신숙^{c3,4}

¹고려대학교 에코리질리언스연구원 ²삼육대학교 대학원 환경원예학과 ³삼육대학교 해양생명자원연구소 ⁴삼육대학교 동물생명자원학과 ⁵고려대학교 환경생태공학부

따개비류(Balanidae)는 유생시기에 바다 속에서 부유하며 살다가 성체시기에 평생 고착생 활을 한다. 이러한 특징은 이들이 선박 하부 및 선박평형수를 통하여 여러 해양생태계로의 유입을 가능하게 하며, 이는 해양생태계의 교란을 유발시킬 가능성을 가진다. 본 연구에서 는 국내 14개의 항구에서 총 4종의 외래 유입종와 1종의 국내 토착종 따개비의 분포와 점유 율(%)을 확인하였다. 각 항구에서 1~3m 깊이에 10개의 부착생물이 부착하고 서식이 가능한 부착판(넓이: 30*30cm)을 설치하고 방치하였다. 1년의 실험기간 동안, 2017년 5월부터 10월 (여름기간), 2017년 11월부터 2018년 4월(겨울기간)까지의 기간동안 방치가 이루어졌으며, 2017년 10월과 2018년 4월 마지막주에 부착판을 꺼내어 사진을 찍은 뒤, 이미지 분석 프로그 램을 통하여 대상따개비의 점유 면적을 전체면적으로 나누어 점유율(%)을 계산하여 이를 통하여 이들의 분포와 점유현황을 분석하였다. 각 따개비종들의 점유율은 지역마다 차이를 보였으며(P<0.05), 총 5종 따개비의 평균점유율은 여름기간에 11.17%, 겨울기간에 7.59%로 여름기간에 좀더 높은 점유율을 보였다. 국내토착종인 삼각따개비의 경우 인천지역을 제외 한 모든 지역에서 출현하였고 주로 부산, 여수, 광양을 포함하는 남해지역에서 가장 높은 점 유율을 보였다. 4종의 외래유입종의 경우, 동해 지역에서는 화산따개비, 닻따개비, 흰따개 비가, 남해지역에서는 주걱따개비, 화산따개비, 닻따개비, 흰따개비가, 서해지역에서는 주 걱따개비, 흰따개비각 각각 출현하였다. 비모수적 다차원 척도법으로 분석한 결과, 여름기 간과 겨울기간 모두 동해와 남해, 동해와 서해의 종 구성에서 유의한 차이가 발생하였으며, 이 차이는 각 샘플링 지역의 수온과 염분의 차이에 의해 나타나는 것으로 분석되었다.

교신저자 E-mail: shins@syu.ac.kr

특별세션 F

Environmental DNA as an emerging biomonitoring tool

총 구성시간: 90분

		좌장: 김현우/부경대학교
 5분	세션소개	김현우(부경대학교)
20분	FS-1	Biodiversity study of fish species in Korean rivers using eDNA metabarcoding analysis 김현우(부경대학교)
15분	FS-2	환경DNA 메타바코딩 기술을 활용한 도시 생물종 모니터링 가능성과 한계 송영근(서울대학교)
15분	FS-3	Molecular and ecological studies on environmental microorganism from variety samples 김동욱(상지대학교)
15분	FS-4	eDNA-based assessments of microbial communities in human impacted coastal waters 이혁제(상지대학교)
15분	FS-5	Biomonitoring of harmful algae in Korean waters using metabarcoding analysis 강혜은(부경대학교)

Biodiversity study of fish species in Korean rivers using eDNA metabarcoding analysis

Muhammad Hilman Fu'adil Amin¹, Ah ran Kim¹, Hyuk Je Lee³, and Hyun-Woo Kim^{pc1,2}

¹Interdiciplinary program of Biomedical, Mechanical and Electrical Engineering, Pukyong National University

²Department of Marine Biology, Pukyong National University

³Department of Biological Science, Sangi University

Environmental DNA (eDNA) metabarcoding is novel approach to assess biodiversity, replacing the laborious traditional survey methods. We here adopted eDNA metabarcoding platform to monitor the biodiversity of fish and benthic metazoans in three Korean rivers. Genomic DNAs were isolated respectively from water and sediment samples and NGS analysis was conducted based on MiFish pipeline for Fish and partial SSU region for benthic metazoan. Benthic metazoan metabarcoding results revealed 67 families, which covered 16 classes and 4 phyla (Annelida, Arthropoda, Mollusca, and Platyhelminthes). Clustering analysis appeared to reflect the characteristics of sample sites as well as water quality exhibiting difference in abundance of several insect taxa including Ephemeroptera, Plecoptera and Trichoptera (EPT). As the result of MiFish pipeline, total 129 fish haplotypes (87 species with 17 families) were detected, which were higher than those by the traditional direct surveys. Fish in Cyprinidae is most abundant among them identified in all sampling sites. Fish assemblage by eDNA metabarcoding successfully reflected the environmental characteristics of each sample site. 39 haplotypes were exclusively detected in a specific sampling site and those proportions were higher in upstream region. Correlations between benthic metazoan and fish assemblage was also analyzed. Based on the current results, eDNA metabarcoding would be reliable tool for the ecological studies in aquatic ecosystem, which would further replace the traditional survey methods.

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

환경DNA 메타바코딩 기술을 활용한 도시 생물종 모니터링 가능성과 한계

서울대학교 환경대학원

생물다양성 보전에 대한 시대적인 요구가 지속되고 있는 가운데, 생태학 연구의 보틀넥이 라고 할 수 있는 생물종 조사를 보다 효율적으로 정확하게 수행하기 위해, 환경 DNA를 활용 한 새로운 방법론에 대한 이해와 적용 가능성에 대한 검토가 요구되고 있다. 국내에서도 생 물자원 데이터베이스 구축과 보전, 희귀종 식별을 위한 DNA 자료 수집은 활발히 이루어지 고 있으나, 환경 DNA를 활용한 생물종 조사로 응용되는 연구사례는 적용범위를 확장하고 있으나 아직 초기단계라고 할 수 있다. 특히 많은 기대를 모으고 있는 환경 DNA 기술을 활 용한 수생태계 어류종 조사에서는, 전통적인 방식의 현장조사에서 한계로 알려진 지형이나 식생에 따라 어망 투척이 힘든 경우, 물이 혼탁하여 목시로 확인이 어려운 경우, 바위 틈이나 돌 밑으로 숨어 들어간 생물종을 포획 확인하는 것이 어려운 경우, 종 동정 등에 전문지식에 요구되는 경우 등을 보완해줄 수 있는 기술로써, 현장에서 활용하고자 하는 요구도가 높다 고 할 수 있다. 따라서 본 연구는 환경 DNA 메타바코딩 기술을 활용한 생물종 조사의 의의 와 기술 도입의 가능성을 검토하는 것을 목적으로 한다. 이를 위해 환경 DNA를 활용한 자연 환경조사와 관련된 국내외 연구사례들을 검토하고 기술 적용의 중요성과 향후 연구 방향을 검토한다. 나아가, 실제 본 기술의 적용 가능성을 가늠하기 위해 출현종 목록이 제한적인 도 시 내 생태하천 및 민물고기 수족관을 대상으로 파일럿 테스트를 실시함으로써, 그 결과를 바탕으로 특히 도시생태계의 생물종 서식환경 관리 분야를 중심으로 기술도입의 가능성을 논하고자 하다.

사사: 본 결과물은 환경부의 재원으로 한국환경산업기술원의 도시생태 건강성 증진 기술개발사업의 지원을 받아 연구되었습니다(No. 2019002760001).

교신저자 E-mail: songyoung@snu.ac.kr

Molecular and ecological studies on environmental microorganism from variety samples

Dong-Uk Kim^{pc}

Sangji University

Recent advancement of biotechnology enabled the development of various living modified microorganisms (LMMs) for environmental remediation, food industry, as biopesticides, and utilization of waste resources. However, consequently, such microorganisms are being released into the natural environment, either intentionally or unintentionally, or exposed to the natural ecosystem during specific applications. To investigate these possible unintended effects of LMMs, we performed a microcosm study using the Corynebacterium glutamicum carrying the D-psicose-3-epimerase from Agrobacterium tumefaciens, which is transform the fructose to psicose, to assess its effects on soil microorganism populations and communities. This study was conducted in three different soil samples using the plate counting method on selective media as well as real-time PCR denaturing gradient gel electrophoresis analyses. In addition, we examined potential gene residue of kanamycin resistance gene into the soil environment, including microflora, in the microcosm. on the basis of the polyphasic analysis, C. glutamicum had no distinct impact on soil microorganism populations and communities with kanamycin resistance gene flow from the LMMs. With the advance of gene technology, genetically modified (GM) crops have increased in recent years. GM crops offer us various benefits. But there are potential risks of GM crops on the environment. In this study, the impacts of transgenic plants on soil microbial community structures were assessed by using both cultivation and molecular methods. We using the total viable count and OTU-based community profiling with Illumina MiSeq platform for measure the changes of microbial density over time between GM and non-GM plants. The results showed that the microbial dynamics of GM subplots were quite similar compared to non-GM subplots. Only the density of Rhizobium associated with legume plants increased in soybean soils. This study showed that the bacterial communities of the experimental field soils were not significantly affected by cultivation of GM soybean. There were not meaningful differences between GM and non-GM lines based on culture-dependent and molecular approaches.

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

eDNA-based assessments of microbial communities in human impacted coastal waters

Nam-Il Won¹, Ki-Hwan Kim², Sang Rul Park³, and Hyuk Je Lee^{pc4}

¹K-Water Institute, Korea Water Resources Corporation

²Gencube Plus

³Department of Marine Life Sciences, Jeju National University

⁴Molecular Ecology and Evolution Laboratory, Department of Biological Science,

Sangji University

The coastal ecosystems are regarded as the most dynamic and vulnerable environments under various anthropogenic developments and the effects of climate change. Variation in the composition and diversity of microbial communities may be a good indicator for determining whether the marine ecosystems are affected by complex forcing stressors. DNA sequence-based metabarcoding has recently emerged as a promising tool for analyzing the structure and diversity of microbial communities based on environmental DNA (eDNA). However, few studies have so far been performed using this approach to assess the impacts of human activities on the microbial communities in marine systems. In this study, using DNA metabarcoding (16S ribosomal RNA gene), we analyzed and compared seawater and sediment communities between sand mining and control (natural) sites in southern coastal waters of Korea to assess whether anthropogenic activities have significantly affected the microbial communities. The sand mining sites harbored considerably lower levels of microbial diversities in the surface seawater community during spring compared with control sites. Moreover, the sand mining areas had distinct microbial taxonomic group compositions, particularly during spring season. The microbial groups detected solely in the sediment load/dredging areas (e.g., Marinobacter, Alcanivorax, Novosphingobium) are known to be involved in degradation of toxic chemicals such as hydrocarbon, oil, and aromatic compounds, and they also contain potential pathogens. This study highlights the versatility of metabarcoding in monitoring and diagnosing the impacts of human disturbance on the environmental health of marine ecosystems from eDNA. eDNA-based analysis will help to monitor and diagnose a diverse array of ecosystems, including marine, riverine, and also terrestrial systems.

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

Biomonitoring of harmful algae in Korean waters using metabarcoding analysis

Hye-Eun Kang^{p1}, Wol-Ae Lim², and Hyun-Woo Kim^{c1}

¹Pukyong National University Development of Marine Biology ²National Institute of Fisheries Science

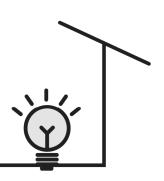
Adverse effects of Harmful Algal Blooms (HABs) is not limited to the human health in the affected area. The economic losses due to the HAB in Korea are estimated up to \$52,000,000 for 10 years from 2001 to 2012. Therefore, since 1995, the National Fisheries Research and Development Institute (NGRDI) has conducted a regular survey to monitor the HAB in Korean waters. Recently, molecular techniques are now being applied for HAB monitoring and environmental DNA (eDNA) metabarcoding are among the most promising techniques, in which a whole community structure can be analyzed with relatively low cost, labor and time. We here analyzed both prokaryotic and eukaryotic community structures by three different universal primer sets ((16S, 18S, 23S universal primers) to understand the total microbial communities during the HABs. Field samples were collected by biweekly from June to August for three years (2017, 2018 and 2019). Five putative HABs were identified in which the single species responsible for the bloom occupies more than 20 % of total reads in each site, Alexandrium affine, A. pacificum, Alexandrium sp., Cochlodinium polykrikoides and Akashiwo sanguinea. Among them, HABs by the Cochlodinium polykrikoies occurred in 2018 and 2019 and its correlations with the microbial taxa were analyzed. The microbial and phytoplankton communities were analyzed using the PRIMER version 5 for the Shannon-Wiener OTUs diversity index (H') and Pielou's evenness index (J') based on the number of species and the amount present. The non-metric multidimensional scaling (nMDS) analysis was performed based on the Bray-Crutis similarity with group average on square-root transformed abundance data to compare the microbial and phytoplankton communities among different samples using the PRIMER-E software v. 6 (Primer-E Ltd., UK). Canonical correspondence analysis (CCA) was used to link variations in microbial communities to environmental factors using Canoco 5 software. Functional analysis was performed in which bacterial gene functions were predicted from 16S rRNA gene-based microbial compositions using PICRUSt algorithm to make inferences from KEGG pathways.

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



2020 한국환경생물학회 춘계학술대회

구 두 발 표



1부: 학생 구두 발표

좌장: 이두형/가천대학교

ST-01	Citric-acid induced Phytoremediation in <i>Brassica napus</i> L. under Copper Stress using Proteomics 주영환(충북대학교)
ST-02	Interannual and longitudinal gradients analysis of water qualities based on nutrients organic matter contents and some other factors Md Mamun(충남대학교)
ST-03	Development of molecular-based early detection method for 'golden tide' seaweeds: comparative analysis of mitochondrial and chloroplast genomes between Korean and Chinese individuals 변서연(상지대학교)
ST-04	4-octylphenol induces craniofacial defect via deregulation of neural crest cells in <i>Bombina orientalis</i> embryos 수영(한양대학교)
ST-05	제초제 메타자클로르에 대한 해양 와편모조류 <i>Prorocentrum minimum</i> 의 광합성 저해, 유전자 발현 및 틸라코이드 막 붕괴 현상 김한솔(상명대학교)
ST-06	Flight ability of the endangered dung beetle <i>Gymnopleurus mopsus</i> (Coleoptera: Scarabaeidae) using flight mill and mark-release-recapture experiments 임창섭(고려대학교)
ST-07	국내 담수어류 종 검출 고도화를 위한 환경유전자 기술 적용 김가우(서울대학교)
ST-08	등줄쥐(Apodemus agrarius) 개체군의 유전자 분석을 통한 백두대간 국립공원 서식지 연결성 평가 김유림(상지대학교)
ST-09	한국 보름달물해파리 <i>Aurelia coerulea</i> (Cnidaria; Schypozoa) 폴립의 유전적 다양성 분석 서요셉(상명대학교)
ST-10	Population genetic investigation of <i>Aedes albopictus</i> (Diptera: Culicidae) populations in Vietnam Cuong Van Duong(고려대학교)
ST-11	환경호르몬 dibutyl phthalate에 의한 생쥐 정자의 glycogen synthase kinase 3α 억제성 인산화 감소를 통한 운동성 감소 박승현(한양대학교)
ST-12	Effects of the channelization of the benthic macroinvertebrate habitats in the Han River, Seoul, Korea 박성환(고려대학교)

2부: 신진연구자 구두 발표

좌장: 이두형/가천대학교

YS-01	섬진강 하구역에서 식물플랑크톤 군집의 계절특성; HPLC와 현미경 분석 비교 이민지(한국해양과학기술원)
YS-02	Au@PtNP/GO 나노자임 기반의 수질 오염인자 검출용 센서 개발 고은아(한국기초과학지원연구원)
YS-03	Prospect and insight of kelp bed ecosystem in Jeju Island, Korea under climate-driven disturbance 김상일(국립수산과학원)

Citric-acid induced Phytoremediation in *Brassica napus* L. under Copper Stress using Proteomics

Yong-Hwan Ju^{p1}, Ju-Young Choi¹, Swapan Kumar Roy¹, Soo-Jeong Kwon¹, Kwang-soo Kim², Jong-Soon Choi³, Cho Kun⁴, and Sun-Hee Woo^{c1}

¹Dept. of Crop Science, Chungbuk National University, Cheong-ju 361-763, Korea
 ²Mokpo Experiment Station, National Institute of Crop Science, RDA, Muan 534-840, Korea
 ³Principal Researcher, Korea Basic Science Institute, Daejeon 169-148, Korea
 ⁴Biomedical Omics Center, Korea Basic Science Institute, Ochang Cheong-Ju, Korea

This study aimed to examine the proteome changes of *Brassica napus* L. under Cu stress and Citric-acid (CA) application for 7 days. The 28-days-old seedlings were exposed to different concentrations of Cu and CA. The fresh and dry weights of Cu + CA treated seedlings were higher than those of the Cu treated. The CA enhanced the activities of antioxidant enzymes as compared with Cu treated. Using the gel-free proteome approach, a total of 1,473 proteins were identified in *B. napus* of these, 67 proteins were identified in *Brassica* species, whereas 36 proteins identified from *B. napus* that were classified as differentially abundant proteins. Among the 36 proteins, 21 proteins were upregulated, and 15 proteins were downregulated Cu and CA treated. This study may provide new insights into the molecular mechanisms of plant response to Cu stress.

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

Interannual and longitudinal gradients analysis of water qualities based on nutrients organic matter contents and some other factors

Md. Mamun^{p1}, Seokcheol Kwon¹, Jeong-Eun Kim¹, and Kwang-Guk An^{c2}

¹Department of Bioscience and Biotechnology, Chungnam National University,
Daejeon, 34134, South Korea
²Department of Biology, Chungnam National University, Daejeon, 34134, South Korea

This research aimed to analyze the interannual and longitudinal variations of water quality in the mainstream of Southern Han River, Korea, during 2015-2019. The trophic condition (TC), biodegradability index (BI), faecal pollution index (FPI), and river pollution index (RPI) were calculated and characterize the river water quality. The combined TC, BI, FPI, and RPI shows more serious pollution towards the downstream zone (Dz). Nutrients (TP, TN), organic contents (BOD, COD, TOC), suspended solids (TSS), ionic factors (EC), and algal chlorophyll (CHL-a) were higher in the downstream zone than any other zones. Regression analysis of water quality on the landuse pattern showed that nutrients (TP, TN) and organic matters (BOD, COD) had a positive linear functional relationship with agricultural and urban coverage while it was showing a negative linear relation with forest coverage. Based on TP, the trophic condition was in eutrophic in site 34 and from 40-46 in Dz. TP controlled the algal chlorophyll growth in $Rz_1(R^2=0.16)$, Mz ($R^2=0.33$), Rz_2 (R²=0.11), while TN regulated it in Hz (R²=0.26), and Dz (R²=0.24). The BlandFPI were higherin 34 sites than other sites in the HanRiver. The RPI indicates that the river water quality was in poor to very poor condition in Dz compared toHz, Rz₁, Mz, Rz₂. Overall, cluster analysis was applied to classify the monitoring sites into different water quality classes to provide a clearer under standing of the river's water status.

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

Development of molecular-based early detection method for 'golden tide' seaweeds: comparative analysis of mitochondrial and chloroplast genomes between Korean and Chinese individuals

Seo Yeon Byeon^{p1}, Kyeong-Sik Cheon¹, Sangil Kim², Sang Rul Park³, and Hyuk Je Lee^{c1}

¹Department of Biological Science, Sangji University ²Oceanic Climate and Ecology Research Division, National Institute of Fisheries Science ³Department of Marine Life Sciences, Jeju National University

Drifting brown macroalgal Sargassum horneri biomass, called 'golden tides', have frequently been introduced to southern coastlines of Korea. These floating nonindigenous populations posed a large threat to not only the local economy, but also coastal ecosystems. For possible control and management efforts of golden tides in Korean waters, the development of early detection method for nonindigenous S. horneri individuals is critical. In the present study, we performed comparative analysis of whole organelle genomes between Korean benthic (East Sea, South Sea, West Sea, and Jeju Island) and Chinese samples to develop novel molecular markers that can be used for differentiating Korean indigenous from nonindigenous individuals. We successfully mapped mt genomes of 34,620-34,628 bp and cp genomes of 123,982-124,053 bp for two Korean samples. MtDNA cox2 gene revealed the highest number of single nucleotide polymorphism (SNPs) between Korean and Chinese samples, and *nad7-trnP* intergenic spacer (IGS) showed a 14 bp indel mutation. Although we found a total of 54 SNPs in a longer genome from the cpDNA, its overall evolution rate was approximately four-fold lower than the mt genome. While analyses of Ka (non-synonymous)/Ks (synonymous) ratio in mt genome identified only a signature of negative selection, cp genome revealed a signature of positive selection on several genes. The 'candidate' genetic markers that we found can be applied to discriminating between Korean benthic and floating populations and also will help to trace the origin of floating populations more precisely.

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

4-octylphenol induces craniofacial defect via deregulation of neural crest cells in *Bombina orientalis* embryos

Yang Xu^p, Sun Jung Park, Ji Hyun Jang, and Myung Chan Gye^c

Department of Life Science and Institute for Natural Sciences, Hanyang University

4-octylphenol (OP), an endocrine disruptor leached into the freshwater system may be toxic to aquatic animals. Here we report the deregulation of cranial neural crest cells (NCCs) as a mechanism of head dysgenesis induced by OP in Bombina orientalis embryos. In the OP-treated tadpole's heads cartilages were frequently missed together with decrease in col2a1 mRNA and the lipid hydroperoxide, endoplasmic reticulum stress (ERS), apoptosis and DNA fragmentation were significantly increased. In Nieuwkoop and Faber stage 22 embryos, undifferentiated NCCs' markers such as sox10 and slug mRNA were significantly increased together with ectopic SOX10(+) cells in the gut endoderm whereas sox9 mRNA crucial for the chondrogenic differentiation of NCCs was significantly decreased. In sox9 knock down embryos, neural crest development was inhibited. In the primary culture of cranial NCCs from stage 22 embryos, OP significantly decreased survival, increased apoptosis, epithelial-mesenchymal transition (EMT) and migration but not altered the ERS. sox9 knock down significantly increased cell migration of NCCs and EMT markers while decreased chondrogenesis associated genes mRNA, indicative of inhibition of chondrogenic differentiation of NCCs. Together OP induced head dysgenesis could be manifested by generation of ROS and apoptotic cell death, potentiation of EMT and migration of NCCs, and defect in chondrogenic differentiation of cranial NCCs via down regulation of sox9 in Bombina orientalis embryos. This is the first reporting EDs target the NCCs the important stem cells entities in animal development.

Corresponding author E-mail: mcgye@hanyang.ac.kr

제초제 메타자클로르에 대한 해양 와편모조류 *Prorocentrum minimum*의 광합성 저해, 유전자 발현 및 틸라코이드 막 붕괴 현상

김한솔^{p1}, 왕휘¹, 소피아아바시¹, 부이티뉴꾸인¹, 최혜정², 기장서^{c1}

¹상명대학교 생명공학과 ²상명대학교 자연과학연구소

Chloroacetanilide계 제초제인 metazachlor에 대한 사용이 증가하고 있으며, 잔류물질의 수계유입에 따른 피해가 보고되고 있다. 지금까지 실시된 연구는 담수 녹조류와 남조류에 집중되어 있으므로, 해양의 광합성 조류에 대한 연구 및 독성평가가 필요하다. 본 연구는 해양 와편모조류 Prorocentrum minimum에 대한 metazachlor 제초제가 광합성 및 광합성 유전자에 미치는 영향을 확인하였다. Metazachlor 처리 농도와 노출시간에 따라 독성효과가 뚜렷하게 관찰되었다. 광합성 형광 및 광합성 효율(Fv/Fm)의 1mg/L의 농도에거 급격하게 저하하였다. Metazachlor에 대한 P. minimum의 반수치사농도 EC50 값은 0.647 mg/L로 조사되었다. 엽록체 및 광합성 색소 유전자 반응을 규명하기 위하여 photosystem (PS) II, PS I을 구성하는 photosystem II D1 protein gene PmpsbA, PmpsbB, PmatpB, PmrbcL 4개의 광합성 관련 유전자 발현변화를 조사하였다. 또한, 항산화유전자 PmKatG, PmGST 유전자의 발현을 계산하였다. 광합성 유전자와 항산화 유전자 중 PmGST이 유의미한 발현 증가가 관찰되었다. Metazachlor 처리에 대하여 P. minimum의 엽록체 틸라코이드 막이 붕괴되는 것을 투과전자현미경을 통해 관찰하였다. 본 연구 결과는 metazachlor의 해양 광합성 생물에 대한 유해한 영향을 제시하여 준다.

교신저자 E-mail: kijs@smu.ac.kr

Flight ability of the endangered dung beetle *Gymnopleurus mopsus* (Coleoptera: Scarabaeidae) using flight mill and mark-release-recapture experiments

Changseob Lim^{p1}, Ji Hyoun Kang², Jisoo Kim¹, Sung Hwan Park¹, Badamdorj Bayartogtokh³, and Yeon Jae Bae^{c1,2}

¹Department of Environmental Science and Ecological Engineering, Korea University, Korea

²Korea Entomological Institute, Korea University, Korea

³Department of Biology, School of Arts and Sciences, National University of Mongolia,

Mongolia

A ball rolling dung beetle Gymnopleurus mopsus Pallas, 1781 has been experienced global population declines due to anthropogenic disturbances. In South Korea, the species has not been observed since the 1970s, and is currently considered as locally extinct in the country. Flight ability, which is one of the key factors to understand animal's dispersal behavior and population dynamics, is essential for the successful future ex situ restoration of this dung beetle. Here, we investigated the flight ability of G. mopsus using both flight mill and mark-release-recapture (MRR) methods. Flight distance and velocity were measured in the laboratory condition using flight mill. Flight distance and dispersal characteristics in natural habitats were investigated by MRR on the south desert-steppe region in Mongolia, which still sustains large populations of the species. The mean flight distance and velocity on the flight mill were 804±872.1m 2.46±0.54m/s, respectively. Females flew significantly longer distance than males whereas flight velocity was not significantly different. The percentage of recaptured beetles and mean flight distance on the MRR were 5.52±3.45%, 391.7±205.7m, respectively. In both methods, unexpected long-distance flight ability was identified. This result might provide new insights into the long dispersal behavior and patterns of the species and allow a better understanding of the flight ability and population dynamics of dung beetles in general.

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

국내 담수어류 종 검출 고도화를 위한 환경유전자 기술 적용

김가우^P, 송영근^C

서울대학교 환경대학원 환경조경학과

본 연구에서는 국내 담수어류 모니터링의 한계를 극복하기 위해 환경 DNA 기술을 이용한 담수어류 모니터링이 국내에 적용이 가능한지를 확인하였다. 시료는 경기도민물고기생태 학습관 내 수조, 생태연못, 양식장에서 7월부터 10월까지 총 3차계에 걸쳐 채집하였다. 국내 담수생태계의 다양한 서식환경과 종 구성 현황에서의 종 검출 여부, 기존에 구축된 유전자 생물종 DNA목록을 적용하여 종 검출 여부, 국내 하천생태계 내 주요 종 검출 가능 여부, 이 렇게 총 3가지 목적을 가지고 16개의 샘플을 채취하여 Miya et al(2015)에서 제시된 환경 DNA분석 프로토콜에 준용하여 분석하였다. 분석 결과 수족관 내 어종 총 7목 11과 50종 중 7목 11과 45종(90%)이 검출되었다. 추가적으로 Total read 수는 전체 어종 중에서 붕어 (Carassius carassius)가 408,159로 가장 수치가 높게 나왔고 밀어(Rhinogobius brunneus)가 71 로 가장 낮게 나왔다. 기존의 환경 DNA 기술과 생물종 목록을 이용한 단 1회의 조사를 통하 여 수족관 내 3가지 환경 내 서식하는 민물고기 중 5종을 제외하고 그 외 모든 종(45종)이 검 출되었다는 점에서 국내 담수어류 모니터링 내 환경 DNA 기술 적용가능성을 확인하였다. 누락된 종은 국내 자연환경과 고유종 특성에 따른 DNA 정보의 차이, 채수자에 의한 오염 등 의 요인에 의해 발생된 것으로 파악된다. 따라서 기존의 데이터를 보완하여 국내 자체적인 환경DNA 매뉴얼을 제작하고 종 목록, primer를 개발하여 적용하고 종 자체에 대한 이해도 가 필요하다. 본 연구는 국내 종 대상의 파일럿 실험을 통하여 국내모니터링에 환경 DNA 기 술 적용 가능성을 확인한 것으로. 본 기술의 분석 및 도입과정에 대한 이해도를 증진시키고 향후 모니터링에 적용하고 발전시키기 위한 기초자료로 활용될 것이다.

사사: 본 결과물은 환경부의 재원으로 한국환경산업기술원의 도시생태 건강성 증진 기술개발사업의 지원을 받아 연구되었습니다(No. 2019002760001).

교신저자 E-mail: songyoung@snu.ac.kr

등줄쥐(Apodemus agrarius) 개체군의 유전자 분석을 통한 백두대간 국립공원 서식지 연결성 평가

김유림^{p1}, 김혜리², 김백준³, 이혁제^{c1}

¹상지대학교 생명과학과 분자생태및진화학실험실 ²국립공원연구원 조사연구부 ³국립생태원 생태평가연구실 환경영향평가팀

백두대간은 한반도의 중심 생태축을 이루며 생물다양성 집중지역(biodiversity hotspot) 서 식지로서 멸종위기 야생동식물 또한 다수 서식하고 있어 보전 가치가 매우 높은 지역이다. 국내 22개의 국립공원 중 8개 국립공원이 백두대간에 포함되어 관리 · 보호되고 있다. 국립 공원에 서식하는 야생생물 중 소형포유류는 1차 소비자로서 생태계 균형에 기여하며, 종자 분산, 질병의 매개체 등 중요한 생태적 기능을 수행한다. 연구 대상종인 설치류 쥐목(order Rodentia)에 속하는 등줄쥐(Apodemus agrarius)는 유라시아 대륙에 광범위하게 분포하며, 국 내에서 가장 흔한 소형포유류로 알려져 있다. 본 연구에서는 집단유전학 분석을 통해 국내 백두대간 국립공원에 서식하는 등줄쥐 개체군의 유전자다양성 및 유전적 구조를 파악하여 서식지 연결성을 평가하고자 하였다. 시료 채취는 설악산(SA) 26개체, 오대산(OD) 17개체, 태백산(TB) 16개체, 소백산(SB) 16개체, 월악산(WA) 45개체, 속리산(SN) 35개체, 덕유산 (DY) 2개체, 지리산(JR) 65개체로 총 8개 지역에서 2015년과 2019년에 수행하였으며, mitochondrial (mt) DNA cyt b (802bp) 유전자와 핵형 마이크로세틀라이트 유전자 9개를 분자 마커로 사용하였다. MtDNA cyt b 유전자 염기서열을 이용하여 백두대간 국립공원에 서식 하는 등줄쥐의 계통수(phylogeny) 분석 결과, 한국과 러시아, 중국, 카자흐스탄, 유럽 등줄쥐 개체군은 하나의 단계통군(monophyly)을 형성하였지만 제주도와 대만 개체군은 각각 서로 다른 계통을 나타내었다. 또한 단상형(haplotype) 네트워크 분석을 통해 총 134개의 단상형 이 관찰되었으며 H001은 가장 많은 개체(14%)가 공유하고 있는 것으로 확인되었다. 마이크 로세틀라이트 분석 결과, 예상치 이형접합도 $(H_{\rm E})$ 에 비해 관찰치 이형접합도 $(H_{
m O})$ 가 통계적 으로 유의한 수준으로 낮고, 근친교배계수(Fis)는 0.095~0.251 범위로 나타나 근친교배 (inbreeding) 가능성을 시사하였다. 등줄쥐 개체군의 유전적 구조(genetic structure) 분석 결 과, 지리적 거리와는 상관없이 모든 개체군이 하나의 유전자 풀(gene pool)을 공유하지만, 소 백산과 월악산 사이에 유전적 장벽(genetic barrier)이 존재할 가능성을 확인하였다. 이는 소 백산과 월악산 서식지 개체군간 유전자 확산(gene flow)이 제한되고 있음을 의미하며, 이 서 식지간 연결성을 증대시키기 위한 관리가 필요할 것으로 판단된다. 또한 제주도 등줄쥐 개 체군은 내륙에 서식하는 등줄쥐와 상이한 계통군을 형성하는 것으로 보아 추가 시료확보를 통해 보다 면밀한 생태 · 유전학적 연구를 수행하여 분류학적 위치를 재점검할 필요가 있을 것으로 사료된다.

교신저자 E-mail: hyukjelee@sangji.ac.kr

한국 보름달물해파리 *Aurelia coerulea* (Cnidaria; Schypozoa) 폴립 집단의 유전적 다양성 분석

서요셉^P, 부하리 라완 무함마드, 이연수, 기장서^c

상명대학교 생명공학과

전세계적으로 유해해파리의 대발생은 큰 피해를 입히고 있으며, 특히, 한국에서는 보름달물해파리(Aurelia coerulea)에 의해서 큰 경제적 손실과 환경적 교란이 발생하고 있다. 현재유해해파리에 의한 피해를 감소시키기 위해 많은 연구들이 진행되고 있으나, 이들의 대발생의 근원이 되는 해파리의 저서 폴립에 대한 연구는 제한적이다. 본 연구에서는, 한국에 서식하는 보름달물해파리 집단의 미토콘드리아 COI 유전자의 유전적 다양성과 구조를 분석하였다. 분석에 사용한 229개의 보름달물해파리 폴립에서 53개의 haplotype과 51개의 polymorphic site가 확인되었다. 또한, Neutrality 검증에서 최근 집단이 확장되었다는 가능성을 제시하는 음수의 Tajima's (D)와 Fu's (Fs)값이 산출되었다. TCS haplotype network분석에서는 53개의 유전형이 2개의 haplogroup (A 와 B)으로 나뉘어져 있는 것을 확인하였다. 본 연구의 결과는 한국 내 보름달물해파리의 폴립 집단에 관한 것으로, 이들로 인해 발생하는 성체 메두사 집단 구조 및 대량발생 기원지를 추정하는데 활용가치가 있다.

교신저자 E-mail: kijs@smu.ac.kr

Population genetic investigation of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) populations in Vietnam

Cuong Van Duong^{p1}, Ji Hyoun Kang², Vinh Van Nguyen³, Kijong Cho¹, and Yeon Jae Bae^{c1,2}

¹Division of Environmental Science and Ecological Engineering, College of Life Sciences and Biotechnology, Korea University, Seoul, South Korea

²Korean Entomological Institute, Korea University, Seoul, South Korea

³Department of Applied Zoology, Faculty of Biology, Hanoi University of Science, Vietnam National University, Vietnam

The Aisan tiger mosquito, Aedes (Stegomyia) albopictus (Skuse) is one of the most medically harmful vectors in the world causing serious epidemics and economic burden in its distribution ranges. Vietnam is known as one of the native region of this species with a large distribution throughout the country. A better understanding of the population genetics of Ae. albopictus may support for establishment of appropriate control strategies for the country. However, the population genetic information of Ae. albopictus has not been investigated in Vietnam to date. In the current study, we examined the genetic diversity and population genetic structure by analyzing the mitochondrial COI gene, through 16 locations across different climatic regions in Vietnam. High genetic diversity of Ae. albopictus with a total of 65 haplotypes was detected and the haplotype network revealed that the patterns of most prevalent haplotypes and its descendants corresponded to the latitudinal distribution within Vietnam. Additionally, population structure analyses indicated that Ae. albopictus population in Vietnam were regionally clustered. Particularly, a distinct population structure was found when populations were grouped into two regions, Northeastern and the remaining areas. The Mantel test revealed a significant but low correlation between genetic and geographic distance (Pearson's coefficient of correlation (r) =0.242, p=0.034). Neutrality test and mismatch distribution analyses strongly suggested possibility of the expansion in most populations. The current study provides information for pattern of genetic diversity and geographic structure of Ae. albopictus population in a native range that allow for better understanding of worldwide invasion scenario of this species.

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

ST-11

환경호르몬 dibutyl phthalate에 의한 생쥐 정자의 glycogen synthase kinase 3α 억제성 인산화 감소를 통한 정자 운동성 감소

박승현^P, 계명찬^C

한양대학교 생명과학과

환경호르몬은 다양한 경로를 통해 축적되며, 생식독성을 일으키는 것으로 알려져 있으나 정확한 기작에 대해서는 잘 알려져 있지 않다. 정자에서 glycogen synthase kinase 3α (GSK 3α) 의 serine 잔기 인산화를 통한 $GSK3\alpha$ 의 억제가 운동성 증가에 중요하다. 본 연구에서 환경 호르몬인 dibutyl phthalate (DBP)가 in vitro에서 생쥐 정자의 운동성에 미치는 영향과 독성 기 작을 규명하고자 GSK3α의 인산화, phosphotyrosine protein (p-Tyr), ROS, mitochondrial membrane potential (MMP)의 변화에 대해서 알아보고자 하였다. 부정소 미부로부터 정자를 분리하여 사용하였으며 분리한 정자에 DBP를 처리하여 capacitation 배양액에 1시간 배양한 뒤 컴퓨터 보조 정자 분석기(CASA)를 통해 운동성을 분석하였고 PNA 염색을 통해 자발적 첨체반응이 일어난 정자를 계측하였다. DCFH-DA assay를 실시하여 ROS를 측정하였고 TMRE assay를 통해 MMP를 측정하였으며 western blot으로 p-GSK3α, p-Tyr을 분석하였다. CASA 결과 DBP 1, 10, 100 μ g/ml 처리 후 progressive motility가 감소하였으며 DBP 100 μ g/ml 처리 후 total motility 또한 감소하였으며 정자의 꼬리 만곡이 증가하였다. 그러나 첨체 반응에는 차이가 없었다. ROS 측정 결과 DBP 농도 의존적으로 ROS가 증가하며 ROS는 주 로 정자 중편에서 확인되었다. MMP 측정 결과 DBP 100 μg/ml 처리군에서 MMP가 감소하 였다. Western blot 결과 DBP 농도 의존적으로 p-GSK3 α (Ser21), GSK3 α 가 감소하였으며 p-GSK 3α (Tyr279)와 p-Tyr은 증가하였다. 결론적으로 DBP는 과도한 ROS 생성을 통해 p-Tyr 을 증가시키지만 동시에 MMP를 감소시키며 $GSK3\alpha$ 분해를 촉진하고 $GSK3\alpha$ 의 억제성 인 산화를 감소시켜 운동성을 감소시키며 꼬리 만곡도 증가시켜 불임을 초래하는 것으로 사료 된다.

교신저자 E-mail: mcgye@hanyang.ac.kr

ST-12

Effects of the channelization of the benthic macroinvertebrate habitats in the Han River, Seoul, Korea

Sung Hwan Park^p, Kijong Cho, and Yeon Jae Bae^c

Department of Environmental Science and Ecological Engineering, Graduate School, Korea University

Long-term biomonitoring in the Han River was conducted from 1987 to 2017 (seven times in total) with 5-year intervals in order to understand the trend of ecosystem change and prepare future ecosystem conservation and improvement plans. Specifically, we studied the effect of the environmental conditions (e.g. water quality and types of riparian) of habits on the recovery process of communities after significant disturbance. Benthic macroinvertebrates were quantitatively sampled from 9-31 sites each sampling along the watercourse using a Surber sampler (50 x 50 cm; mesh 0.25 mm, two replications per site). The water quality of the Han River has been gradually improved since 1980s. Species richness of benthic macroinvertebrates from the upstream of the Han River, which has a relatively diverse riparian habitats without embankment, was increased since 1987. However, the species richness of the downstream, which has a uniform habitat with concrete or stone embankment, has not been increased, despite the continuous improvement in water quality. PERMANOVA (a nonparametric permutational multivariate analysis of variance) showed that benthic macroinvertebrate communities were differentiated by the condition of the riparian area (p-value<0.001). This study shows that the condition of riverine habitats might have a more significant impact on the benthic macroinvertebrate communities than water quality.

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

YS-01

섬진강 하구역에서 식물플랑크톤 군집의 계절특성; HPLC와 현미경 분석 비교

이민지^P, 백승호^C

한국해양과학기술원 위해성분석연구센터

본 연구는 해수와 담수가 혼합되어 염분구배가 명확한 섬진강 하구역에서 식물플랑크톤 시공간 분포와 식물플랑크톤 군집변화에 영향을 미치는 환경 특성을 파악하였다. 식물플랑 크톤 군집 분석은 전통적인 현미경 검경과 고성능 액체크로마토그래피 (High Performance Liquid Chromatography; HPLC)를 이용한 색소분석, 색소비를 이용하는 CHEMTAX program 을 활용하였다. 현미경 분석과 CHEMTAX 분석 모두 염분이 높은 섬진강 하류에서는 규조 류가 우점하는 것으로 나타났으며, 염분이 5 이하인 상류에서는 다양한 담수 식물플랑크톤 이 우점하였다. 규조류의 지시색소인 Fucoxanthin과 은편모조류의 지시색소로 알려진 alloxanthin은 춘계 상류에서 높게 측정되었다. 하계 하류에서는 특이적으로 와편모조류의 지시색소인 peridinin이 매우 높게 측정되었으며, 현미경 검경 결과 Cochlodinium polykrikoides가 다수 출현하였다. 추계 현미경하에는 은편모조류 Cryptomons spp.가 다수 출현 하였으나, CHEMTAX 분석에서는 alloxanthin에 기반한 은편모조류 뿐만 아니라 fucoxanthin 에 기반하여 규조류의 비율이 높게 나타났다. 수괴의 혼합이 강하게 일어난 동계에는 두 분 석 방법에서 규조류가 높게 나타났다. 환경 조건의 계절 및 수평 분포는 염분과 영양염의 영 향이 가장 컸으며, 특히 영양염 중에서도 질산염+아질산염과 규산염의 영향을 강하게 받았 다. Photoprotective carotenoid pigments (PPCs)와 photosynthetic carotenoid pigments (PSCs)의 비율은 사계절 내내 다른 해역과 비교하여 낮았으며, 이는 PSCs가 높은 규조류의 영향으로 판단된다. 섬진강 하구역은 조석의 변화로 난류가 심하며 규산염이 높은 지역으로 규조류 성장에 적합한 수역으로 사료된다. 하구역에서 생태계의 식물플랑크톤 조성의 시공간적 변 화를 파악하기 위해서는 현미경 검경을 통한 종 동정뿐만 아니라 색소 분석이 상호보완적으 로 이루어져야 보다 정확한 자료를 산출하는데 도움이 될 것이다.

교신저자 E-mail: baeksh@kiost.ac.kr

YS-02

Au@PtNP/GO 나노자임 기반의 수질 오염인자 검출용 센서 개발

고은아^P, 한도경, 최종순^C

한국기초과학지원연구원

WHO (World Health Organization)의 2019년 보고서에 따르면, 전 세계적으로 산업화와 농 축업의 발전으로 강물 및 지하수 등 상수원의 오염이 심화되고 있으며, 오염된 식수원으로 부터 물을 섭취하여 매년 1억 명 이상의 인구가 수인성 질병에 노출된다. 이에 세계 환경모 니터링 시장이 성장하고 있고, 수질오염인자를 실시간으로 모니터링 하는 센싱 플랫폼에 대한 요구가 증가하고 있다. 본 연구에서는 금속과 탄소 기반의 나노자임을 이용하여 경제 적이고 효율적이며 현장적용이 가능한 소형 수질 모니터링 센서를 개발하였다. 나노자임 (nanozyme)이란 생체촉매인 효소와 같은 활성을 보이는 나노 구조체를 일컬으며, 효소를 대 체할 물질로 활발하게 연구되고 있다. Gold, Fe₃O₄, Platinum과 같이 금속 기반의 나노자임과 Graphene, Carbon dot과 같이 탄소 기반의 나노자임이 대표적이다. 단백질로 이루어져 있는 효소와 비교하였을 때, 대량합성이 가능하며 pH와 온도 등 외부환경에 영향을 받지 않아 높 은 활성과 안정성을 보여 사용이 쉽다는 장점을 갖는다. 본 연구에서는 Gold (Au)와 Platinum (Pt), Graphene Oxide (GO) 기반의 Au@PtNP/GO 나노자임을 합성하여 enzyme-mimic activity 를 확인하였다. Au@PtNP/GO 나노자임은 HRP (Horseradish peroxidase) 기질인 TMB (3,3',5,5'-tetramethylbenzidine)을 산화시켜 파란색의 TMB_{ox}를 생성한다. 과산화수소의 농도 가 증가할수록 $(7 \, \mu \text{M} \sim 1 \, \text{mM})$ 발생하는 TMB_{ox} 의 농도도 증가하여 짙은 파란색을 관찰할 수 있다. 이러한 Au@PtNP/GO 나노자임의 peroxidase-like 활성을 소형 현장 진단 (Point-of-care, POC) 전기화학 센서에 적용하여 액체 시료에 존재하는 과산화수소의 농도를 측정하였다. 플라스틱 POC센서의 내부에 Au@PtNP/GO 나노자임을 채우고 TMB가 포함된 과산화수소 샘플을 주입하였다. 나노자임과 TMB의 반응에 의해 발생하는 TMB∞분자들은 특정 인가 전압에서 ITO (Indium Tin Oxide)전극표면에서 환원되고, 이때 관찰되는 환원전류의 변화와 과산화수소 농도간의 상관관계를 확인하였다. 과산화수소의 농도가 증가할수록 (1 μM~3 mM) TMB_{ox} 환원전류가 선형적으로 증가하였으며, 검출한계는 $1.62~\mu M$ 이다. 본 연구를 통해 개 발한 Au@PtNP/GO 나노자임 기반의 소형 POC 센서는 높은 민감도와 선택성을 가지며 신속 한 정량분석이 가능하고 휴대성이 좋아 사용하기 쉽다는 장점을 바탕으로 수질 오염인자 검 출용 실시간 모니터링 센서로 적용가능하고, 빠르게 성장하고 있는 환경 센서 시장에서 다 양하게 응용될 것으로 예상한다.

교신저자 E-mail: jschoi@kbsi.re.kr

YS-03

Prospect and insight of kelp bed ecosystem in Jeju Island, Korea under climate-driven disturbance

Sangil Kim^{p1} and Sang Rul Park^{c2}

¹National Institute of Fisheries Science ²Department of Marine Life Sciences, Jeju National University

Kelp *Ecklonia cava* is a fundamental seaweed on the eastern and southern coasts of Korea, providing ecosystem services to marine creatures and human. These communities have been regularly damaged by large-scale disturbance, typhoons. The typhoon has been tending to more intensifying and irregular in timing in the past decades, which are threatening *Ecklonia* beds. Here we demonstrate that the present and prospect of the kelp beds in Jeju Island under climate changes. First, population of *E. cava* was influenced not by seasonal effects but by physical factors such as canopy and space. Population recovery following the large-scale disturbance requires more than 32 months. Population projection model predicted that the present population is decreased by 2 % per every year and by 99 % in the worst-case after intense typhoon, respectively. Second, we hypothesized that disturbance timing affects post-disturbance recolonization, which is related with water depths and locations. In fall-removal, large numbers of *E. cava* were recruited in the next spring in both depths and locations. However, in spring-removal, recolonization of *E. cava* was suppressed by competitors, indicating alternative state by replacement of dominant species at different spatial scales. These results suggest that climate-driven typhoons could be a crucial local driver of *E. cava* loss and the community change.

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



2020 한국환경생물학회 춘계학술대회

포 스 터 발 표



포스터발표

1. 유해생물

- P1-01 유해 와편모조류 Cochlodinium polykrikoides 적조와 장강희석수의 남해안 확장과의 관계 임영균, 백승호, 박범수 (한국해양과학기술원)
- P1-02 Effects of different nutrient and trace metal concentrations on growth of the toxic dinoflagellate *Gymnodinium catenatum* isolated from Korean coastal waters

 Kyong Ha Han, Hyun Jung Kim, Zhun Li, Joo Yeon Youn, Kyeong Yoon Kwak, Min Ho Seo,
 Jinik Hwang, Seok Jin Oh, Jong Woo Park, Wol-Ae Lim, and Hyeon Ho Shin

 (Korea Institute of Ocean Science & Technology)
- P1-03 **국내 유입주의 생물의 현황** 조아람, 손승훈, 홍유인, 송해룡, 김동언 (국립생태원)
- P1-04 **국내에 유입된 외래거북의 교갑 형성 확인** 김아정, Siti Othman, 강하경, 권세라, 서재영, Ming-Feng Chuang, 구교성, 장이권 (이화여자대학교)
- P1-05 **외래 거북을 대상으로 세 종류의 포획장치 효율성 비교 연구** 강하경, Ming-Feng Chaung, 김아정, 권세라, 서재영, 구교성, 장이권 (이화여자대학교)
- P1-06 **인터넷 댓글 분석을 통한 외래생물 유입의 문제점 분석** 김현정, 구교성, 박승민, 장이권 (이화여자대학교)
- P1-07 Seasonal status in occurrence and abundance of green tide-forming *Ulva* species along the coast of Jeju Island, Korea
 Kyeonglim Moon, Yejin Heo, Yun Hee Kang, and Sang Rul Park (Jeju National University)
- P1-08 **해양생태계 유해해양 및 교란 저서동물 현황 및 환경인자와의 관계분석** 이택준, 이윤식, Mike Dadole Ubagan, Bal Dev Bhattrai, 박승빈, 신숙 (삼육대학교)
- P1-09 **환경DNA를 이용한 유해해양 및 교란 저서동물의 메타바코드 서열 분석 I** 황희승, 김한울, 이정희, 이택준, 신숙, 정종우 (이화여자대학교)
- P1-10 기후 변화에 의한 제주 연안의 녹조대발생(green tides)의 변동 양상 강윤희, 문경림, 김태현, 허예진, 박상률 (제주대학교)
- P1-11 **제2의 붉은귀거북? 외래거북 리버쿠터의 자연 번식 사례** 구교성, 권세라, 김아정, 강하경, 서재영, 김현정, Ming-Feng Chuang, 장이권 (이화여자대학교)
- P1-12 **외래종 붉은귀거북과 토착종 남생이의 미소서식지 선호도 분석** 구교성, 권세라, 김아정, 강하경, 서재영, 김현정, 장이권 (이화여자대학교)

2. 바이오에너지

P2-01 Over accumulation of neutral lipids in *Coelastrella* sp. after ammonia/acetate raw piggery wastewater treatment process

Sang-Ah Lee, So-Ra Ko, Ve Van Le, Hee-Mock Oh, and Chi-Yong Ahn (Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology)

P2-02 **커피박 부산물의 혐기소화 메탄 퍼텐셜 분석** 김태희, 이준형, 윤영만 (한경대학교)

3. 동물생태·분류·유전

- P3-01 인도양의 극한환경인 열수분출공 해역(심해)과 서해안 조간대(연안)에 서식하는 해양선형동물의 생활사 연구를 위한 배양 실험
 - 신아영, 김동성, 강태욱, 오제혁, 노현수 (한국해양과학기술원)
- P3-02 **도심하천 생태계에서 어류 시료의 미세플라스틱 분석 및 어류기반 생태건강도 분석** 김창해, 안광국 (충남대학교)
- P3-03 **Effect of starvation on morphometric traits in the cyprinid loach,** *Misgurnus anguillicaudatus* **In-Seok Park and Hyun Woo Gil (Korea Maritime & Ocean University)**
- P3-04 Effect of starvation on the weight and structure in some tissues of cyprinid loach, Misgurnus anguillicaudatus
 In-Seok Park (Korea Maritime & Ocean University)
- P3-05 **Morphometric characteristics of diploid and triploid Far Eastern catfish,** *Silurus asotus* In-Seok Park (Korea Maritime & Ocean University)
- P3-06 Redescription of two soil ciliates, *Anteholosticha bergeri* (Foissner, 1987) Berger, 2003 and *Bakuella granulifera* Foissner et al., 2002 from Korea
 Kyu-Seok Chae, Kang-San Kim, and Gi-Sik Min (Inha University)
- P3-07 Identifying overwintering aggregation pattern of *Halyomorpha halys* (Hemiptera: Pentatomidae) in laboratory conditions

 Hyunsung Song, Jung-Wook Kho, Joo-Young Kim, and Doo-Hyung Lee (Gachon University)
- P3-08 Enhancement of fitness in *Riptortus pedestris* (Hemiptera: Alydidae) by a gut symbiont reared on an unsuitable food resource

 Do-Hun Gook, Minhyung Jung, Joo-Young Kim, Soowan Kim, and Doo-Hyung Lee
 (Gachon University)
- P3-09 A new species of *Nipponbathynella* schminke, 1973 from South Korea Su-Jung Ji and Gi-Sik Min (Inha University)
- P3-10 **Taxonomic review of Korean** *Ephemera* **Linnaeus (Ephemeroptera: Ephemeridae)**Alfredo Mayorga Villalobos, Jeong Mi Hwang, and Yeon Jae Bae (Korea University)
- P3-11 First record of the genus *Krenosmittia* (Diptera: Chironomidae) from South Korea Hyo Jeong Kang, Hanil Ree, and Yeon Jae Bae (Korea University)

- P3-12 New *Dicranomyia* (*Idioglochina*) crane fly (Diptera: Limoniidae) from South Korea Jisoo Kim, Kijong Cho, and Yeon Jae Bae (Korea University)
- P3-13 First findings of the mycophagous gall midges genus *Neurolyga* (Diptera: Cecidomyiidae) in Korea Daseul Ham, Mathias Jaschhof, Sung Hwan Park, and Yeon Jae Bae (Korea University)

4. 식물생태·분류·유전

- P4-01 Reclassification of *Gyrodinium flavescens* Kofoid & Swezy as *Torquentidium flavescens* comb. nov. (Ceratoperidiniaceae, Dinophyceae), based on morphology and phylogeny

 Hyeon Ho Shin, Zhun Li, and Kazumi Matsuoka (Korea Institute of Ocean Science & Technology)
- P4-02 Classfication and evaluation of some endemic plant from S. Korea using CSR strategies Seok In Kang, Ji Young Shim, Yun Jun Choe, Tae Seon Eom, Seung Yeon Jang, and Tae Wan Kim (Hankyong National University)

5. 미생물생태·분류·유전

- P5-01 A novel bacteria, *Tabrizicola algicola*, isolated from *Ettlia* culture and its growth promoting and antibacterial effect on algal culture

 Chan-Yeong Park, Seong-Jun Chun, Jun-Woo Lee, Min-Woo Lee, Ve Van Le, Yingshun Cui,
 Chi-Yong Ahn, and Hee-Mock Oh (Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology)
- P5-02 *Novosphingobium aquimarina* sp. nov., isolated from seawater

 Ve Van Le, So-Ra Ko, Sang-Ah Lee, Long Jin, Chi-Yong Ahn, and Hee-Mock Oh
- P5-03 **Genome analysis and algicidal activity of** *Paucibacter* **sp. DH15 against** *Microcystis aeruginosa* Ve Van Le, So-Ra Ko, Sang-Ah Lee, Hee-Mock Oh, and Chi-Yong Ahn (Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology)
- P5-04 **New records of order gymnodiniales (Dinophyceae) in Korean waters** Su-Min Kang, Jae Young Park, and Joon-Baek Lee (Jeju National University)

(Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology)

- P5-05 **배화상병 VNTR 유전형 균주간 생리적 특성 비교** 김예은, 김성환 (단국대학교)
- P5-06 **Isolation and characterization of azoxystrobin-degrading bacteria isolated from agricultural soils** So-Yi Chea and Dong-Uk Kim (Sangji University)
- P5-07 Isolation and characterization of etofenprox-degrading bacteria isolated from soils Ji-Yeon Han and Dong-Uk Kim (Sangji University)
- P5-08 Ultrastructure of the flagellar apparatus in *Rhodomonas salina* (cryptophyceae, cryptophyta)
 Seung Won Nam, Bok Yeon Jo, and Woongghi Shin
 (Nakdonggang National Institute of Biological Resources)

6. 생물다양성 및 생물모니터링

- P6-01 전북, 전남, 경남 지역 LM 유채 환경영향 모니터링 및 효율적 안전관리 기술개발 이범규, 조사영, 김동우, 강종익, 나수미, 이훈복 (전주대학교)
- P6-02 **경기도, 충청도, 경상북도 지역 LM 유채 환경영향 모니터링 및 효율적 안전관리 기술개발** 나수미, 도지선, 이범규, 이훈복 (서울여자대학교)
- P6-03 **Guild structure of rice field spiders in Korea** Seung Tae Kim (Konkuk University)
- P6-04 **교란현상에 의한 제주 남부 해역의 우점종간 공간 경쟁 모니터링** 송병수, 문경림, 김태현, 허예진, 박상률 (제주대학교)
- P6-05 **제주 연안역의 오염원에 따른 중형저서동물 계절 변동** 신아영, 김동성, 강태욱, 오제혁 (한국해양과학기술원)
- P6-06 **현장 모니터링 결과를 통한 국내 최적 황소개구리 종분포모델 선정** 강희진, 박승민, 최재혁, 박혜린, 진홍성, 성하철 (전남대학교)
- P6-07 **수생태 최상위 포식자인 강준치(**Erythroculter erythropterus)의 생태 특성 및 위해성 평가 김동현, 안광국 (충남대학교)
- P6-08 **섭식특성이 유사한 가는돌고기와 감돌고기 개체군의 이화학적 내성도 및 생태지표 분석** 이호성, 안광국 (충남대학교)
- P6-09 Influences of lake altitude, surface area and trophic state on waterfowl diversity and abundance in Mongolia

 Namsrai Jargal, Zoljargal Purewdorj, Onolragchaa Ganbold, Woon Kee Paek, and Kwang Guk An (Chungnam National University)
- P6-10 Long-term ecological impacts of massive weir constructions in a Korean watershed on the nutrients and algal dynamics and the ecological health assessments, based on fish multi-metric model Usman Atique, Md. Mamun, Seokcheol Kwon, and Kwang-Guk An (Chungnam National University)
- P6-11 **북한산국립공원에서 산림경관 평가지표를 이용한 서식지연결성(Habitat Connectivity) 분석** 김정은, 안광국 (충남대학교)
- P6-12 **생태계 교란종인 배스와 블루길의 이화학적 수질에 따른 분포 양상 및 생태지표 특성 분석** 김지윤, 안광국 (충남대학교)
- P6-13 도심하천(갑천)에서 러버보(Rubber Weir)의 건설에 따른 수질 및 어류 생태특성 변화 이영환, 김창해, 안광국 (충남대학교)
- P6-14 **민물거북 행동권 연구를 위한 위성추적의 효용성** 최재혁, 김하승, 이세형, 구교성, 성하철 (전남대학교)
- P6-15 **제주도 토끼섬 해역 내 자생하는 보호대상해양생물인 거머리말(***Zostera marina***)의 생육지 변동과 현황** 김태현, 문경림, 박상율 (제주대학교)
- P6-16 **한국산 양서류 3종의 연도별 그리고 지역별 산란시기의 차이** 권세라, Amaël Borzée, 구교성, 장이권 (이화여자대학교)
- P6-17 **영산강 중류 인공보 건설에 따른 이화학적 수질 및 어류군집 변화** 이효준, 김정은, 안광국 (충남대학교)

- P6-18 Long-term effects of passive integrated transponder tags in Far Eastern catfish, *Silurus asotus* In-Seok Park (Korea Maritime & Ocean University)
- P6-19 Anaesthetic efficacy and physiological responses of clove oil on juvenile and adult red spotted grouper, *Epinephelus akarra*In-Seok Park (Korea Maritime & Ocean University)
- P6-20 **국내 과수화상병(fire blight) 분리주들의 유전적 다양성 분석 방법 구축** 유화연, 정은지, 송선경, 김성환, 남문(지노타입(주))
- P6-21 **사방댐이 연속적으로 설치된 산지계곡의 장마 전·후 저서성 대형무척추동물 군집 비교** 안채희, 한중수, 최준길, 이황구 (상지대학교)
- P6-22 **과거 문헌을 통한 동천 하구습지 일대에 대한 보전방안 연구** 한중수, 안채희, 이황구 (상지대학교)
- P6-23 **강우에 따른 사방댐 유형별 유속 및 저서성 대형무척추동물의 군집 변화** 현재빈, 한중수, 안채희, 최준길, 이황구 (상지대학교)
- P6-24 **문헌 비교를 통한 청계천 어류의 서식현황 분석** 왕주현, 고민섭, 최원섭, 안채희, 이완옥, 최준길, 이황구 (상지대학교)
- P6-25 Changes of co-cultured bacteria in the cryopreservation of *Trichormus variabilis* using alginate beads Mirye Park, Minseok Kim, Tansol Park, and Chang Soo Lee (Nakdonggang National Institute of Biological Resources)
- P6-26 Holocene paleoenvironmental changes and characteristic of diatom distribution in Upo Wetland of Korea

 Dae Ryul Kwon, Jin Young Lee, Ho II Lee, Jae Soo Lim, Mi Rye Park, Suk Min Yun, and Sang Deuk Lee (Nakdonggang National Institute of Biological Resources)
- P6-27 Microbial community structure of cyanobacterial bloom in the Yeongju Reservoir during winter season

 Mirye Park, Daeryul Kwon, Seungwon Nam, Sang Deuk Lee, Z-Hun Kim, and Chang Soo Lee
 (Nakdonggang National Institute of Biological Resources)
- P6-28 **민통선이북지역(DMZ) 백두대간보호지역의 저서성 대형무척추동물상 분석** 장명성, 권혁영, 박진영, 이종은 (안동대학교)
- P6-29 Late Holocene diatoms in sediment cores from the Gonggeomji Wetland in Korea
 Sang Deuk Lee, Hoil Lee, Jinsoon Park, Suk Min Yun, Jin-Young Lee, Jaesoo Lim, Mirye Park and
 Daeryul Kwon (Nakdonggang National Institute of Biological Resources)

7. 생태독성 및 환경호르몬

- P7-01 Chronic toxic effects of nano and microplastics in marine copepod *Tigriopus japonicus*Jin Soo Choi, Youn-Joo Jung, and June-Woo Park (Korea Institute of Toxicology)
- P7-02 **제브라피쉬 배아를 이용한 BPA 및 BPA 대체제의 급성독성평가** 정해송, 권슬기, 박준우 (안전성평가연구소)
- P7-03 **Zebrafish 모델을 이용한 생활환경 화학물질 노출 영향 스크리닝** 허윤위, 박준우 (안전성평가연구소)
- P7-04 **미세플라스틱 노출에 의한 기수산 물벼룩** *Diaphanosoma celebensis*의 **산화적 스트레스에 대한 연구** 유제원, 전민정, 조하영, 이영미 (상명대학교)

P7-05 Effects of heavy metals on the expression of digestive enzyme genes in the brackish water flea Diaphanosoma celebensis

Jiyoon Lee and Young-Mi Lee (Sangmyung University)

- P7-06 기수산 물벼룩 *Diaphanosoma celebensis*를 이용한 미세플라스틱의 생식독성 영향 연구 조하영, 전민정, 이영미 (상명대학교)
- P7-07 **어류지표를 이용한 수처리장 배출수의 생물영향 평가** 김혜진, 안광국 (충남대학교)
- P7-08 **Gel-free proteomic analysis on roots of** *Sorghum bicolor* **under lead stress**Swapan Kumar Roy, Soo Jeong Kwon, Ju-Young Choi, Yong-Hwan Ju, Jong-Soon Choi,
 Cho Kun, and Sun-Hee Woo (Chungbuk National University)
- P7-09 **미세플라스틱의 형상에 따른 물벼룩 만성 영향 차이** 안다희, 나주림, 정진호 (고려대학교)
- P7-10 **Zebrafish 이용 생활환경 유래 화학물질의 유해영향 평가** 김고은, 박창범, 염동혁 (안전성평가연구소/경상대학교)
- P7-11 생활화학제품 함유 phthalate ester가 zebrafish 생식 내분비계에 미치는 영향 지성근, 박창범, 김고은, 조성희, 염동혁 (안전성평가연구소/부경대학교)
- P7-12 **생활용 살균제 트리클로산이 해양 미세조류** *Prorocentrum minimum*의 광합성 및 생리 작용에 미치는 영향 박현준, 김한솔, 소피아아바시, 김태희, 기장서 (상명대학교)
- P7-13 **제품함유 유해물질이 수생태 환경에 노출될 때 대표 지점 선정 및 Target 어종선정법에 대한 예비연구** 김혜진, 김지윤, 김정은, 이호성, Usman Atique, MD Mamun, Jargal Namsrai, 김동현, 김창해, 이영환, 안광국 (충남대학교)
- P7-14 Proteome dynamics of the lead stress induced changes in the leaf of *Sorghum bicolor* Swapan Kumar Roy, Yong-Hwan Ju, Ju Young Choi, Soo Jeong Kwon, Jong-Soon Choi, Cho Kun, and Sun-Hee Woo (Chungbuk National University)

8. 재난분석과학

- P8-01 **Evaluation of harmful algal bloom in the Daechung Reservoir by metaproteomic analysis**Soo Hyeon Kim, Subin Nam, Yoon-E Choi, and Jong-Soon Choi (Korea Basic Science Institute)
- P8-02 Simple and sensitive sensor based on Pt nanoparticle-hydrogel
 Ju-Seong Park, Do-Kyoung Han, and Jong-Soon Choi (Korea Basic Science Institute)

9. 감염병

10. 기타

P10-01 First report of the dinoflagellate genus *Effrenium* in the East Sea of Korea: morphological, genetic, and fatty acid characteristics

Nam Seon Kang, Eun Song Kim, Jung A Lee, Kyeong Mi Kim, Min Seok Kwak, Moongeun Yoon, and Ji Won Hong (National Marine Biodiversity Institute of Korea)

- P10-02 **국립해양생물자원관 해양미세조류 바이오뱅크** 강남선, 김은송, 이정아, 김경미, 곽민석, 윤문근 (국립해양생물자원관)
- P10-03 **해양식물플랑크톤자원 기탁등록보존기관** 윤주연, 곽경윤, 한경하, 김현정, 신현호 (한국해양과학기술원)
- P10-04 Trophic state evaluation and empirical modeling of nutrients and chlorophyll-a in 60 Korean reservoirs along with the TN:TP ratios and other factors

 Md. Mamun, Seokcheol Kwon, Jeong-Eun Kim, Usman Atique, and Kwang-Guk An (Chungnam National University)
- P10-05 Links between land use patterns, chlorophyll-nutrients regime, organic matter, water clarity and trophic state dynamics along with empirical models development in agricultural reservoirs

 Usman Atique, Md. Mamun, and Kwang-Guk An (Chungnam National University)
- P10-06 복분자 씨앗 추출물을 이용한 화장품 개발 박희전, 변보영, 정소희, 송지영 ((재)베리&바이오식품연구소)
- P10-07 Nectandrin B derived from tropical nutmeg restores the cellular senescence in human dermal firboblasts by activating AMPK pathway

 Hyun-Jin Jang, Kyeong Eun Yang, Eunbi Jo, Jong-Soon Choi, and Ik-Soon Jang

 (Korea Basic Science Institute)
- P10-08 **멸종위기 고산 침엽수 분비나무(***Abies nephrolepis* **Maxim.) 종자의 저장특성 판별** 이다현, 박초희, 임진현, 변준기, 나채선 (국립백두대간수목원)
- P10-09 *Cordyceps militaris* exerts antitumor effects on carboplatin-resistant ovarian cancer via activation of ATF3/TP53 signaling *in vitro* and *in vivo*Eunbi Jo, Hyun-Jin Jang, Kyeong Eun Yang, Soon Lee, Jong-Soon Choi, and Ik-Soon Jang (Korea Basic Science Institute)
- P10-10 Ginsenoside 20(S)-Rg3 of natural ginseng reverses replicative senescence of human skin cells via
 Akt-mTOR-Sirtuin signaling
 Kyeong Eun Yang, Hyun-Jin Jang, Ik-Soon Jang, and Jong-Soon Choi (Korea Basic Science Institute)
- P10-11 **Growth effect of L-thyroxine on grass puffer**, *Takifugu niphobles* yolk-sac larvae In-Seok Park (Korea Maritime & Ocean University)
- P10-12 Cordyceps militaris induces apoptosis in ovarian cancer cells through TNF-α/TNFR1-mediated inhibition of NF-κB phosphorylation
 Soon Lee, Eunbi Jo, Hyun-Jin Jang, Kyeong Eun Yang, Jong-Soon Choi, and Ik-Soon Jang (Korea Basic Science Institute)
- P10-13 Gypenosides from *Gynostemma pentaphyllum* restores the senescence of human skin cells by activated autophagy

 Kyeong Eun Yang, Kyung-A Kim, Ik-Soon Jang, and Jong-Soon Choi (Korea Basic Science Institute)
- P10-14 **토양수지와 토지수지에 의한 양분수지 산출 방법론 비교** 이준형, 윤영만 (한경대학교)

유해 와편모조류 *Cochlodinium polykrikoides* 적조와 장강희석수의 남해안 확장과의 관계

임영균^{p1,2}, 백승호^{c1,2}, 박범수³

¹한국해양과학기술원 위해성분석연구센터 ²과학기술연합대학원대학교 한국해양과학기술원 스쿨 ³한국해양과학기술원 해양생태연구센터

유해미세조류 대발생으로 한국 양식산업에 심각한 피해를 미치는 와편모조류 Cochlodinium polykrikoides은 여름철에 주로 적조를 일으킨다. 또한, 여름철 중국 장강의 증가한 방류 수는 장강희석수로써 해류를 따라 확장되어 남해안까지 영향을 미친다. 하지만 여름철 관 찰되는 장강희석수의 영향과 C. polykrikoides 적조의 관계를 연구한 사례는 전무하다. 본 연 구에서는 1994년부터 2016년까지 동중국해와 남해의 수문학적 특성으로 장강희석수의 확 장세기를 평가하고, 이에 따른 C. polykrikoides 적조의 연간 변동을 통해 두 요인 간의 관계를 파악하고자 하였다. 8월 표층 수온과 염분을 기준으로 수괴특성을 분석결과, 5개 연도가 (1996, 1998, 2006, 2010, 2016년) 장강희석수의 영향이 강한 것으로 나타났다. 장강희석수의 영향이 강한 5개 연도는 확장세기가 약했던 연도와 비교하여 용존산소는 낮고 영양염 비율 (N/P ratio)는 유의하게 높은 경향을 보였다(p<0.05). 또한, 2000년 이후의 남해안의 표층 염 분과 C. polykrikoides 적조면적(R²=0.26, p=0.06) 및 적조 유지기간(R²=0.29, p<0.05)은 유의한 양의 상관관계를 보여, 많은 양의 장강희석수의 유입은 C. polykrikoides 적조에 부정적인 영 향을 미칠 수 있음을 시사하였다. 장강희석수가 C. polykrikoides 적조에 미치는 부정적 영향 으로는 C. polykrikoides 가 성장하기에 적합하지 않은 고수온, 저염분의 물리적 특성뿐만 아 니라, 장강희석수에 포함된 유기물, 타감물질, 미생물 군집 등의 생화학적 요인이 중요한 역 할을 미칠 것으로 생각되며, 이에 대한 추가적인 연구는 C. polykrikoides 적조 소멸 기작을 이 해하는 데 중요할 것으로 판단된다.

교신저자 E-mail: baeksh@kiost.ac.kr

Effects of different nutrient and trace metal concentrations on growth of the toxic dinoflagellate *Gymnodinium catenatum* isolated from Korean coastal waters

Kyong Ha Han^{p1}, Hyun Jung Kim¹, Zhun Li², Joo Yeon Youn¹, Kyeong Yoon Kwak¹, Min Ho Seo³, Jinik Hwang⁴, Seok Jin Oh⁵, Jong Woo Park⁶, Wol-Ae Lim⁶, and Hyeon Ho Shin^{c1}

¹Library of Marine Samples, Korea Institute of Ocean Science & Technology

²Biological Resource Center/Korean Collection for Type Cultures (KCTC),

Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology

³Marine Ecology Research Center

⁴Environment and Resource Convergence Center, Advanced Institute of Convergence

Technology

⁵Pukyung National University

⁶National Institute of Fisheries Science

The effects of nutrient (nitrate: N, phosphate: P and vitamin B₁) and trace metal (iron: Fe, Copper: Cu, and selenium: Se) additions on the growth of *Gymnodinium catenatum*, which was isolated from Korean coastal waters, were investigated. The Korean isolate of *G. catenatum* could grow in a wide range of N and P. The high concentrations of N (> N:P ratio of 23.5) did not stimulate the growth rate however the enhancements in the growth rate and cell density were observed with P additions. Vitamin B₁ addition experiments revealed that *G. catenatum* does not require the vitamin B₁ for the growth. In Fe and Cu addition experiments, no significant differences were observed in the growth patterns and rates of *G. catenatum* between controls and all treatments. It is possible that the growth of Korean isolate of *G. catenatum* is not dependent on high concentration of Fe and Cu. However, the cell densities were increased in the stationary phases of treatments with additions of Se, and the maximum cell densities were higher than those in culture experiments with additions of other nutrient and trace metal sources. Our findings indicate that *G. catenatum* prefers high concentrations of P and Se for the proliferation, rather than other nutritional sources.

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

국내 유입주의 생물의 현황

조아람^P, 손승훈, 홍유인, 송해룡, 김동언^C

국립생태원 생태안전연구실 외래생물연구팀

전 세계적으로 외래생물은 인간의 활동에 의해 의도적이거나 비의도적으로 유입된다. 유 입된 외래생물 중 일부는 정착하고 확산되어 생물다양성을 감소시키는 침입 외래생물이 된 다. 이를 방지하기 위하여 각 나라들은 위해성이 내포된 생물들을 법적으로 지정하여 관리 하고 있다. 국내에 유입된 외래생물은 2167종이며 그 중 동물이 1833종이고 식물은 334종으 로 구성되어 있다. 유입된 외래생물은 생태계 교란과 서식지 파괴, 경제적 손해, 인간 보건 피해 등을 일으킨다. 유입주의 생물은 외래생물에 의한 피해를 사전에 방지하기 위하여 국 내 도입될 경우 위해를 미칠 가능성이 있는 생물종을 대상으로 지정하였다. 지정 기준은 '생 물다양성 보전 및 이용에 관한 법률'과 국립생태원 '유입주의 생물 및 외래생물 등의 생태계 위해성평가에 관한 규정'을 따랐다. 지정된 유입주의 생물은 포유류 25종, 조류 7종, 어류 84 종, 양서류 28종, 파충류 22종, 곤충 1종, 거미 32종, 연체동물 1종, 절지동물 1종, 식물 99종으 로 총 300종이다. 유입주의 생물의 위해성과 피해사례를 분석한 결과 포유류는 포식, 경쟁 및 인간의 경제활동과 바이러스와 기생충에 의한 감염에 영향을 미치는 것으로 분석되었 다. 조류는 포식과 경쟁 및 인간의 경제활동과 보건에 영향을 주는 것으로 나타났다. 식물은 자생종과의 경쟁 및 높은 군집밀도와 확산력에 의한 생태계 내 침입, 알레르기 유발에 영향 을 미치는 것으로 분석되었다. 유입주의 생물 지정은 침입외래종에 대한 국내 생물다양성 감소를 방지하고 자생종을 보호하고 보전하는 역할을 한다. 또한 생태학적인 피해뿐만 아 니라 사회-경제학적인 손실을 방지함으로써 얻을 수 있는 경제적인 이익이 클 것으로 판단 된다. 앞으로 지정되는 유입주의 생물 목록은 국가기관과 민간단체에 제공함으로써 유입주 의 생물 업무에 대한 가이드라인과 홍보에 크게 기여할 것으로 생각된다.

교신저자 E-mail: eco0106@nie.re.kr

국내에 유입된 외래거북의 교잡 형성 확인

김아정^{p1}, Siti Othman², 강하경², 권세라¹, 서재영², Ming-Feng Chuang², 구교성², 장이권^{c1,2}

¹이화여자대학교 에코크리에이티브 협동과정 ²이화여자대학교 에코과학부 생명과학과

최근 외래거북의 유입이 점차 증가함에 따라, 국내 생태계에 다양한 문제가 발생하고 있다. 그 중 외래거북이 국내 토착종과 교잡을 형성하여 생태계에 교란을 일으키는 것이 큰 문제 가 되고 있다. 이러한 문제는 멸종위기종이자 천연기념물로 지정되어 있는 남생이(Mauremys reevesii)와 같은 토착종의 멸종위기를 가속화하는 요인이 될 수 있다. 본 연구에서는 외래거 북과 국내 토착종의 교잡종 발생 사례를 통해 외래거북의 서식현황을 보고하고자 하였다. 연구를 위해 2019년 6월부터 9월까지 서울, 경기 지역 내 저수지 4곳에서 외래거북 35개체를 포획하였고 종 동정을 위해 외래거북의 형태학적 분석 및 유전자 분석(mtDNA 12S rRNA)을 실시하였다. 거북류의 형태학적 특징(크기, 머리무늬 패턴, 등껍질 형태)에 따라 종 동정을 실시한 결과, 총 5종의 외래거북이 확인되었다; 붉은귀거북(Trachemys scripta elegans), 노란 배거북(T. s. scripta), 리버쿠터(Pseudemys concinna), 중국자라(Pelodiscus sinensis), 중국줄무 늬목거북(Mauremys sinensis). 그러나 유전자 분석을 통해 계통학적 유연관계를 확인한 결과 외래거북 4종; 붉은귀거북, 노란배거북, 리버쿠터, 중국자라와 교잡종 2종; 붉은귀거북x노 란배거북, 남생이x중국줄무늬목거북으로 확인되었다. 잡종형의 경우 종 분류체계가 명확 하지 않아 형태학적 분석 결과가 유전자 분석 결과와 일치하지 않는 것으로 나타났다. 남생 이가 일본돌거북(M. japonica) 및 중국줄무늬목거북과 잡종을 형성한다는 사례들이 보고되 고 있는 가운데 교잡종의 확인은 국내 토착종이 유전자 교란이라는 위험에 놓여있다는 것을 보여준다.

사사: 본 연구는 한국환경산업기술원(RE201709001)의 지원을 받아 수행되었습니다.

외래 거북을 대상으로 세 종류의 포획장치 효율성 비교 연구

강하경^{p1}, Ming-Feng Chaung¹, 김아정², 권세라², 서재영¹, 구교성¹, 장이권^{c1,2}

¹이화여자대학교 에코과학부 ²이화여자대학교 에코크리에이티브 협동과정

외래침입종은 전 세계 생물 다양성을 위협하는 주요 요인 중 하나이다. 야생으로 유입된 외래생물은 고유종과의 경쟁, 포식, 잡종 형성, 질병 전파 등의 방식으로 생태계를 교란시킨다. 따라서 생태계 차원의 피해를 줄이기 위해서는 자연 혹은 인위적인 방법을 통한 개체수조절이 필요하다. 본 연구에서는 국내로 유입되어 전국적으로 분포하게 된 외래거북의 행동 생태적 특성을 바탕으로 개발 및 개선하여 제작한 3 종류의 포획장치의 효율성을 검증하였다. 낙하식 포획장치는 일광욕, 폴대형 포획장치는 수생생활, 밀기식 포획장치는 번식을 위해 육상으로 이동하는 외래거북의 특성을 반영하였다. 효율성 검증을 위해 2019년 6월부터 9월까지 서울 인근의 저수지 4 지역에 3 종류의 포획장치를 도합 10세트 설치하였다. 포획된 개체의 확인은 주 2회 각 조사지를 방문하여 확인하였다. 낙하식 포획장치에는 붉은귀거북을 포함한 외래거북 20개체(4종), 폴대형 포획장치에는 외래거북 17개체(4종) 및 그 외생물 12개체(어류 2종)가 포획되었다. 반면, 밀기식 포획장치는 외래거북이 포획되지 않았다. 연구 결과를 통해 낙하식 포획장치와 폴대형 포획장치가 외래거북의 포획으로 적합하다는 것을 확인하였다. 특히, 낙하식 포획장치의 경우, 외래거북만을 선택적으로 포획하는데 매우 효과적인 것으로 나타났다. 포획 대상 생물의 생태적 특성을 활용하는 기술을 통해효과적인 생태계교란 생물 제거 및 관리방안 연구가 이루어질 수 있을 것이라 생각된다.

사사: 이 연구는 한국환경산업기술원(KEITI RE201709001)의 지원을 받아 수행되었다.

인터넷 댓글 분석을 통한 외래생물 유입의 문제점 분석

김현정¹, 구교성^{p2}, 박승민³, 장이권^{c1,2}

¹이화여자대학교 에코크리에이티브 협동과정 ²이화여자대학교 ³전남대학교 생명과학과

본 연구에서는 외래생물에 대한 일반 시민들의 문제의식과 관리방안에 대한 이해를 위해 2019년 10월 15일, 야생에서 발견된 악어거북(Macrochelvs temminckii) 관련 기사(한겨레; SBS; MBC)에 포함된 댓글들을 분석하였다. 인터넷 댓글들은 1)악어거북 기사와의 연관성, 2)악어거북 유입의 문제 여부와 문제 이유, 3)이러한 문제가 발생하는 원인, 4)적절한 관리방 안, 5)처리방법으로 구분하였다. 연구를 위해 수집된 댓글의 수는 총 1,100개로 10월 24일부 터 25일까지 작성된 댓글을 대상으로 하였다. 그중 342개(31.1%)의 댓글이 기사와의 연관성 을 보였다. 악어거북의 출현이 문제라고 인식하는 경우 342개 중 97.7%(n=334)였으며, 문제 가 없다고 인식하는 경우는 2.3%(n=8)였다. 문제가 될 것으로 생각하는 구체적인 이유 42개 가 있었으며, 생태계 교란이 73.8%(n=31)로 가장 많았다. 반면, 문제가 되지 않을 것으로 생 각하는 이유는 총 8개로 겨울철 낮은 생존 가능성 87.5%(n=7)와 생물 다양성 증가 12.5% (n=1)가 있었다. 이러한 문제가 발생하는 원인에 대한 의견은 총 236개가 있었으며, 책임감 부재 122개(51.7%) 그리고 수입 및 거래 99개(41.9%) 순이었다. 문제를 관리하는 방안에 대 한 의견은 총 129개였으며, 등록제가 59개(45.7%)로 가장 많았고, 그 뒤로 수입규제 50개 (38.8%)가 있었다. 적절한 처리 방법에 대한 의견은 30개가 있었으며, 안락사가 17개(56.7%) 로 가장 많이 나타났다. 본 연구에서 제시된 다양한 의견들은 단순히 악어거북에 대한 문제 라기보다는 외래생물 전반에 대한 문제 인식 및 의견으로 볼 필요가 있다. 물론 연구의 결과 가 인터넷 댓글이라는 비정형 데이터를 이용했다는 한계점을 가지긴 하지만, 그간 고려되 지 않았던 외래생물에 대한 대중들이 가지고 있는 인식과 해결방안들을 파악할 수 있었다. 추후 연구에서는 시민들의 의견과 전문가들의 의견을 종합하여 외래생물의 관리와 제어를 위한 다양한 방안들을 제안할 필요가 있다.

사사: 이 연구는 한국환경산업기술원(RE201709001)의 지원을 받아 수행되었습니다.

Seasonal status in occurrence and abundance of green tide-forming *Ulva* species along the coast of Jeju Island, Korea

Kyeonglim Moon^{p1}, Yejin Heo¹, Yun Hee Kang², and Sang Rul Park^{c1}

¹Estuarine & Coastal Ecology Laboratory, Department of Marine Life Sciences,

Jeju National University

²Department of Earth and Marine Sciences, Jeju National University

Worldwide, green algal blooms (so-called green tides) have been reported consistently in eutrophic coastal ecosystems. Green tides have become weighty issue in estuaries and coastal ecosystems since the early 2000s. Moreover, occurrence and strength of green tides by *Ulva* species are increasing in Jeju Island. We investigated distribution and abundance of *Ulva* species blooms in fifteen study sites along the coast of Jeju Island seasonally from November 2019 to May 2020. The concentrations of water column NH₄⁺, NO₃⁻+NO₂⁻, and PO₄³⁻ in each study sites were also investigated every sampling occasion. The concentrations of water column NH₄⁺ and PO₄³⁻ were less than 2 μ M, respectively. In contrast, concentration of NO₃⁻+NO₂⁻ in the water column ranged from 50 to 100 μ M, suggesting that massive *Ulva* species blooms in Jeju Island may occurrence by excessive NO₃⁻+NO₂⁻ concentrations. Biomass of *Ulva* mats were highest at Shinyang during experimental period. Total area of covered by *Ulva* mats at Shinyang was approximately 161,000 m², and total biomass was estimated 2,590 tones (wet weight) in February 2020. Total biomass of *Ulva* mats at seven study sites was estimated 6,450 tones (wet weight) from January 2020 to February 2020. Our study will provide appropriate data for management strategies of green tides in Jeju Island.

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

해양생태계 유해해양 및 교란 저서동물 현황 및 환경인자와의 관계분석

이택준^{p1}, 이윤식^{1,2}, Mike Dadole Ubagan^{1,3}, Bal Dev Bhattrai¹, 박승빈⁴, 신숙^{c1,4}

¹삼육대학교 해양생명자원연구소 ²고려대학교 에코리질리언스연구원 ³삼육대학교 대학원 환경원예학과 ⁴삼육대학교 동물생명자원학과

다양한 경로로 유입되어 국내의 토착생물군집과 경제 산업 등에 대한 다양한 피해를 주는 것으로 보고되어 있는 해양저서동물 중 법정 유해해양생물로 지정된 5종(관막이끼벌레, 세 방가시이끼벌레, 자주빛이끼벌레, 별불가사리, 아무르불가사리)와 해양생태계교란생물로 지정된 유령멍게를 포함하여 전국 18개 대표 항구에 항만 거치식 부착판을 설치하여 각 해 역별 자주 출몰하는 종들과 환경인자와의 관계를 파악하고자 NMDS 다변량 분석을 수행하 였다. 2018년 2월부터 2020년 2월까지 장기 노출 결과, 관막이끼벌레, 세방가시이끼벌레, 자 주빛이끼벌레, 유령멍게의 4종만 발견되었으며, 동해에서는 주로 유령멍게와 세방가시이 끼벌레가 나타났다. 관막이끼벌레의 경우, 서해에서 주로 점유하는 것으로 나타났으며, 관 리종 4종 중 남해를 주요한 점유지로 하는 생물 종은 없었다. 자주빛이끼벌레의 경우 주로 남해와 서해에서 더욱 높은 점유율을 보였으며, 이들 해역의 구분은 주로 서남해와 동해로 구분되는 것으로 나타났는데, 이는 동해의 염분이 유독 더 높은 것으로 나타났다. 유령멍게 의 경우 높은 수온에서 주로 더 나타나는 경향을 보이며 상대적으로 높은 수온과 높은 염분 이 유령멍게의 점유율을 높이는 인자로 생각할 수 있을 것으로 보인다. 주걱따개비의 경우. 인천과 광양지역에 주로 나타났으며 이는 서해와 남해 일부에서 출현하는 것으로 보인다. 거친대추멍게의 경우 남해의 여수와 통영에서 점유율을 보이며, 큰다발이끼벌레의 경우, 남해에 주로 분포하며 광양과 통영에서 주로 분포하였다. 이들 해역의 구분은 주로 서남해 와 동해로 구분되는 것으로 나타났는데, 이는 동해의 염분이 유독 더 높은 것으로 나타났다. 서해를 제외한 남해와 동해의 경우 남쪽에 위치한 항구의 수온이 더 높은 경향이 있으며 관 히드라, 화산따개비, 분홍멍게의 경우 상대적으로 염분이 높은 곳에 점유율이 나타난 것으 로 보인다.

교신저자 E-mail: shins@syu.ac.kr

환경DNA를 이용한 유해해양 및 교란 저서동물의 메타바코드 서열 분석 I

황희승^{p1}, 김한울¹, 이정희¹, 이택준², 신숙^{2,3}, 정종우^{c1}

¹이화여자대학교 에코과학부 ²삼육대학교 해양생명자원연구소 ³삼육대학교 동물생명자원학과

국내 주요 18개 항구에서 얻은 eDNA를 사용한 메타바코드 서열을 분석하여 부착판 조사 를 통해 파악할 수 없는 종이나 유생을 분석하고, 부착판을 통해 수집된 성체 종 정보와 더불 어 메타바코딩을 통해 확인된 유생 수준의 개체로부터 얻은 염기서열 정보를 통합하여, 시 기에 따른 지역별 종의 출현 목록을 작성하고 DB화 하고자 하였다. 이 목록에 포함된 종들 을 해양수산부와 환경부에서 관리하는 종 목록과 비교하여 새롭게 출현한 종이 있는지 파악 하였다. 해수 시료는 현장조사가 진행되는 17개 항구의 해수면으로부터 0.5~1.0m 깊이에서 총 8L를 채집하여 상층액을 제거하고 확보하여 eDNA 추출하였고, 환경 시료로부터 COI과 18S 유전자를 증폭할 수 있는 특이 프라이머를 디자인하여 사용하였다. NEBNext Ultra II DNA Library Prep Kit for Illumina을 이용하여 각 시료별로 제작된 NGS 분석 라이브러리는 TapeStation HSD5000(Agilent)을 이용하여 상태를 분석하고 NGS 분석 적합성을 판정하였 다. 물리적 환경요인에 의한 군집의 변화를 파악하기 위해 다항목수질측정기, 수심측정기 를 이용하여 현장의 환경요인(기온, 수온, 염도)을 기록하였다. 지역 사이 종 조성의 유사도 를 비교한 UPGMA 계통수를 계산한 결과, 2개의 계통군(clade)을 확인할 수 있었는데 각 계 통군은 제주 해역, 동해, 남해, 서해의 시료확보 지역이 뒤섞여 있으므로 DNA 바코드로 확 인한 종의 조성이 각 해역별로 구분되지 않음을 확인할 수 있었다. 결정된 염기서열을 GenBank, BoLD의 데이터베이스에 있는 서열들과 비교 분석한 결과, COI과 18S rDNA 유전 자 시퀀스를 바탕으로 작성된 시료확보 지역에 대한 2차원 non-metirc MDS plot은 종 조성면 에서 해역이 구분되지 않음을 보여주었다. COI 메타바코딩 분석 결과, 저서성 유해해양·교 란생물 관리종 중에서 아무르불가사리는 광양, 여수, 부산에서 확인되었으며, 자주빛이끼 벌레는 당진, 군산, 목포, 광양에서 확인되었다. 따라서 저서성 관리종을 모니터링하는 데 COI 유전자 메타바코딩이 적절하다고 판단된다. 또한 I8S rDNA 유전자 메타바코딩을 통해 저서성 유해해양·교란생물 관리종인 관막이끼벌레(Jellvella tuberculata)가 관찰되었으며, 종 풍부도 비율을 비교하였을 때, 18S rDNA 유전자는 COI보다 더욱 정교하며 더욱 많은 종 에 대한 분석을 수행할 수 있는 것으로 판단된다.

교신저자 E-mail: jongwoo@ewha.ac.kr

기후 변화에 의한 제주 연안의 녹조대발생(green tides)의 변동 양상

강윤희^{p,1}, 문경림², 김태현², 허예진², 박상률^{c,2}

¹제주대학교 지구해양과학과 ²제주대학교 해양생명과학과

연안의 부영양화 현상에 의해 발생하는 갈파래(Ulva)의 대발생은 생물다양성감소, 천이 억제, 무산소 환경 생성, 용존유기물 증가, 경관 훼손과 같은 사회·경제·환경적인 문제를 일 으키고 있다. 특히, 제주 연안에서 관찰되는 녹조대발생(green tides)의 주요 종인 큰갈파래 (Ulva ohnoi)는 아열대 종으로 여름철 고수온에도 높은 영양염 흡수율과 성장률을 유지하며, 이로 인해 제주 연안의 녹조대발생은 여름철에도 지속되고 있다. 이번 연구는 제주 연안에 서 녹조대발생 분포도, 면적 및 발생량을 측정하고 기후변화에 따른 녹조대발생의 변동 양 상을 파악하고자 하였다. 예비 조사를 통해 제주 연안 해역 4곳(신창, 종달, 신양과 위미)을 선정하여, 계절별 환경요인(수온, 염도 및 영양염 농도)을 측정하였고 녹조대발생 발생 면적 은 GPS(OziExplorer program)를 이용해 측정하였으며 발생량은 각 장소에서 방형구 내 녹조 류를 채집하여 습중량과 발생 면적을 이용해 추정하였다. 제주도 동부와 서부 연안의 표층 수온은 뚜렷한 계절적인 경향을 보였으며, 겨울에 서부가 여름에 동부가 더 높게 관찰되었 다. 해수 내 영양염 농도는 연구 장소에 따라 변동이 크게 나타났다. 질산염과 아질산염(NO; + NO₂·)과 인산염(PO₄³·)은 2014년보다 2019년이 높게 관찰되었으나, 암모니움(NH₄⁺)은 반 대의 경향을 보였다. 제주 연안에서 관찰된 녹조대발생 면적은 신양 해역에서 가장 넓게 관 찰되었으며 종달, 신창과 위미 해역순으로 관찰되었다. 단위면적당 갈파래의 생체량은 위 미에서 90 g fresh weight로 가장 낮았으며, 신양에서 가장 높은 14 kg fresh weight로 측정되었 다. 녹조대발생 총 발생량은 신양에서 약 9,200톤, 종달에서 약 152톤, 신창에서 약 89톤, 위 미에서 약 3톤으로 나타났다. 이러한 결과는 제주 연안 내 녹조대발생 현황파악을 위한 기본 자료로 이용될 것이며, 연안의 환경요인과의 상관 분석을 통해 제주 연안의 생태계 등급 지 수를 작성하는데 중요한 자료로 이용될 것이다.

교신저자 E-mail: srpark@jejunu.ac.kr

제2의 붉은귀거북? 외래거북 리버쿠터의 자연 번식 사례

구교성^{p1}, 권세라², 김아정², 강하경¹, 서재영¹, 김현정², Ming-Feng Chuang¹, 장이권^{c1,2}

¹이화여자대학교 에코과학부 생명과학과 ²이화여자대학교 에코크리에이티브 협동과정

외래생물의 유입 그리고 그에 따른 부작용들이 세계적인 문제로 이어지고 있다. 국내에서 도 외래생물의 수입이 점차 늘고 있으며, 야생으로 유입되어 발견되는 사례가 빠르게 증가 하고 있다. 대표적인 외래생물이자 국내에서 자연 번식에 성공한 붉은귀거북(Trachemvs scripta elegans)을 포함하여, 13 여 종의 거북류가 야생에서 발견되고 있다. 본 연구에서는 붉 은귀거북에 이어 자연에서 확인된 외래거북의 번식 사례를 보고하고자 한다. 2019년 6월 27 일 서울시 양천구에 위치한 시민공원에서 리버쿠터(Pseudemvs concinna) 암컷과 알 둥지가 발견되었다. 리버쿠터의 번식이 성공적으로 이루어졌는지를 파악하기 위해 주기적으로 방 문하여, 둥지의 상태를 확인하였다. 산란이 확인된 후 91일 지난 9월 25일 둥지 안을 확인하 였으며, 발달 과정에서 폐사된 알 3개를 발견하였다. 발견된 알의 껍데기는 훼손되어 있었으 며, 외부에는 피가 묻어 있었다. 알 주변에는 많은 개미들이 확인되었다. 알 안쪽으로는 리버 쿠터의 형태가 완전하게 확인되는 개체들이 있었고, 난황은 완전히 흡수되어 있지 않았다. 발달 중 폐사한 알들 외에 추가로 발견된 알 10개 모두 폐사되었다. 개체들의 폐사는 환경 적 응 실패, 둥지 근처에 있던 개미의 영향, 연구자에 의한 훼손 등이 예상되었지만 명확한 원인 은 알 수 없었다. 이번에 발견된 외래거북의 산란과 발달은 리버쿠터가 우리나라 환경에 적 응하는 단계에 접어들었음을 의미한다. 특히, 알이 수정되고 발달까지 했다는 것은 번식도 충분히 가능할 것이라고 예상할 수 있다. 외래거북의 산란이 확인된 것은 붉은귀거북에 이 어 두 번째 사례이며, 추가적인 번식의 가능성을 고려한 관리방안이 조속히 마련되어야 할 것이다. 또한, 추후 연구에서는 리버쿠터의 번식 실패 원인을 파악하는 것이 중요하며, 이는 외래거북의 적응과 번식 양상을 파악하는데 중요한 근거가 될 것이다.

사사: 이 연구는 한국환경산업기술원(RE201709001)의 지원을 받아 수행되었습니다.

외래종 붉은귀거북과 토착종 남생이의 미소서식지 선호도 분석

구교성^{p1}, 권세라², 김아정², 강하경¹, 서재영¹, 김현정², 장이권^{c1,2}

¹이화여자대학교 에코과학부 생명과학과 ²이화여자대학교 에코크리에이티브 협동과정

외래생물의 유입은 유사한 생태적 지위(ecological niche)를 가진 토착 생물과의 경쟁으로 이어진다. 애완거북으로 처음 수입된 붉은귀거북(Trachemys scripta elegans)은 현재 전국적 으로 확산되어 발견되고 있으며, 유일한 토착종이자 반수생거북인 남생이와 유사한 생태적 지위를 가지고 있다. 보통 생태적 지위의 종들은 먹이, 번식지, 동면지 혹은 일광욕을 위한 장소를 두고 경쟁한다. 본 연구에서는 외래거북인 붉은귀거북과 토착종이자 멸종위기종인 남생이(Mauremys reevesii)의 미소서식지 선호도를 분석하여, 이들의 생태적 특성과 미소서 식지에 대한 경쟁의 가능성을 파악하였다. 미소서식지의 유형은 거북류 2종이 발견된 위치 에 따라 1) 개방형(opened), 2) 은폐형(covered)으로 구분했다. 개방된 형태로는 수변(shore), 수면(water surface), 수초(aquatic plants), 바위 혹은 구조물(rock or structure), 수몰나무(submerged tree or branch)가 있었으며, 은폐된 형태로는 바위 혹은 구조물(covered), 수몰나무 (covered)가 있었다. 연구 결과, 붉은귀거북(n=206)은 개방된 환경(n=180, 87.4%)을 선호하 는 경향이 매우 뚜렸했다(P<0.001). 특히, 개방된 바위(n=67, 32.5%) 위에서 발견되는 빈도가 가장 높았으며, 은폐된 수몰나무에서 발견되는 빈도(n=5, 0.2%)는 가장 낮았다. 반면 남생이 (n=33)의 경우, 은폐된 환경(n=26, 79.0%)을 선호하는 것이 뚜렷했다(P<0.001). 특히, 은폐되 어있는 수몰나무(n=21, 63.6%)에서 가장 높은 빈도로 발견되었으며, 수변과 개방된 수몰나 무에서는 각각 1회씩 발견되었다. 종합하면, 붉은귀거북은 비교적 개방된 환경을 선호하는 성향이 있었으며, 이는 아마도 용감한 종적 특성, 인간에 의한 길들여진 결과 혹은 포식자의 부재 등으로 설명할 수 있다. 반면, 남생이가 은폐된 환경을 더욱 선호하는 경향은 야생동물 에서 나타나는 은신성의 결과일 것으로 예상되지만, 외래거북과의 경쟁에서 밀렸을 가능성 도 배제할 수는 없다.

사사: 이 연구는 한국환경산업기술원(RE201709001)의 지원을 받아 수행되었습니다.

P2-01

Over accumulation of neutral lipids in *Coelastrella* sp. after ammonia/acetate raw piggery wastewater treatment process

Sang-Ah Lee^{p1,2}, So-Ra Ko¹, Ve Van Le^{1,2}, Hee-Mock Oh^{1,2}, and Chi-Yong Ahn^{c1,2}

¹Cell Factory Research Center, Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), 125 Gwahak-ro, Yuseong-gu, Daejeon 34141, Republic of Korea
²Department of Environmental Biotechnology, KRIBB School of Biotechnology, University of Science and Technology (UST), 217 Gajeong-ro, Yuseong-gu, Daejeon 34113, Republic of Korea

Neutral lipids produced by microalgae is a desirable carbon-neutral biodiesel candidate. Ammonia and acetate in piggery wastewater change the fatty acid profiles of Neutral lipids and enhance Neutral lipids accumulation in *Coelastrella* sp. Further, ammonia is known to increase Neutral lipids content but is toxic to cells. However, acetate could mitigate this cell toxicity, thereby elevating Neutral lipids accumulation. The Neutral lipids contents were 8.91 and 6.11 nmol/mg-biomass in heterotrophic and mixotrophic sequential piggery wastewater treatment processes, respectively. These Neutral lipids contents were 2.6- and 2.3-fold higher in piggery wastewater than in normal BG-11. Piggery wastewater also increased the proportion of saturated fatty acids in Neutral lipids from 25.8% to 41.3%, but decreased polyunsaturated fatty acids from 53.7% to 11.1%. It was concluded that *Coelastrella* sp. cultivated in piggery wastewater is an adequate candidate for biodiesel production, accumulating high lipid and Neutral lipids contents while simultaneously treating high-nutrient piggery wastewater.

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

P2-02

커피박 부산물의 혐기소화 메탄 퍼텐셜 분석

김태희^{p1}, 이준형¹, 윤영만^{c1,2}

¹한경대학교 응용자원환경학부 식물생명환경전공 ²한경대학교 바이오가스연구센터

최근 우리나라는 기호식품에 대한 선호도 증가로 국내 커피 소비량은 급격히 증가하고 있 으며, 2019년 기준 국내 커피 원두의 수입량은 약 15만톤(관세청, 2019)으로 보고되고 있다. 커피 원두는 추출과정에서 약 98%가 커피박 부산물로 발생하고 있어, 수입물량의 대부분이 부산물로 발생하고 있는 실정이다. 커피박 부산물은 폐기물관리법상 사업장폐기물로 분류 하고 있으며, 바이오에너지 생산에 이용이 가능한 유기성 폐자원이다. 국내에서 커피박 부 산물의 에너지 이용에 관한 연구는 물질적 전환기술인 건조연료 및 탄화연료 제조를 위한 발열량 분석 등의 연구(kim & Jin 2019)가 진행된 바 있으나 생물학적 전환기술인 혐기소화 를 통한 바이오가스화에 관한 연구는 전무한 상황이다. 따라서, 본 연구에서는 커피박 부산 물의 바이오가스화 가능성을 검토하기 위하여 커피박 부산물의 이화학적 특성과 혐기적 메 탄퍼텐셜을 분석하였다. 커피박 부산물은 국내 커피 프랜차이즈 3사(S사, T₁사, T₂사)의 매 장에서 수거하여 시험에 공시하였으며, 메탄생산 잠재량을 파악하기 위하여 원소분석을 실 시하였고, Bolve(1976)의 화학량론 반응식을 이용하여 이론적 메탄퍼텐셜을 산출하였다. 또 한 혐기소화에서 커피박 부산물의 메탄생산량 평가를 위하여 BMP 시험(VDI4630, 2006)을 실시하였으며, Modified Gompertz model을 이용하여 메탄 생산 반응속도를 분석하였다. 커 피박 부산물의 이론적 메탄퍼텐셜은 0.550 Nm³/kg-VS이었다. 커피박 부산물의 메탄퍼텐셜 은 각각 0.283 Nm³/kg-VS, 0,336 Nm³/kg-VS, 0.352 Nm³/kg-VS이었으며, Modified Gompertz model의 인자인 최대메탄생산속도(R_m)은 각각, 8.35 ml/day, 8.11 ml/day, 8.13 ml/day 지체성 장기(λ)은 각각 3.49 day, 4.97 day, 5.06 day, 커피박의 혐기소화 유기물 분해율(VS_r)은 51.16%~63.98%이었다. 따라서 커피박 부산물(원물) 1.0 ton은 약 1,070 Mcal의 저위발열량 을 보였으며, 이는 경유 123 L를 대체할 수 있는 것으로 나타났다.

교신저자 E-mail: yyman@hknu.ac.kr

인도양의 극한환경인 열수분출공 해역(심해)과 서해안 조간대(연안)에 서식하는 해양선형동물의 생활사 연구를 위한 배양 실험

신아영^{p1}, 김동성^{c1}, 강태욱², 오제혁¹, 노현수³

¹한국해양과학기술원 해양생태연구센터 ²국립공원공단 국립공원연구원 해양연구센터 ³한국해양과학기술원 동해화경연구센터

해양생물을 연구 대상으로 할 때 중형저서동물은 심해에서 천해에 이르기까지 모든 해역 에서 발견된다는 주요 특징을 보이고 있으며 이 점은 커다란 장점으로 여겨지고 있다. 따라서 이들은 해양의 극한 환경인 심해역이면서 독특한 생태계를 이루고 있는 열수분출공 지역에 서부터 조하대. 조간대에 이르기까지 각각의 서식 환경에 맞춘 그들만의 고유의 생리·생태 적 특징을 가지고 있으며, 이 들 특성을 생태계 내의 주요 요소로 자리 매김을 하면서 성질이 서로 다른 각 해양생태계 내에서 주요 구성원으로 존재하고 있다. 본 연구에서는 중형저서생 물 중 대표적으로 우점하는 분류군인 해양 자유생활형 선충류(nematodes)를 대상으로 극한 환경인 심해 열수지역과 우리나라 연안인 서해 조간대에 서식하는 대표적인 종들을 대상으 로 생활사를 밝히기 위한 배양을 수행하였다. 현재 선충류의 생활사를 밝히는 연구는 전세계 적으로 거의 이루어지지 않고 있으며, 특히 심해성 선충류에 대한 연구는 전무하다. 본 연구 에서 배양에 이용한 선충류는 인도양 중앙해령대에서 2017년에 우리나라 연구진에 의해 새 롭게 발견된 대한민국의 첫 열수 발견 지역 Onnuri Vent Field (OVF)와 서해 만리포 조간대의 퇴적물에서 시료를 각각 채집하여 분리하였다. 인도양 열수지역에서는 TV grab을 이용하여 심해 열수의 퇴적물을 채집, 여과된 냉각 해수를 이용하여 63 때 망목 크기의 체로 걸러낸 퇴 적물을 실체현미경 하에서 살아있는 선충류를 분리하였다. 분리된 선충류는 설정된 배양 조 건에 따라 분리 즉시 제작된 배지에 접종시키거나 열수플룸층에서 채집된 해수에 12시간 이 상 순치하였다가 배지에 접종하였다. 배양 배지는 여과시키지 않은 열수플룸층의 해수와 여 과시킨 해수를 이용하여 각각 한천농도 0.0, 0.2, 0.4, 0.6, 0.8, 1.0%로 제작하였다. 배양한 선충 류는 총 48개체이며, 선상배양에서 13개체의 생존을 확인하였다. 이후 4℃ 냉장상태로 선박 을 통해 육상으로 이동하였고, 이어진 실험실 배양에서 가장 높은 생존시간을 보인 조건은 퇴 적물에서 분리시킨 후 12시간 이상 순치시킨 선충류 중 한천농도 0.0과 0.8%로 나타났다. 만 리포 조간대에서는 퇴적물 표층에서부터 약 5 cm의 퇴적물을 채집하여 약 4℃를 유지한 채로 실험실로 이동한 후, 38 망목 크기의 체로 퇴적물을 걸러내어 실체현미경 하에서 살아있는 선충류를 분리해 실험에 이용하였다. 배양 배지는 Killian 배지로 한천농도 0.0, 0.2, 0.4, 0.5, 0.6, 0,7, 0.8, 1.0%로 제작하였고, 먹이생물로서 미생물과 소고기육즙(beef extract)을 첨가하 였다. 가장 높은 생존시간을 보인 조건은 Enoplolaimus sp.는 소고기육즙만 첨가된 한천농도 1.0%로 나타났고, Bathylaimus sp.는 먹이 공급을 하지 않은 한천농도 1.0%로 나타났다.

교신저자 E-mail: dskim@kiost.ac.kr

도심하천 생태계에서 어류 시료의 미세플라스틱 분석 및 어류기반 생태건강도 분석

김창해^P, 안광국^C

¹충남대학교 생물과학과

본 연구 대상인 미세플라스틱은 현재 생물 내에서 분해되지 않고 체내에 축적됨으로 인해생태계 내 먹이사슬관계에서 섭식 장애, 생식 장애 및 생태 전반에 영향을 주는 것으로 알려져 최근 전 세계적으로 논란이 되고 있다. 본 연구에서는 도심하천 생태계에서 어류 시료의미세플라스틱 분석에 대한 간단한 예비연구를 통해 위 내용물의 미세플라스틱 특성을 분석하였다. 또한, 시료 채집지에서의 주요 어종 구성, 어류 섭식 길드, 내성도 길드 분석을 실시하였고 어류-기반 생태건강도 분석을 실시하여 생태영향을 분석하였다. 미세플라스틱의 검출방법은 다양하나 최근 더욱 빠르며 비용 대비 효율적인 분석법 등이 제시되고 있다. 본 연구에서는 갑천의 하수종말 처리장에서 배출되는 하천에서 시료를 채취하여 신속한 분석법을 적용해 어류의 미세플라스틱 영향을 분석하였고, 이런 자료는 이화학적 수질특성 및 다변수 어류평가 모델(FAI 모델)을 이용한 어류 생태건강도 지표와 비교 평가하였다. 본 연구는 미세플라스틱에 대한 극히 초기의 접근방식 및 분석법을 소개한다.

사사: 본 연구는 한국환경산업기술원 어류생태 및 아미노산 동위원소 분석에 기반한 제품 유해물질 생물축적 연구의 지원을 받아 수행되었습니다(RE202001140).

교신저자 E-mail: kgan@cnu.ac.kr

Effect of starvation on morphometric traits in the cyprinid loach, Misgurnus anguillicaudatus

In-Seok Park^{pc1} and Hyun Woo Gil²

¹Division of Marine Bioscience, College of Ocean Science and Technology, Korea Maritime & Ocean University, Busan 49112, Korea

²Fish Aquaculture Lab., Kunsan National University, Gusan 54150, Korea

A 4-week experiment was conducted to investigate the effects of various dietary conditions on survival, growth, external morphometric traits, and sectioned morphometric traits in the cyprinid loach, *Misgurnus anguillicaudatus*. For the fed group there was an increase in body weight, standard length, and morphometric dimensions of the head and body cavity regions compared with the starved and initial groups. Sectioned morphometric trait analysis revealed that relative to the starved group, the fed group had greater body circumference, cross-sectional area, and total height (P < 0.05). Our results provide data on external and sectioned morphometric changes under starvation conditions, and can be used as a guide to assist in the regulation and scheduling of feeding, and as indices of the nutritional status of cyprinid loach.

Corresponding author E-mail: ispark@kmou.ac.kr

Effect of starvation on the weight and structure in some tissues of cyprinid loach, *Misgurnus anguillicaudatus*

In-Seok Parkpc

Division of Marine Bioscience, College of Ocean Science and Technology, Korea Maritime & Ocean University, Busan 49112, Korea

We assessed the effects of 30 days starvation on survival rate, gonadosomatic index (GSI), hepatosomatic index (HSI), intestinosomatic index (ISI) and histological change of kidney, hepatocyte and midgut epithelium of cyprinid loach, *Misgurnus anguillicaudatus*. The average standard length and body weight were greater in order of fed, initial and starved group after 30 days starvation (P<0.05). At the conclusion of this experiment, compared to the 85.0% survival of fed group, starved group showed the decreased survival of 38.7%. GSI, HSI, ISI were greater in fed group than starved group (P<0.05). Hepatocyte nuclear area, Hepatocyte cellular area, nuclear height of midgut epithelium and nuclear height of kidney in fed group was greater than that in the starved group (P<0.05). In starved group, melano-macrophages found in kidney cell increased during 30 days starvation in cyprinid loach. Compared to those of the initial control and fed group, in starved group, the ultrastructure of hepatocytes showed changes. These results from this study appear to be an useful index of the nutritional status in cyprinid loach.

Corresponding author E-mail: ispark@kmou.ac.kr

Morphometric characteristics of diploid and triploid Far Eastern catfish, Silurus asotus

In-Seok Parkpc

Division of Marine Bioscience, College of Ocean Science and Technology, Korea Maritime & Ocean University, Busan 49112, Korea

The present study determined the differences in the morphometric characteristics of truss and classical dimensions between diploid and triploid Far Eastern catfish *Silurus asotus*, and provided methods for separating diploid and triploid far eastern catfish based on morphometric observations. Significant variables were the direct distance between the anterior edge of the lower lip and the anterior insertion of the dorsal fin (DALAD), the horizontal distance between the anterior edge of the lower lip and the anterior insertion of the ventral fin (HALAV), the direct distance between the anterior edge of the upper lip and the first nostril (DAUF), the direct distance between the anterior edge of the upper lip and the second nostril (DAUS), the interorbital width (IW), and the mandible barbel length (ManBL). The more significant variables were DALAD, HALAV, DAUF, DAUS, and IW. The most useful combination of variables for separating the two groups was DALAD, IW, and DAUF, which correctly classified 85% of the catfish as triploid or diploid, the maximum degree of separation obtained (*P*<0.05). The triploid catfish had high head region and body depth growth rates during the first year after hatching. Triploid catfish had smaller heads and shorter mandible barbels than diploid catfish.

Corresponding author E-mail: ispark@kmou.ac.kr

Redescription of two soil ciliates, *Anteholosticha bergeri* (Foissner, 1987) Berger, 2003 and *Bakuella granulifera* Foissner et al., 2002 from Korea

Kyu-Seok Chae^{p1}, Kang-San Kim², and Gi-Sik Min^{c1}

¹Department of Biological Sciences, Inha University, Incheon 22212, South Korea ²Restoration Assessment Team, Research Center for Endangered Species, National Institute of Ecology, Yeongyang 36531, South Korea

Two soil ciliates, *Anteholosticha bergeri* (Foissner, 1987) Berger, 2003 and *Bakuella granulifera* Foissner *et al.*, 2002 were collected from Incheon in South Korea. These two species are new to South Korea. Description for these ciliates were done using live and protargol-impregnated specimens. Diagnostic characters for *Anteholosticha bergeri* are as follows: $80\text{-}100\times30\text{-}40~\mu\text{m}$ size *in vivo*; 12-16 macronuclear nodules; one to six micronuclei; cortical granules present; three frontal cirri; one buccal cirrus; five to eight midventral pairs; three dorsal kineties; caudal cirri lacking. Diagnostic characters for *Bakuella granulifera* are as follows: $140\text{-}200\times50\text{-}80~\mu\text{m}$ *in vivo*; $109\text{-}180~\mu\text{m}$ macronuclear nodules; cortical granules present; three frontal cirri; $5\text{-}11~\mu\text{m}$ buccal cirri; $9\text{-}19~\mu\text{m}$ midventral pair; two to five midventral rows; three dorsal kineties; caudal cirri lacking. In this study, we determined sequence of small subunit ribosomal RNA gene for *A. bergeri* and *B. granulifera*.

Corresponding author E-mail: mingisik@inha.ac.kr

Identifying overwintering aggregation pattern of *Halyomorpha halys* (Hemiptera: Pentatomidae) in laboratory conditions

Hyunsung Song^p, Jung-Wook Kho, Joo-Young Kim, and Doo-Hyung Lee^c

Department of Life Sciences, Gachon University, Gyeonggi-do, South Korea

Overwintering aggregations of *Halyomorpha halys* (Hemiptera: Pentatomidae) in human-made structures cause nuisance problems and significant economic losses as an invasive species. Therefore, it is critical to understand overwintering aggregation behavior for reducing these pest problems. In this study, we investigated overwintering aggregation pattern of H. halys in laboratory conditions with regard to their sex ratio, settling position, and spatial pattern. Halyomorpha halys adults in reproductive diapause were induced to exhibit overwintering behavior to a microhabitat established between two acryl panels facing each other. Overwintering H. halys adults were collected under bark of dead trees, and they were kept at ambient temperature to maintain diapause status until they were used in the experiment. 50 H. halys adults (sex ratio = 1:1) were released into a cage containing experimental arena made of two acryl panels facing each other with a 5-mm gap, and the cage was kept inside of an incubator for 24 hours to induce overwintering behavior of H. halys. First, when the overwintering behavior was induced, greater number of females settled inside the provided microhabitat than males (P < 0.0001). Second, dorsal side direction of H. halys was not preferentially synchronized to a certain direction among the overwintering individuals (P > 0.05). Finally, in general, overwintering H. halys exhibited aggregated distribution in the experimental arena. Further studies will monitor how overwintering aggregation of H. halys is being formed at individual level.

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

Enhancement of fitness in *Riptortus pedestris* (Hemiptera: Alydidae) by a gut symbiont reared on an unsuitable food resource

Do-Hun Gook^p, Minhyung Jung, Joo-Young Kim, Soowan Kim, and Doo-Hyung Lee^c

Department of Life Sciences, Gachon University, Gyeonggi-do, South Korea

The bean bug, Riptortus pedestris (Hemiptera: Alydidae) can establish an endosymbiosis with genus Burkholderia, which substantially enhances the fitness and changes the behavior of R. pedestris. However, although fitness enhancements and behavioral changes of R. pedestris by symbiosis are relatively well understood, the effect of symbiosis on the food range of R. pedestris is virtually unknown. Anecdotal evidence suggests that it cannot complete development on kidney beans, which implies kidney beans are not suitable food resource in contrast to other leguminous species including soybeans. Therefore, in this study, we compared the survivorship, developmental period, body size, feeding behavior, and movement capacity of symbiotic and apo-symbiotic R. pedestris reared on soybean or kidney bean. First, survivorship, developmental period and morphometric parameters of emerged adult R. pedestris reared on soybean or kidney bean were compared between symbiotic and apo-symbiotic groups, respectively. Second, feeding attempt represented with number of salivary sheath on the food sources, horizontal movement distance and flight capacity of symbiotic and apo-symbiotic R. pedestris reared on soybean and kidney bean were evaluated. As a result, kidney bean significantly affected the survivorship of R. pedestris regardless of symbiont inoculation; none of apo-symbiotic insects reach to adulthood. For symbiotic R. pedestris, although significant decrease in survivorship was observed, emerged adults showed no significant difference in their feeding attempt and flight capacity compared with apo-symbiotic R. pedestris reared on soybeans. Moreover, regardless of symbiont innoculation or food resources provided, adult R. pedestris showed similar horizontal distance moved. Therefore, our results indicate that symbiotic Burkholderia provides fitness advantage to R. pedestris reared on unsuitable food resources, which may suggest host range expansion of the R. pedestris.

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

A new species of Nipponbathynella schminke, 1973 from South Korea

Su-Jung Ji^p and Gi-Sik Min^c

Department of Biological Sciences, Inha University, Incheon 22212, South Korea

A new species of parabathynellid bathynellacean, *Nipponbathynella* n.sp. is collected from interstitial water in Daejeon, South Korea. The genus *Nipponbathynella* schminke, 1973 contains seven species, five of which are recorded in Korea. *Nipponbathynella* n.sp. is morphologically closely related to *N. leesookyungae* Park and Cho, 2015. However, *Nipponbathynella* n.sp. is distinguished from *N. leesookyungae* by (1) labrum with 12 teeth, (2) maxillule distal-most spine with 5 dentils, (3) smooth endopodal spur of uropod, (4) uropod protopod bearing 9 spines. In addition, we observed male thoracopod VII using a scanning electron microscope (SEM) and determined the partial mitochondrial cytocrome *c* subunit I (*COI*) sequence for DNA barcode.

Corresponding author E-mail: mingisik@inha.ac.kr

Taxonomic review of Korean *Ephemera* Linnaeus (Ephemeroptera: Ephemeridae)

Alfredo Mayorga Villalobos^{p,1}, Jeong Mi Hwang², and Yeon Jae Bae^{c,1,2}

¹Department of Environmental Science and Ecological Engineering, Graduate School, Korea University, Seoul 02841, Korea ²Korean Entomological Institute, Korea University, Seoul, Korea

A taxonomic review of Ephemera Linnaeus species from South Korea was conducted and new-complementary morphological characters for their distinction are erected, especially for larval stage and species with multiple stripes on abdominal tergum. Parallel darks bands on mesonotum, presence, absence or shape of pigmentation on abdominal tergums I-IV are the main distinctive features between species, which is present on all the life stages, either male or female. For the larvae, the shape of claw from fore leg, the fine setae at the margins of femur and tibia, protunding stout setae in tibia and the shape of posterior margin of tergum X are new useful diagnostic characters for recognition of the species at this life stage. Therefore, the first taxonomic key for S. Korea is proposed, both larval and adult stages. Regarding the current knowledge of each species, the species E. orientalis and E. strigata Eaton have been widely studied in terms of life history, principally in Japan and South Korea, following with ecological and molecular studies (in case of E. orientalis). For the species E. sachalinensis and E. strigata the studies are considerably little. COI cytochrome c oxidase subunit sequences of E. sachalinensis from Primosky, Russia, which is closer to the type locality of this species (Sachalin), differ importantly with E. sachalinensis from S. Korea. Further detailed morphological comparison between specimens from these conuntries is necessary, as well as a definition of a type for *E. sachalinensis*.

First record of the genus *Krenosmittia* (Diptera: Chironomidae) from South Korea

Hyo Jeong Kang^{p1}, Hanil Ree², and Yeon Jae Bae^{c1,3}

¹Department of Life Sciences, Graduate School, Korea University, Seoul, Korea ²Department of Environmental Medical Biology, Institute of Tropical Medicine, Arthropods of Medical Importance Resource Bank, Yonsei University College of Medicine, Seoul, Korea ³Division of Environmental Science and Ecological Engineering, College of Life Sciences and Biotechnology, Korea University, Korea

The Orthocladiinae is the second largest subfamily, one of them that described about 2,275 species. The genus *Krenosmittia* (Orthocaldiinae) was erected by Thienemann and Krüger in 1936. Ashe and O'Conner (2012) listed only 20 species in the world catalogue for this genus. Among these 20 species, six species were found in Japan, four species from China, and five species from the Far Eastern Russia. The genus *Krenosmittia* is characterized by the following characters: eyes bare, acrostichals absent, scutal tubercle or tuft absent, wing membrane bare, costa strongly extended, anal vein ending proximal to FCu, squama bare, pulvillus bare, and virga strongly developed. In this study, *Krenosmittia* is the first record in Korea fauna. As we found three new species from South Korea: *Krenosmittia danyangensis* n. sp., *Krenosmittia triangulia* n. sp., and *Krenosmittia pseudoannulata* n. sp. Descriptions of male adults and their line drawings of key characters are provided.

Acknowledgement: 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 (NIBR202002205).

New *Dicranomyia* (*Idioglochina*) crane fly (Diptera: Limoniidae) from South Korea

Jisoo Kim^p, Kijong Cho, and Yeon Jae Bae^c

Department of Environmental Science and Ecological Engineering, Graduate School, Korea University, Seoul 02841, Korea

The genus *Dicranomyia* Stephens, 1829 is one of the largest genera in crane flies, containing 1133 species in 24 subgenera worldwide. Up to date, 348 species have been recorded in Neotropical Region, 251 species in Australasia and Oceania Region, 241 species in Oriental Region, 198 species in Palearctic Region including 38 species in Korea, 94 species in Nearctic Region, and 63 species in Afrotropical Region. These small to medium-sized crane flies are very diverse and inhabit in various habitats. Larvae develop in the leaf litter, fungi and decaying wood, and along margins of streams and lakes. Among the subgenera, *Idioglochina* has special habitats unlike other crane flies. They are found from algae in the sea water or near the intertidal zones, the immature stages commonly occupying the rocky shores. The most distinctive characters are in the antennae, especially in the male, flagellar segments with the inner face strongly extended to produce a serrate appearance or almost pectinate. A total of 28 species of crane flies belonging to the subgenus *Idioglochina* were known, all being restricted to the Pacific and Indian Ocean. In this study, we present the undescribed species of *Idioglochina*, the newly added to the Korean fauna.

First findings of the mycophagous gall midges genus *Neurolyga* (Diptera: Cecidomyiidae) in Korea

Daseul Ham^{p1}, Mathias Jaschhof², Sung Hwan Park³, and Yeon Jae Bae^{c4}

¹Korean Entomological Institute, Korea University, Seoul, Republic of Korea ²Stiation Linné, Ölands Skogsby 161, SE-38693 Färjestaden, Sweden ³Department of Environmental Science and Ecological Engineering, Graduate School, Korea University, Seoul, Republic of Korea ⁴Division of Environmental Science and Ecological Engineering, College of Life Sciences, Korea University, Seoul, Republic of Korea

The mycophagous gall midge genus *Neurolyga* belonging to the subfamily Micromyinae (Diptera: Cecidomyiidae: Campylomyzini) contain 27 described species worldwide. However, this genus has no record in Korea to date. In this study, we found four species (*Neurolyga* aff. indet. *bifida*, *N*. sp. 1, *N*. sp. 2, *N*. sp. 3) of this genus in Korea. These Korean specimens were collected by Malaise traps in Gangwon-do and Gyeongsangbuk-do province in 2019. Material, diagnosis, distributional data and keys are provided.

Acknowledgement: 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 (NIBR202002205).

P4-01

Reclassification of *Gyrodinium flavescens* Kofoid & Swezy as *Torquentidium flavescens* comb. nov. (Ceratoperidiniaceae, Dinophyceae), based on morphology and phylogeny

Hyeon Ho Shin^{p,c,1}, Zhun Li², and Kazumi Matsuoka³

¹Library of Marine Samples, Korea Institute of Ocean Science & Technology ²Biological Resource Center/Korean Collection for Type Cultures (KCTC), Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology ³Osaka Institute of Technology (Japan)

A *Cochlodinium*-like species was isolated from the Korean coast and examined by light microscopy and scanning electron microscopy (SEM). The species was characterized by cellular torsion, cingulum with 1.25 turn and sulcus with 0.25 turn, and a hemispherical hypocone. The nucleus was curved sausage-shaped, and there were small and dark grains distributed at the cell periphery, which were also reported in the original description of *Gyrodinium flavescens* by Kofoid & Swezy (1921). SEM observations revealed that the apical structure complex of the species forms a complete circle surrounding the cell apex, consisting of three parallel rows of vesicles, and that the outer rows composed of small vesicles are visible along the sides of cingulum. These morphological features were identical to those of *Torquentidium convolutum*. Phylogeny based on small subunit and large subunit rDNA sequences also confirmed that the species is closely related to *T. convolutum* within the family Ceratoperidiniaceae. However, the species was distinguished from *T. convolutum* by differences in cingulum and sulcus turn numbers, shape of hypocone in dorsal view and size. Based on the morphological and phylogenetic analyses, we propose the new combination *Torquentidium flavescens* nested within the family Ceratoperidiniaceae.

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

P4-02

Classification and evaluation of some endemic plant from S. Korea using CSR strategies

Seok In Kang^p, Ji Young Shim, Yun Jun Choe, Tae Seon Eom, Seung Yeon Jang, and Tae Wan Kim^c

Institute of Ecological Phytochemistry/Department of Plant Life and Environmental Science, Hankyong National University, Anseong, South Korea

CSR theory consists of three major strategies(competitor, stress tolerator, ruderal) that explain the trade-off of resources for growth, reproduction, and maintenance of plants at various levels of stress and competition. In this study, an analysis of CSR was adopted as a habitat determination index and conducted to build a quantitative index for domestic plant classification and assessment. The investigation was conducted from July 2019 to May 2020. LA, LDMC, and SLA were measured with fully developed and mature leaves according to the Global CSR analysis method. The C, S, R scores for each plant were calculated by inputting the measured values into "StrateFy" provided by the Global method. As a result of performing CSR analysis on a total of 230 species plants in 70 families, 102 species were classified as R/CR, followed by R, R/CSR, R/SR, etc. The number of investigation species was highest in the order Asteraceae, Legumes, Gramineae, and Brassicaceae. The main strategies are R/CR (44%) for Asteraceae, R/CSR (26%) for Soybean, SR/CSR (26%) for Gramineae, and R (56%) for Brassicaceae. The 40 species of investigated species in this study were also investigated in the global CSR analysis. Among them, 9 species matched global method exactly. More than 70% of the species surveyed with the C strategies group were classified as R in Korea, but more than 90% of the investigated species with the R strategies group were consistent with global studies. Research through CSR analysis is expected to be used as basic data for assessing domestic wild plants and exotic plants and predicting their spread and change.

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

A novel bacteria, *Tabrizicola algicola*, isolated from *Ettlia* culture and its growth promoting and antibacterial effect on algal culture

Chan-Yeong Park^{p1,2}, Seong-Jun Chun¹, Jun-Woo Lee^{1,3}, Min-Woo Lee^{1,2}, Ve Van Le^{1,2}, Yingshun Cui¹, Chi-Yong Ahn^{c1,2}, and Hee-Mock Oh^{c1,2}

¹Cell Factory Research Center, Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology, Daejeon 34141, Republic of Korea

²Department of Environmental Biotechnology, KRIBB School of Biotechnology, Korea University of Science and Technology (UST), Daejeon 34113, Republic of Korea
³Department of Life Science and Research Institute for Natural Sciences, Hanyang University, Seoul, Republic of Korea

A novel Gram-stain-negative, aerobic, non-spore-forming, non-motile, and rod-shaped bacterium, strain ETT8^T was isolated from a culture of *Ettlia* sp. YC001. A phylogenetic analysis based on the 16S rRNA gene and genome sequence showed that strain ETT8^T belongs to the genus *Tabrizicola*, with the close neighbors being T. sediminis DRYC-M-16^T(98.06%), T. alkalilacus DJC^T(97.55%), T. fusiformis SY72^T(96.90%), T. piscis K13M18^T(96.76%), and T. aquatica RARI19^T(96.54%). The genomic comparison of strain ETT8^T with type species in the genus *Tabrizicola* was analyzed using the genome-to-genome distance calculator (GGDC), average nucleotide identity (ANI), and average amino acid identity (AAI) (values indicated ≤ 17.7, ≤ 75.39, and ≤ 71.91%, respectively). Based on the chemotaxonomic, genotypic, and phenotype results, strain ETT8^T was recognized as a novel species of the genus Tabrizicola for which the name Tabrizicola algicola sp. nov. is proposed. From the genetic characteristic, the strain ETT8^T contained bioB which is biotin synthesis gene. Some microalgae require vitimins (e.g. biotin, cobalamin, and thiamine) as growth factors. However they can not produce them. The strain ETT8^T produce this compound and help to grow microalgae. Additionally, this strain contains bacteriocin gene according to antiSMASH which is mining program of antibiotic gene at a genome. From this result, novel strain ETT8^T can defense contamination and improve growth of microalgae.

Corresponding author E-mail: heemock@kribb.re.kr (H.M. Oh), cyahn@kribb.re.kr (C.Y. Ahn)

Novosphingobium aquimarina sp. nov., isolated from seawater

Ve Van Le^{p1,2}, So-Ra Ko^{p1}, Sang-Ah Lee^{1,2}, Long Jin³, Chi-Yong Ahn^{c1,2}, and Hee-Mock Oh^{c1,2}

¹Cell factory Research Centre, Korea Research Institute of Bioscience & Biotechnology, Daejeon 34141, Republic of Korea

A novel Gram-stain-negative, aerobic, and rod-shaped, bacterial strain M24A2M^T, was isolated from seawater in Korea. Based on the 16S rRNA gene phylogeny, strain M24A2M^T was found to be closely related to Novosphingobium pentaromativorans US6-1^T and Novosphingobium mathurense SM117^T with pair-wise sequence similarities of 97.4 % and 96.9 %, respectively. Phylogenetic analysis of 16S rRNA sequences indicated that strain M24A2M^T formed a branch with Novosphingobium pentaromativorans US6-1^T and belonged to the genus *Novosphingobium*. The predominant cellular fatty acids were $C_{14:0}$ 2-OH, summed feature 3 (comprising of $C_{16:1} \omega 7c$ and/or $C_{16:1} \omega 6c$), and summed feature 8 (comprising of $C_{18:1} \omega$ 7c and/or $C_{18:1} \omega$ 6c). The polar lipids of strain M24A2M^T consisted mainly of diphosphatidylglycerol, phosphatidylethanolamine, phosphatidylglycerol, phosphatidylcholine, one unidentified phospholipid, and two unidentified lipids. The respiratory quinone was ubiquinone Q-10. The genomic DNA G+C content was 63.9 mol%. Given the phenotypic characteristics along with the phylogenetic distinctness and chemotaxonomic features, strain M24A2M^T is considered to represent a novel species within the genus *Novosphingobium*, for which the name *Novosphingobium aquimarina* sp. nov. is proposed. The type strain of *Novosphingobium* sp. nov. is M24A2M^T (=KCTC 72894^T=JCM 33983^T).

Corresponding author E-mail: cyahn@kribb.re.kr (C.Y. Ahn), heemock@kribb.re.kr (H.M. Oh)

²Department of Environmental Biotechnology, KRIBB School of Biotechnology, University of Science and Technology, Daejeon 34113, Republic of Korea

³College of Biology and the Environment, Co-Innovation Centre for Sustainable Forestry in Southern China, Nanjing Forestry University, Nanjing 210-037, China

Genome analysis and algicidal activity of *Paucibacter* sp. DH15 against *Microcystis aeruginosa*

Ve Van Le^{p1,2}, So-Ra Ko¹, Sang-Ah Lee^{1,2}, Hee-Mock Oh^{1,2}, and Chi-Yong Ahn^{c1,2}

¹Cell factory Research Centre, Korea Research Institute of Bioscience & Biotechnology, Daejeon 34141, Republic of Korea

²Department of Environmental Biotechnology, KRIBB School of Biotechnology, University of Science and Technology, Daejeon 34113, Republic of Korea

As a serious global challenge, the cyanobacterial bloom is creating several problems for the aquatic ecosystem and human activities. Biological methods employing aquatic plants, aquatic animals, and algicidal microorganisms to inhibit the growth of algae are considered a promising eco-friendly strategy. This study aimed to analyze the genome and determine the algicidal activity of Paucibacter sp. DH15 isolated from Daechung Reservoir. Several secondary metabolite production clusters involving in defense mechanisms such as acyl amino acids, bacteriocin, lanthipeptide, terpene, and non-ribosomal peptides were found in the genome of strain DH15. The presence of genes encoding for algicidal compound (prodigiosin) and cell wall degrading enzymes (acylamidase, muramidase, transglycosidase, β -glucosidases) suggested that strain DH15 has the potential to control harmful algal blooms. Paucibacter sp. DH15 (2x10⁴CFU/ml) exhibited the highest algicidal activity of 94.91% against *Microcystis aeruginosa* KW (2x10⁶cells/ml) within 36h. Additionally, compared with supernatant, bacteria cells showed higher algicidal activity. The algicidal effect of strain DH15 was related to reducing maximum photochemical quantum yield, electrontransportrate, and activechlorophyll-a content, indicating that the photosynthesis system of Microcystis aeruginosa was attacked. Collectively, strain DH15 possesses great potential for sustainable mitigation of *Microcystis* bloom.

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

New records of order gymnodiniales (dinophyceae) in Korean waters

Su-Min Kang^p, Jae Young Park, and Joon-Baek Lee^c

Department of Earth and Marine Sciences, Jeju National University, Jeju, Korea

Phytoplankton is a primary producer of marine ecosystems and dinoflagellates are one of the major group in the phytoplankton community. Because the unarmored dinoflagellates are very difficult to identify with merely a light microscope, few taxonomical studies on this species were in Korean waters so far. This study was carried out to clarify a presence of newly recorded species of the unarmored dinoflagellates in Korean waters. Samples were collected around Jeju Island from January to December 2018. The samples were fixed using Lugol's solution and identified using light microscopes (LM) and scanning electron microscope (SEM). We identified five newly recorded species in Korean waters including *Karlodinium vitiligo*, *Gymnodinium marinum*, *Nematodinium torpedo*, *Warnowia polyphemus* and *Warnowia pulchra*. The five species occurred in the southern waters of Jeju Island, in the summer. In particular, genus *Warnowia* has not been reported in Korea so far. The *Warnowia* is characterized by a conspicuous ocelloid. This organelle is derived from chloroplast, which detect light. The two species (*W. polyphemus* and *W. pulchra*) we identified also had ocelloid and morphological and ecological characteristics based on LM and SEM of these species were described as *Warnowia*.

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

배화상병균 VNTR 유전형 균주간 생리적 특성비교

김예은^P, 김성환^C

단국대학교 미생물학과

Erwinia amylovora는 사과, 배 등의 과수를 포함한 장미과 식물에 세균성 병해인 화상병을 일으키는 그람 음성 간균이다. E .amylovora에 감염된 나무는 꽃이 시들고, 줄기와 잎이 불에 탄 듯 갈색으로 변한다. 증상이 심해질 경우에는 궤양이 발생하기도 한다. 이병은 1780년 미 국 동부 지역에서 최초로 발생 보고된 후 다수의 유럽 국가와 북미, 오세아니아에서 발생하 였으며, 현재에는 아시아에서도 큰 피해를 입히고 있다. 우리나라는 2015년 경기도 안성에 서 최초로 화상병이 보고되었으며, 매년 지속적으로 발병하여 최근에는 경기도, 충남,충북 지방과 더불어 전북 지역에도 발병하면서 원예산업에 커다란 피해를 주고 있다. 병원균의 근원과 병 확산을 이해하기 위해서 분리된 균에 대해 VNTR(Variable Number Tandem Repeat) 부위 분석을 수행한 결과 29가지 변이 유전형이 존재하였다. 이에 따라 본 연구에서 는 이들 유전형이 다른 균주 간에 생리학적 특성에 차이가 있는지 알아보고자 온도, pH, 항 생제 감수성에 의한 생장 차이를 조사하였다. 25℃, 30℃, 37℃ 조건에서 생장을 조사한 결 과 모든 균주가 25°C에서 가장 잘 생장하였고 3가지 온도 조건 모두에서 유전형 간의 생장 차이는 크게 보이지 않았다. pH4, 7, 10에서의 배지에서 생육을 조사 하였을 때 pH7에서 최 적 생장을 보였다. VNTR 유전형 간에는 일부 균주에서 pH에 따른 생장에 차이가 있는 것으 로 관찰되었다. 디스크 확산법을 이용하여 Streptomycin을 ml 당 10μg, 25μg, 300μg 의 농도로 항생제 감수성을 검정한 결과 29개 균주 3가지 농도에 대 내성을 보이지 않았다. 본 연구결 과는 E.amvlovora 유전형 간의 생리학적 특성을 이해하기 위한 기초 자료로 활용될 수 있을 것이다.

교신저자 E-mail: piceae@dankkok.ac.kr

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

So-Yi Chea^p and Dong-Uk Kim^c

Department of Biological Science, Sangji University

Forty three azoxystrobin-degrading bacteria were isolated from 5 soil samples obtained from various agricultural fields in South Korea and their genetic and phenotypic characteristics were investigated. The isolates were able to utilize azoxystrobin as a sole source of a carbon and energy during the complete degradation of azoxystrobin. Analysis of 16S rRNA gene sequence indicated that the isolates were related to members of the genera, *Microvirga, Brevibacillus, Pseudorivibacter, Lysobacter and Cytobacillus.* Fourteen different chromosomal DNA patterns were obtained by polymerase-chainreaction (PCR) amplification of repetitive extragenic palindromic (REP) sequence from the forty three isolates. This is the first report that microorganisms involved in the degradation of azoxystrobin have been isolated.

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

Isolation and characterization of etofenprox-degrading bacteria isolated from soils

Ji-Yeon Han^p and Dong-Uk Kim^c

Department of Biological Science, Sangji University

Twelve etofenprox-degrading bacteria were isolated from 73 soil samples obtained from various agricultural fields in South Korea, and their genetic and phenotypic characteristics were investigated. The isolates were able to utilize etofenprox as a sole source of carbon and energy. Analysis of 16S rRNA gene sequence indicated that the isolates were related to members of the genera, *Arthrobacter, Rhizobium, Cupriavidus, Bradyrhizobium, Mycolicibacterium and Sphingomonas*. Six different chromosomal DNA patterns were obtained by polymerase-chain- reaction (PCR) amplification of repetitive extragenic palindromic (REP) sequences from the 12 isolates. This is the first report that microorganisms involved in the degradation of etofenprox have been isolated.

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

Ultrastructure of the flagellar apparatus in *Rhodomonas salina* (cryptophyceae, cryptophyta)

Seung Won Nam^{p1}, Bok Yeon Jo¹, and Woongghi Shin^{c2}

¹Algal Research Team, Nakdonggang National Institute of Biological Resources (NNIBR)

²ChungNam University Life Science Departments

Rhodomonas salina is a photosynthetic marine flagellate. We examined the ultrastructure of *R. salina* with particular attention to the flagellar apparatus by transmission electron microscopy and compared it with that of other cryptomonads reported previously. The major components of the flagellar apparatus in *R. salina* were a keeled rhizostyle (Rhs), a striated fibrous root (SR), a SR-associated microtubular root (SRm), a mitochondrion-associated lamella (ML), and three types of microtubular roots (9r, 4r, and 2r). The keeled Rhs originated near the proximal end of the dorsal basal body, passed near the nucleus and dissociated at the posterior end of the cell. The SR and SRm originated between two basal bodies and laterally extended to the right side of the cell. The ML originated between two basal bodies and extended to the left side of the cell. The 9r originated between the ventral basal body and Rhs and extended toward the anterior dorsal lobe of the cell. The 4r originated near the 9r and extended toward the dorsal lobe with the 2r, which originated between two basal bodies. Here, the flagellar apparatus in *R. salina* is described, and the ultrastructure of the flagellar apparatus is compared among cryptomonad species.

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

전북, 전남, 경남 지역 LM 유채 환경영향 모니터링 및 효율적 안전관리 기술개발

이범규^{pc1}, 조사영¹, 김동우¹, 강종익¹, 나수미², 이훈복²

¹전주대학교 환경생명과학과 ²서울여자대학교 생명환경공학과

본 연구는 LM(Living Modified, 유전자변형) 유채의 환경영향 저감을 위한 현장적용 기술 개발과 LM 유채 저감기술 가이드라인 방안 도출을 위해 수행되었다. LM 유채는 국내에서 잡초화 가능성이 크고, 배추, 갓 등 다른 십자화과 작물로 타가 수분률이 높아 비의도적 환경 방출로 인한 환경 위해성이 다른 LM 작물에 비해 높은 실정이다. 본 연구에서는 비의도적 LM 유채 발생지주변 환경영향조사 및 유전자이동성 연구를 수행하였다. 조사 대상 지역은 전북(4개 지점), 전남(2개 지점), 경남(8개 지점)으로 총14개 지점이었으며, 조사는 2019년 10월과, 2020년 4월, 5월 등 총 3회에 걸쳐 실시하였다. 유채 발생과 환경요인과의 관계를 분 석하기 위하여 발생지와 주변의 주변 지리적 특성 및 위치, 파종량, 토지 이용 패턴, LM 유채 재 발생 유무, 빈도, 생육단계, LMO 검정 분석, 주변 환경 동종/근연종 작물 재배 발생밀도 조사를 실시하였고, LM 유채를 지속적으로 제거 및 관리하였다. 본 모니터링을 통해 국내 LM 유채 발생 지역을 DB화 하여 발생 패턴을 분석 중이다. 본 연구 결과를 통하여 효과적 방 제 및 조치방안 마련. 재발생 LM 유채 저리 및 효율적 관리를 위한 저감기술 개발 및 환경방 출 LM 유채의 효율적 안전관리 및 방제기술 가이드라인 도출을 할 수 있을 것으로 예상되 며, LM 유채 발생지의 재발생 개체에 대한 안전 사후처리 방안 구축을 통해 농업 생태계 보 존 및 수입 작물 소비자 신뢰 증진, 유전자 이동성 조사 및 효율적 관리를 위한 저감기술을 개발함으로써 LM 유채 제거비용 절감에 도움을 줄 수 있을 것으로 사료되었다.

교신저자 E-mail: leebk@jj.ac.kr

경기도, 충청도, 경상북도 지역 LM 유채 환경영향 모니터링 및 효율적 안전관리 기술개발

나수미^{p1}, 도지선¹, 이범규², 이훈복^{c1}

¹서울여자대학교 대학원 생명환경공학과 ²전주대학교 환경생명과학과

본 연구는 잡초화 가능성이 크고, 타가 수분률이 높고, 십자화과(갓, 무, 배추 등)와의 근연 종인 유채를 생명공학 기술로 개발된 LM 유채의 비의도적 환경방출로 인한 환경 위해성에 대한 LM 유채 발생지 주변 환경영향조사, 유전자이동성 연구를 통해 LM 유채의 생태 속성 분석 및 효율적인 관리 방안을 구축하고자 하였다. 조사 대상 지역은 경기(4개 지점), 충남(7 개 지점), 충북(3개 지점), 경북(2개 지점)으로 총16개 지점이었으며, 조사는 2019년 10월 (1 회), 2020년 4월, 5월 (2회) 총 3회에 걸쳐 실시하였다. 유채 발생과 환경요인과의 관계를 분 석하기 위하여 발생지와 주변의 주변 지리적 특성 및 위치, 파종량, 토지 이용 패턴, LM 유채 재 발생 유무, 빈도, 생육단계, LMO 검정 분석, 주변 환경 동종/근연종 작물 재배 발생밀도 조사를 실시하였고, LM 유채를 지속적으로 제거 및 관리 하였다. 현재 모니터링 대상지는 재발생 가능성이 없는 지역(경기 1개 지점, 충남 2개 지점, 경북 2개 지점)을 제외한 경기(3개 지점), 충남(5개 지점), 충북(3개 지점)의 총 11개 지점으로 감소되었다. 본 모니터링을 통해 국내 LM 유채 발생 지역을 DB화 하여 발생 패턴을 분석 중이다. 본 연구 결과를 통하여 효과 적 방제 및 조치방안 마련, 재발생 LM 유채 저리 및 효율적 관리를 위한 저감기술 개발 및 환 경방출 LM 유채의 효율적 안전관리 및 방제기술 가이드라인 도출을 할 수 있을 것으로 예상 되며, LM 유채 발생지의 재발생 개체에 대한 안전 사후처리 방안 구축을 통해 농업 생태계 보존 및 수입 작물 소비자 신뢰 증진, 유전자 이동성 조사 및 효율적 관리를 위한 저감기술을 개발함으로써 LM 유채 제거비용 절감에 도움을 줄 수 있을 것으로 사료된다.

교신저자 E-mail: yih@swu.ac.kr

Guild structure of rice field spiders in Korea

Seung Tae Kim^{pc}

Life and Environment Research Institute, Konkuk University

Spiders play an important role as a predator group in regulating insect pests in the agricultural ecosystem. The abundance and species richness of spider communities in agricultural fields can be as high as in natural ecosystems. A total of 16,510 spiders collected in 5 areas (Cheorwon, Gangwon-do/ Icheon, Gyeonggi-do/ Ulsan/ Buan, Jeollabuk-do/ Haenam, Jeollanam-do) during 2016~2019 in rice fields were identified as 52 species of 16 families. The spider guild as ecological functional group was categorized as eight groups; orb weavers, ambushers, space web builders, stalkers, ground runners, foliage runners, sheet web builders, wandering sheet weavers (Uetz *et al.* 1999). The species richness by each ecological functional group was high in orb weavers and ground runners, the abundance was high in ground runners and wandering sheet weavers. Species richness of each ecological functional group averaged from 0.61±0.16 to 7.02±1.77 and species diversity of that averaged from 0.39±0.27 to 1.16±0.27. Spiders are the most prosperous group of predators in the agricultural ecosystem, and understanding their guild structure according to their ecological function is very important for the active application of useful biological resources for long-term sustainable agriculture.

Acknowledgement: The study was supported by a grant from the Rural Development Administration (RDA) (PJ 01507103) of Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA).

Corresponding author E-mail: stkim2000@hanmail.net

교란현상에 의한 제주 남부 해역의 우점종간 공간 경쟁 모니터링

송병수^P, 문경림, 김태현, 허예진, 박상률^C

제주대학교 해양생명과학과 하구 및 연안생태학 연구실

본 연구는 태풍과 같은 대규모 교란 현상 후, 산호류와 해조류로 구성된 군집의 회복양상과 이를 통해 군집구조의 변화를 알아보고자 하였다. 본 실험의 목적을 달성하기 위해서 제주 토평 해역에 4가지 조건[대조구(Control)와 모든 생물 제거구(All clearing), 산호류만 제거구(Coral removal), 해조류만 제거구(Algae removal)]을 설정하여 각각 영구 방형구 (50 × 50 cm)를 설치하였다. 각 조건의 자료는 2016년 5월부터 2020년 2월까지 매 계절마다 디지털카메라를 이용하여 촬영하였으며, Photoquad를 이용해 피도를 측정하였다. 조건을 설정하기전, 토평 해역에서 해조류는 75.39±4.25%를 점유하고 있으며, 산호류는 31.13±3.62%를 점유하였다. 해조류 중 대형갈조류는 43.5±2.98%, 석회조류는 27.88±2.88%의 피도 값을 보였다. 실험이 진행되는 동안, 2018년 5월에 대형갈조류인 미역이 일부 출현하였으나, 대형갈조류는 모든 실험 조건에서 거의 출현하지 않았으며 석회조류가 우점하였다. 산호류는 모든 실험구에서 증가하였으며, 2020년 2월에 모든 생물 제거구를 제외한 모든 실험구에서 가장 높은 피도 값을 보였다. 이러한 결과는 기후변화로 인해 교란 현상이 제주 해역에서 주기적으로 발생한다면, 대형갈조류는 점차적으로 감소하고 석회조류와 산호류는 증가하여 산호류기반 생태계로 변화할 수 있음을 의미한다.

교신저자 E-mail: srpark@jejunu.ac.kr

제주 연안역의 오염원에 따른 중형저서동물 계절 변동

신아영^{p1}, 김동성^{c1}, 강태욱², 오제혁¹

¹한국해양과학기술원 해양생태연구센터 ²국립공원공단 국립공원연구원 해양연구센터

본 연구에서는 제주 연안역의 오염원에 따른 중형저서동물의 계절 변동을 모니터링하였 다. 오염원은 육상양식장과 구멍갈파래로 구분하여 육상 양식장 인근 지역과 주변에 육상 양식장이 인근에 존재하지 않는 지역(청정지역), 구멍갈파래의 대발생 지역과 구멍갈파래 가 상대적으로 적게 출현하거나 출현하지 않는 지역을 구분하였고, 그 지역의 중형저서동 물 군집의 계절적 변동에 대하여 비교하였다. 현재 우리나라 육상양식장 절반 이상이 제주 도에 집중되어 있다. 그에 따른 영향을 알아보기 위하여 육상양식장 인근 지역과 육상양식 장이 없는 지역의 중형저서동물의 군집 변동을 비교하였다. 더불어 구멍갈파래가 대량 발 생하는 성산 신양해변과 구멍갈파래가 출현하지 않는 협재해변의 중형저서동물의 군집 변 동을 비교하였다. 계절별 조사를 수행하였으며, 채집 장소는 인간의 출입이 거의 없는 지역 으로 선정하여 인위적인 교란을 최소화 하였다. 양식장 인근 지역은 양식장이 존재하지 않 는 지역에 비하여 겨울보다 봄에 서식밀도가 증가하는 경향을 보였다. 최우점하는 분류군 은 양식장 인근 지역에서 해양선충류, 양식장이 존재하지 않는 지역에서 저서성요각류로 나타났다. 값이 높을수록 오염도가 높음을 지시하는 N/C ratio는 양식장이 주변에 존재하지 않는 지역에 비하여 양식장 인근 지역에서 상대적으로 높은 값을 보였다. 구멍갈파래가 대 발생하는 신양해변에 비하여 구멍갈파래가 출현하지 않는 협재해변에서 중형저서동물 군 집의 전체 서식밀도는 더 높은 결과를 나타냈다. 가장 우점하는 분류군은 모두 해양선충류 로 나타났고, N/C ratio는 구멍갈파래 비출현 지역에 비해 구멍갈파래 대발생 지역에서 겨울 과 봄에 높은 값을 보였다.

교신저자 E-mail: dskim@kiost.ac.kr

현장 모니터링 결과를 통한 국내 최적 황소개구리 종분포모델 선정

강희진^{p1}, 박승민¹, 최재혁¹, 박혜린¹, 진홍성² 성하철^{c3}

¹전남대학교 생물과학·생명기술학과 ²전남대학교 수학과 ³전남대학교 생물학과

외래생물은 본래의 원산지 및 서식지가 아닌 곳에 유입된 생물을 의미한다. 이러한 외래 생물들은 새로운 생태계에 유입되어 많은 영향을 끼치고 있다. 그 중 황소개구리(Lithobates catesbeianus)는 새로운 생태계에 많은 영향을 끼쳐 '세계 100대 악성 외래종', '생태계교란 생물'로 지정되어 있다. 최근 많은 연구들에서는 황소개구리를 비롯한 외래생물의 효과적 인 관리를 위해 종분포모델(SDM; Species distribution model)을 활용하고 있다. 종분포모델 은 데이터의 질, 모델의 종류, 다중공선성, 독립적인 변수의 선정 등의 영향을 받는다. 기존 에 수행되었던 황소개구리 종분포모델 연구들은 생물기후변수(Bioclimatic variables), 고도, 토지이용 등의 변수 데이터를 활용하여 진행되었다. 또한 종분포데이터의 일부를 검증데이 터로 사용하여 모델 결과를 검증하였다. 본 연구에서는 종분포데이터의 일부가 아닌 독립 된 현장 모니터링 결과를 바탕으로 Maxent 모델을 기반으로 다양한 변수조합에 따라 생산 된 종분포모델 결과를 비교하여 황소개구리 최적 종분포모델을 선정하고자 하였다. 황소개 구리 분포데이터는 총 2716개 데이터를 사용하였다. 환경변수 데이터는 19가지 생물기후변 수, 고도, 경사도, 하천과의 거리, 호수/저수지와의 거리, 식생지수(NDVI; Normalized difference vegetation index) 총 24가지를 사용하였다. 생산된 종분포모델 결과를 ① AUC (Area Under The Curve)값에 따라, ② 예측값과 실측값(현장 모니터링 결과)의 유사성에 따라 비교 하여 최적 변수조합을 선정하였다. 연구결과, 24가지 변수 모두를 사용한 모델의 AUC값이 0.814로 가장 높게 나타났으며, 예측값과 실측값의 유사성도 24가지 변수 모두를 사용한 모 델에서 가장 높게 나타났다. 이러한 결과는 다양한 변수의 선정과 수집이 종분포모델 결과 에 중요한 영향을 끼칠 수 있음을 보여준다.

사사: 본 연구는 환경부에서 주관하는 생물다양성 위협 외래생물 관리기술 개발사업 (RE201807039)에 지원을 받았습니다.

교신저자 E-mail: shcol2002@chonnam.ac.kr

수생태 최상위 포식자인 강준치(Erythroculter erythropterus)의 생태 특성 및 위해성 평가

김동현^P, 안광국^C

충남대학교 생물과학과

본 연구는 강준치에 대한 예비 연구이다. 강준치는 최근 이입종으로서의 생태교란(예: 낙동강 수계), 개체군의 급증에 의한 상업적 어종 급감, 높은 공간적 서식지 이동으로 확산 우려 심각성, 생태계 먹이사슬 측면에서 강한 육식성의 최상위 포식자(Top Carnivore)인 점, 어획량 측면에서는 경제성이 전무한 점(폐기) 등의 다양한 생태학적, 경제적 문제점을 가지고 있다. 본 연구에서는 수생태 최상위 포식자인 강준치의 생태특성 및 위해성 평가에 대한 예비연구를 수행하였다. 강준치의 서식지, 주요먹이, 전장-체중과의 관계를 규명하였고, 서식지의 이화학적 수질 특성을 분석하였으며, 어류 위해성 평가모델(FISK model)을 이용하여 강준치의 생태 위해성을 평가하였다. 또한 강준치와 공서하는 어류를 이용하여 어종 내성도 길드 및 섭식 길드 분석을 실시하고, 이를 기반으로 FAI(Fish Assessment Index)다변수 모델을 이용하여 생태건강도 평가를 실시하였다. 본 연구는 향후 위해어종 연구 등을 위한 좋은 기초자료로 사용될 수 있을 것이다.

사사: 본 결과물은 환경부의 재원으로 한국환경산업기술원의 생물다양성위협외래생물관리기술개발사업사업의 지원을 받아 연구되었습니다(RE201807019).

섭식특성이 유사한 가는돌고기와 감돌고기 개체군의 이화학적 내성도 및 생태지표 분석

이호성^{p1}, 안광국^{c2}

¹충남대학교 생물학과 ²충남대학교 생물과학과

본 연구는 한강에서 서식하는 가는돌고기(Pseudopungtungia tenuicorpa)와 금강에 주로 서식하는 감돌고기(Pseudopungtungia nigra) 개체군 분포의 이화학적 수질 내성도 및 생태지표특성을 분석하였다. 내성도 평가를 위해 총인(TP), 총질소(TN), 생물학적 산소요구량(BOD), 화학적 산소요구량(COD) 및 총부유물(SS) 농도에 대한 최적범위 및 한계범위를 분석한 결과, 수질항목별로 일부 차이를 보였으나 전반적으로 양호한 수환경을 선호하는 것으로 나타났다. 두 종중 가는돌고기는 감돌고기에 비해 수질오염이 덜된 환경을 선호하는 것으로 나타났다. 두 개체군이 채집된 지점의 생태지표를 분석한 결과 충식종(Insectivores)과 민감종(Sensitive species)의 비율이 높고, 잡식종(Omnivores)과 내성종(Tolerant species)의 비율이 낮게 나타났다. 충식종의 비율이 잡식종 보다 높은 것은 수환경이 양호한 것을 의미하며 환경부 자료와 비교해 본 결과 가는돌고기는 "민감종"으로 자료와 일치하였고, 민감종으로 분류된 감돌고기는 내성도 측면에서 중간종으로 나타났다. 이는 수생태 건강성 평가기준을 결정하는데 중요한 기준이 되는 자료로 사료되며, 이미 선정된 어류의 기준을 검증하는데 중요한 지표가 될 것으로 사료되다.

사사: 본 연구는 한국환경산업기술원 어류생태 및 아미노산 동위원소 분석에 기반한 제품 유해물질 생물축적 연구의 지원을 받아 수행되었습니다(RE202001140).

Influences of lake altitude, surface area and trophic state on waterfowl diversity and abundance in Mongolia

Namsrai Jargal^{p1}, Zoljargal Purewdorj², Onolragchaa Ganbold³, Woon Kee Paek^{c4}, and Kwang Guk An^{c5}

¹Department of Biology, College of Bioscience and Biotechnology, Chungnam National University, South Korea

²Department of Forest & Environmental Resources, College of Agriculture and Life Science, Chungnam National University, South Korea

³Biology Department, Mongolian National University of Education, Mongolia ⁴Daegu National Museum of Korea, Daegu, South Korea ⁵Department of Biology, Chungnam National University, Daejeon, South Korea

In Mongolia, there are many pristine natural habitats, including internationally important wetlands, in particular, Important Birds Areas (IBAs). These habitats support breeding and nonbreeding populations of waterfowl, as well as other wildlife species whose global populations decline rapidly. Unfortunately, we have very limited information on interaction between waterfowl and their habitat variables in Mongolia. Thus, we tried to determine seasonal influences of lake altitude and the surface area (size) on the waterfowl abundance and species diversity in Mongolia. During 2016 - 2018, seventeen species were evaluated from thirty eight lakes. The dominant species were Ruddy Shelduck, *Tadorna ferruginea* (23,317 individuals on 275 points in all lakes), Common Pochard, Aythya ferina(12,072 individuals on 127 points of 32 lakes) and Bar-headed Goose, Anser indicus (11,344 individuals on 115 points of 24 lakes). Species diversity in spring (H'=2.8, SEI=0.93) and fall (H'=2.6, SEI=0.93) were higher than that in summer (H'=2.3, SEI=0.84). In contrast, bird abundance in summer was higher than the other season (d.f.=30.624, ANOVA). Regression analysis of bird diversity and abundance on the altitude showed that there almost was no relationships between the lake altitude and the abundance ($r^2=0.108$, F=4.354), and between the lake altitude and species diversity (r²=00237, F=0.873), while there was slightly relations between the lake size and species diversity (not abundance)($r^2=0.335$, F=4.550 P>0.001). Also lakes with higher trophic status tended to support more waterfowl abundance, especially during the migration seasons.

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

Long-term ecological impacts of massive weir constructions in a Korean watershed on the nutrients and algal dynamics and the ecological health assessments, based on fish multi-metric model

Usman Atique^{p1}, Md. Mamun¹, Seokcheol Kwon¹, and Kwang-Guk An^{c2}

¹Department of Bioscience and Biotechnology, Chungnam National University,
Daejeon 34134, South Korea
²Department of Biology, Chungnam National University, Daejeon 34134, South Korea

The weirs installation in larger rivers is detrimental to the ecosystem, water chemistry and fish assemblages owing to unpredicted modifications in hydrology and microhabitats. This study enlightened the impact of three weirs erected in Geum River, during 2010-2017 in comparison to river zones from upstream to downstream. We studied 19 water quality parameters at 21 sites and fish assemblages at 26 sites. We applied the index of biotic integrity (IBI) and water pollution index (WPI) and elucidated relations between water quality and fish assemblages by principal component analysis (PCA). The results divulged seasonal and spatial heterogeneities indicating gradual water quality degradation. TOC, ambient ratios (N:P), Chl-a and conductivity assorted dissimilarly while BOD, COD, TSS, TP and Fecal coliforms directly influenced by seasonal precipitation. Nutrients (N, P) exhibited week relationships in weirs (GW: $R^2 = 0.21$, SW: $R^2 = 0.12$, BW: $R^2 = 0.25$), but stronger in the upstream zone ($R^2 = 0.74$). WPI exposed the weirs and river zones into 'fair to very poor' water quality. Likewise, biological health based on IBI designated sites into 'fair to poor' health. Overall, 60 fish species and 64637 fish individuals observed with 81.24% individuals observed at the weir sites. Squalidus japonicus coreanus (18.47 % RA) and Hemibarbus labeo (9.25 % RA) were relatively the most abundant fish species sampled. The number of fish species and total number of individuals gradually declined along the river gradient. PCA grouped the dominant factors in the different zones of the river with percent cumulative variance 81.80%. The tolerant and omnivorous fish species confirmed aggregations in the downstream zone accompanied by negative increase in insectivorous species. In conclusion, the impacts of weir installation manifested assiduously and indicted increasingly deteriorating water chemistry, gradually declining fish assemblages with jumbled distribution, perturbed microhabitat conditions and inclusively deteriorating ecological health status.

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

북한산국립공원에서 산림경관 평가지표를 이용한 서식지 연결성(Habitat Connectivity) 분석

김정은^{P1}, 안광국^{c2}

¹충남대학교 생물학과 ²충남대학교 생물과학과

본 연구에서는 북한산국립공원을 대상으로 경관 구조와 기능에 영향을 미치는 평가지표를 국내·외 문헌조사를 통해 선정한 후 등산로에 의해 구획화된 구간을 GIS-기반 서식지 파편화 분석(Habitat Fragmentation Analysis)을 실시하였다. 서식지 연결성의 훼손정도는 인위적 교란요인과 서식지 기능적 측면의 요인을 추가하여 구간별로 분석을 수행한 후 지도화(Mapping)하여 평가를 실시하였다. 종합적 분석결과에 따르면, 등산로에 의해 구획화된 패치에 대해 가장자리를 중심으로 산림 훼손이 진행되고 있으며, 북쪽의 의정부 지역과 탐방로 밀도가 높은 도봉산 인근이 파편화 비율이 높아 서식지 연결성이 심하게 훼손된 것으로 나타났다. 집단시설물이 위치한 공원 경계부나 북한산성 분소 인근 지역은 인위적 교란에 의한 자연성 훼손이 심각한 수준으로 평가되었다. 도로에 의한 파편화 분석에 따르면, 서울외곽순환고속도로가 위치하고 있는 송추분소와 사패산 인근 지역에서는 서식지 연결성이 극히 악화된 것으로 분석되었다. 지형습윤지수를 이용한 서식지 안정성 분석에 따르면, 북한산 도봉분소와 시루봉 인근 지역에서 가장 양호한 상태로 나타났다. 본 연구 접근기법은 향후 목표종의 생태특성을 고려한 생물종 복원이나 서식지 관리 측면에서 우선관리지역을 도출하고, 교란된 서식지에 대한 관리 우선지역 선정시 핵심 기초자료를 제공할 수 있을 것으로 보인다.

생태계 교란종인 배스와 블루길의 이화학적 수질에 따른 분포 양상 및 생태지표 특성 분석

김지윤^P, 안광국^C

충남대학교 생명과학과

본 연구는 배스와 블루길 개체군의 상대풍부도를 알아보고, 4 대강 수계(한강, 금강, 낙동 강. 영산-섬진강)에서 다양한 이화학적 수질 변수에 따른 두 개체군의 분포 양상 및 생태 특 성을 분석하여 각 개체군과 수생태계 건강성을 나타내는 생태지표와의 상관성을 분석하였 다. 수질 변수에 따른 배스 개체군(M_s)과 블루길 개체군(L_m)의 상대풍부도의 변화를 분석한 결과, 배스와 블루길 개체군 모두 각각의 수질 변수 값들에서 넓은 범위 에 걸쳐 분포하였다. 특히 두 개체군 간의 수질 변수 값은 Conductivity에서만 통계적으로 유의한 차이를 보였으 며, 대부분 통계적으로 유의한 차이를 보이지 않았다. 평균 TP 농도는 M。 개체군과 Lm 개체 군에서 각각 140 ugL⁻¹, 160 ugL⁻¹으로 나타나 L_m 개체군이 더 높았으며, 환경부 TP기준에 의 거할 때 Ⅲ (보통)등급으로 나타났다. BOD의 경우 Ms 개체군과 Lm 개체군의 평균값이 각각 2.63 mgL⁻¹, 2.91 mgL⁻¹으로 L_m 개체군이 높았다. COD의 경우, Ms 개체군과 L_m 개체군의 평 균값이 각각 6.15 mgL⁻¹, 6.66 mgL⁻¹으로 L_m 개체군이 높았다. 섭식길드를 분석해 보았을 때, 배스의 상대풍부도가 증가함에 따라 충식성 비율은 감소하였으며(R²=0.06, p<0.01), 잡식성 비율도 감소하였다($R^2=0.13$, p<0.01). 또한 블루길도 상대풍부도가 증가함에 따라 충식성 비 율이 감소하였으며(R²=0.04, p<0.01), 잡식성 비율도 감소하였다(R²=0.25, p<0.01). 두 종의 상대풍부도에 따른 내성길드를 분석해 보면, 배스 개체군의 상대 풍부도가 증가함에 따라 민감종 비율은 감소하였으며(R²=0.11, p<0.01), 내성종 비율은 증가하였다(R²=0.04, p<0.01). 또한 블루길 개체군도 상태 풍부도가 증가함에 따라 민감종 비율은 감소하고(R²=0.01, p<0.01), 내성종 비율은 증가하였다(R²=0.06, p<0.01).

사사: 본 결과물은 환경부의 재원으로 한국환경산업기술원의 생물다양성위협외래생물관리기술개발사업사업의 지원을 받아 연구되었습니다(RE201807019).

도심하천(갑천)에서 러버보(Rubber Weir)의 건설에 따른 수질 및 어류 생태특성 변화

이영환^P, 김창해, 안광국^c

충남대학교 생물과학과

대전 도심지역에 위치한 갑천 하류 역에서는 시민의 레저활동 및 경관을 위해 1993년 러 버보(rubber weir)를 건설하였고, 그 후 16년 후인 2009년에 이 보를 대전천과 갑천이 합류되는 지점에 이동시켜 재건설하였다. 본 연구에서는 러버보 상류구간(W_U)과 하류구간(W_D)을 대상으로 1995~2018년동안 장기간의 이화학적 수질 변동을 모니터링하였다. 이용된 변수는 생물학적 산소 요구량(BOD), 화학적 산소 요구량(COD), 총질소(TN), 총인(TP), 엽록소 a(CHL-a)였다. W_D 에서는 TP 및 TN의 급격한 감소가 있었고 W_U 에서는 CHL-a 농도의 극명한 감소 현상을 보였다. 보의 건설 시 일반적으로 수체류시간이 증가하고 이런 경우 영양염류(N, P) 유입에 따른 녹조(CHL-a)의 변화가 불가피하며, 이런 변화는 생태계의 최상위 소비자인 어류군집구조에 영향을 주는 것으로 알려져 있어, 어류의 종조성, 섭식·내성도 길드 특성, 어류 군집 구조 및 어류 다변수 모델(multi-metric model)을 이용한 생태건강도 분석을 실시한 후 수질 특성과 비교 분석을 실시하였다.

사사: 본 결과물은 환경부의 재원으로 한국환경산업기술원의 생물다양성위협외래생물관리기술개발사업사업의 지원을 받아 연구되었습니다(RE201807019).

민물거북 행동권 연구를 위한 위성추적의 효용성

최재혁^{p1}, 김하승², 이세형², 구교성³, 성하철^{c2}

¹전남대학교 생물과학생명기술학과 ²전남대학교 생물학과 ³이화여자대학교 에코과학부

행동권은 종이 일반적인 활동을 하는 공간으로 행동권을 이해하는 것은 종의 생태를 이해 하는데 필수적인 요소이다. 행동권을 파악하는 효율적인 방법에 무선추적과 위성추적이 있 다. 무선추적은 개체에 추적기를 부착한 후 수신기와 안테나를 통해 개체의 위치를 파악하 는 방법이며, 위성추적은 개체에 추적기를 부착한 후 인터넷을 통해 개체의 위치가 기록되 는 방법이다. 민물거북 행동권 연구는 대부분 무선추적을 통해 진행됐으며, 위성추적을 이 용한 연구는 부족한 실정이다. 본 연구에서는 민물거북 행동권 연구에서 무선추적과 비교 하여 위성추적의 효용성을 파악하였다. 연구지역은 전남대학교 용지이며, 2019년 10월부터 12월 초까지 진행하였다. 대상 종은 리버쿠터(Pseudemys concinna)이며, 무선추적기(BD-2, 2.2g, HOLOHIL, CA)와 위성추적기(WT-300 Mallard, 26.2g, KoEco, Korea)는 거북의 2-3번째 척추갑판에 부착하였다. 무선추적은 매주 월·수·금요일마다 3회 위치를 확인하였으며, 위 성추적은 정시마다 1번씩 신호를 받아 위치 데이터를 얻을 수 있도록 설정하였다. 획득한 위 치 데이터는 MCP (minimum convex polygon)와 FK (fixed kernel) 방법을 이용하여 행동권을 형성하였다. 무선추적 결과 82개, 위성추적 결과 294개의 좌표를 획득하였다. MCP에서 행 동권 면적은 무선추적에서 5,787.4m², 위성추적에서 7,319.0m²로 나타났다. FK 방법은 10%, 50%, 95%로 나눠서 진행됐으며, FK에서 행동권 면적은 무선추적에서 527.7m², 3,516.8m², 12,209.2m², 위성추적에서 174.9m², 1,435.2m², 8,860.1m²로 나타났다. 위성추적 면적을 기준 으로 서로 겹치는 면적의 비율은 MCP에서 77.8%, FK에서 98.0%, 66.0%, 93.4%로 나타났다. 민물거북 행동권 연구에 이용되는 무선추적과 비교했을 때, 위성추적은 행동권 측면에서 유사한 결과가 나타났다. 이러한 결과는 위성추적이 민물거북의 행동권 연구에 이용될 수 있음을 보여준다.

사사: 본 연구는 환경부에서 주관하는 생물다양성 위협 외래생물 관리기술 개발사업 (RE201807039)에 지원을 받았습니다.

교신저자 E-mail: shcol2002@chonnam.ac.kr

제주도 토끼섬 해역 내 자생하는 보호대상해양생물인 거머리말(Zostera marina)의 생육지 변동과 현황

김태현^P, 문경림, 박상율^C

제주대학교 해양생명과학과 하구 및 연안생태학 연구실

해양자산의 지속적인 이용 가능성을 확보하면서 무분별한 개발행위로부터 해양생태계 를 보호하기 위해 해양생태계보호구역을 설정하였으며, 제주도는 2곳(문섬, 토끼섬)의 보 호구역을 설정하여 운영하고 있다. 이 중, 토끼섬 해역에 보호대상종인 거머리말이 생육하 고 있으나, 이에 대한 생태적 기본 자료가 거의 보고되지 않았다. 이번 연구는 제주도 토끼섬 해역에 자생하는 거머리말(Zostera marina) 생육지 면적, 환경 요인과 생물학적 특성을 파악 하고자 진행되었다. 토끼섬 해역 내 거머리말 생육지 면적을 측정하기 위해서 GPS를 이용 해 좌표를 조사하고, 이를 Google Earth Pro를 이용해 면적을 측정하였다. 생육지 내 환경 요 인으로 염도, pH, 수온, 수중광량과 해수와 퇴적물 공극수 내 영양염(NH4+, NO3+ + NO2+와 PO₄³⁻)농도를 측정하였으며, 거머리말의 외부 형태적 특성, 밀도, 생체량과 생산성을 2015년 과 2019년에 매달 측정하였다. 거머리말 생육지의 면적은 2019년 10월 14,026 m²로 관찰되 었는데, 이는 2015년 4월에 측정된 4,438 m²보다 약 3배정도 증가하였다. 2015년과 2019년에 측정된 염도, pH, 수온과 수중광량은 유의한 차이를 보이지 않았다. 그러나 거머리말의 전체 길이, 엽초 길이, 잎의 너비와 개체 당 잎의 수는 2019년이 2015년보다 낮게 관찰되었다. 또 한, 잘피 잎의 생산성과 전체 생체량도 2019년이 2015년 보다 낮게 관찰되었다. 토끼섬 해역 의 해양보호구역 지정이 거머리말 생육지의 면적 증가에 영향을 미친 것으로 보이나. 한정 적인 생육 공간으로 인해 거머리말의 외부 형태적 특성과 생체량과 생산성이 감소된 것으로 사료된다. 따라서 거머리말의 생육지 변동과 개체군의 건강 상태를 조사하기 위해 장기적 이고 주기적인 조사가 필요하다.

교신 저자 E-mail: srpark@jejunu.ac.kr

한국산 양서류 3종의 연도별 그리고 지역별 산란시기의 차이

권세라^{p1}, Amaël Borzée², 구교성³, 장이권^{c1}

¹이화여자대학교 에코크리에이티브 협동과정 ²Laboratory of Animal Behaviour and Conservation, College of Biology and the Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing, People's Republic of China

³이화여자대학교 에코과학연구소

지구 온난화로 대표되는 기후변화의 영향으로 생물군집과 그들의 생물계절이 변화하고 있다. 따라서 환경변화에 따른 종의 반응을 관찰하고 이해하는 것은 기후변화의 영향을 예상하고, 그에 대응할 수 있다는 점에서 매우 중요하다. 양서류는 주변 환경 변화에 민감하기 때문에 기후변화에 따른 영향을 직접적으로 받는다. 특히, 폭발적인 번식자(Explosive breeder)로 분류되는 종들의 경우, 기후변화가 번식시기의 변동으로 이어질 가능성이 있다. 본 연구에서는 전국적으로 분포하는 양서류 3종(두꺼비 Bufo gargarizans, 도롱뇽 Hynobius leechii, 산개구리 Rana uenoi)의 산란시기를 연도별로 그리고 지역별로 연구하였다. 우리는 2016년부터 2019년까지 전국 27개 지역을 대상으로 양서류 3종의 산란시기를 각 종의 첫산란일(First spawning date)과 최다산란일(Peak spawning date)을 누적일수(Julian date)로 기록하였다. 첫 산란일(n=4)과 최다 산란일(n=4)은 산개구리가 평균 58.1±20.0일과 67.0±14.7일로 가장 빨랐고, 두꺼비(73.7±8.3, 74.8±7.7), 도롱뇽(75.5±12.3, 81.8±13.3) 순이었으며, 종 간에 유의미한 차이를 보였다. 다른 2종의 양서류와는 달리 도롱뇽의 첫산란일과 최다산란일은 지난 4년간 점차 늦어지는 경향을 보였다. 지역에 따른 첫산란일과 최다산란일의 차이는 산개구리에서만 그 경향성이 뚜렷했으며, 고위도 그리고 동쪽으로 갈수록 늦어지는 경향이 있었다.

사사: 본 연구는 농촌진흥청의 지원을 받아 수행되었습니다(PJ015071).

교신저자 E-mail: jangy@ewha.ac.kr

영산강 중류 인공보 건설에 따른 이화학적 수질 및 어류군집 변화

이효준^P, 김정은, 안광국^c

충남대학교 생명과학과

본 연구에서는 영산강 중류 인공보 건설에 따른 수질 및 어류군집 영향을 분석하기 위하여 보가 건설되기 전인 2010년부터 수체류 시간이 급격히 증가한 2016년까지 수환경 변화에 대한 진단 및 생태교란 특성을 분석하였다. 인공보 건설 후 수온, 용존산소(DO), 클로로필 (Chl-a)은 뚜렷하게 증가하였고, 질소 (TN, NO3—N, DTN), 인(TP, DTP) 및 전기전도도(EC)는 감소하였는데, 이들의 변화는 보 건설에 의한 수위 상승 및 수체류 시간 증가에 의한 영향으로 분석되었다. 보 건설 초기(2010~2014년)에 여울성 어류인 피라미는 36~49%로 우점 하였으나, 보 건설 후 중반기간(2015~2016년)에는 정수역을 선호하는 블루길(생태교란종)이 38~41%로 우점하며 피라미 우점현상이 사라졌다. 한국 고유종은 전체어종 중 4.6~13.4%로 나타났고, 보 건설 후 내성종의 비율이 증가하였으며, 보 위치와 가까울수록 증가 비율이 큰 것으로 나타났다. 반면, 어류섭식 특성은 2015년 이후 우점한 블루길로 인해 충식종 우세현 상을 보였으나 이는 외래종에 의한 증가로서 생태계는 오히려 악화되었음을 나타낸다. 본연구는 연속적 영산강의 중류부에 4대강 사업의 일환으로 건설된 인공보가 물리적·생태적단절요인이 됨과 그에 대한 어류 생태특성을 비교·분석한 논문으로, 향후 중·장기적인 영산강 수환경 변화에 중요한 자료가 될 것으로 사료된다.

Long-term effects of passive integrated transponder tags in Far Eastern catfish, *Silurus asotus*

In-Seok Parkpc

Division of Marine Bioscience, College of Ocean Science and Technology, Korea Maritime & Ocean University, Busan 49112, Korea

The aims of this study were to determine the most suitable site and the histological responses to passive integrated transponder (PIT) tags inserted into three sites in Far Eastern catfish, *Silurus asotus*. During the experimental period, the tag retention rate and readability rate were greater for dorsal tags than for abdominal cavity or tail tags (P < 0.05). The standard length, body weight, growth rate (GRW), condition factor (CF), and specific growth rate (SGR) were not significantly different among the experimental groups (all P > 0.05). GRW and SGR were lower in the winter than in the other season (P < 0.05). In fish with abdominal tags, the tag was located in abdominal fat (in 60% of fish), around the kidney (15%), outside the air bladder (15%), or inside the air bladder (10%). Fibroblasts and a fibrous capsule were found in the tag site, but not in the epidermis. Melanopores and mucous cells were only found in the epidermis, and the area of mucous cells was larger than that of other cells in the epidermis. Based on the high rates of tag retention, readability, and survival, our results suggest that the dorsal muscle is the most favorable tag site for selective breeding systems of Far Eastern catfish.

Corresponding author E-mail: ispark@kmou.ac.kr

Anaesthetic efficacy and physiological responses of clove oil on juvenile and adult red spotted grouper, *Epinephelus akarra*

In-Seok Parkpc

Division of Marine Bioscience, College of Ocean Science and Technology, Korea Maritime & Ocean University, Busan 49112, Korea

Ten juvenile specimens (Standard length: 9.1 ± 1.78 cm; Body weight: 14.3 ± 4.21 g; mean \pm SD) and ten adult specimens (35.1 \pm 5.92 cm; 1044.5 \pm 149.63 g) of red spotted grouper, Epinephelus akarra were individually exposed to each anesthetic concentration (25, 50, and 75 ppm) and different water temperatures (20°C, 24°C, and 28°C). Exposure times of all samples were decreased when the concentration of clove oil was increased. Regarding the exposure time of juvenile and adult at 20°C, juvenile samples were anesthetized 1.4 - 1.7 times faster than adult samples. At 24°C, juvenile samples were anesthetized 1.3 - 1.6 times faster than adult samples. At 28°C, juvenile samples were anesthetized 1.1 - 1.2 times faster than adult samples. Compared the water temperature in the anesthetic as temperature rose to 28°C (20°C, 24°C and 28°C), a time of 1.2 - 1.3 times was decreased in the all anesthetic concentration. Recovery time for juvenile and adult showed the similar tendency at all anesthesia temperatures (20°C, 24°C, and 28°C). When the concentration of clove oil was increased (25 ppm to 75 ppm), the recovery time was shorter. Thus, the lowest concentration needed the longest anesthesia time and recovery time, while the highest concentration had the fastest anesthesia time and the recovery time. When the recovery time at different water temperatures was compared, juvenile samples took 1.1 - 1.3 times longer recovery time than adult samples at all temperatures. Plasma cortisol concentrations at each temperature was increased as time elapsed, reaching the peak level at 12 hrs after exposure to clove oil. They were then decreased from 12 hrs to 48 hrs after exposure to clove oil in both juvenile and adult samples. They were then recovered after another 48 hrs. Plasma cortisol concentrations at high water temperatures (24°C and 28°C) were slightly but significantly (P < 0.05) higher than those at low water temperature (20°C) in all samples. Juvenile and adult had the similar ratio of exposure time to recovery time at each temperature. The time ratio at 28°C was slightly larger than that at other temperatures at 25 or 50 ppm. Overall, juvenile samples had larger time ratio than adult samples at all temperatures and concentrations.

Corresponding author E-mail: ispark@kmou.ac.kr

국내 과수화상병(fire blight) 분리주들의 유전적 다양성 분석 방법 구축

유화연^{p1}, 정은지¹, 송선경¹, 김성환², 남문^{c1}

¹지노타입(주) ²단국대학교 생명과학부

과수화상병이 국내 2015년에 처음 보고된 이후 지속적으로 발생하고 있다. Erwinia amvlovora 병원균에 의해 발생하는 과수화상병은 주로 장미과 작물에서 발생하고 식물의 조직이 검거나 붉게 마르는 증상을 보이며 겨울철에는 농양이 발생한다. 이 질병을 발생시 키는 병원균은 국내 과수 농가에 막대한 피해를 발생시키므로 발병 초기에 신속하게 진단할 수 있는 방안을 마련해야 한다. 또한, 이 병원균은 국가에서 지속적인 관리가 필요한 검역균 으로 지정되었기에 다양한 연구가 진행되어야 한다. 과수화상병균의 유전적 다양성을 조사 하기 위해 전세계적으로 CRISPR (Clustered regularly interspaced short palindromic repeats) 또 는 VNTR (variable number tandem repeat) 등의 분석 방법이 사용되고 있으며, 국내에서도 여 러가지 방법을 통해 유전적 다양성을 확인하고 있다. 본 연구는 2017년부터 2018년까지 수 집된 266개의 과수화상병 분리주을 대상으로 다양성 분석을 수행하였다. 유전체 분석은 차 세대염기서열분석방법인 NGS 시퀀싱을 통해 과수화상병균의 전체 유전체 서열을 확보하 였으며, genome-wide SNP를 통해 병원체의 다양한 분석 방법을 진행하였다. 과수화상병균 의 게놈은 약 3.8Mb 정도의 크기를 가지고 있으며 본 연구에서 확인된 화상병균의 경우 전 체 게놈 내에서 544개의 SNP를 가지고 있을 정도로 유전적 다양성이 매우 적은 것으로 나타 났다. 전체 SNP 마커 좌에서 SNP 필터링 방법을 통해 최종 111개의 SNP 마커를 선발하였으 며 주성분분석(PCA), Genetic Structure, phylogenetic tree 분석 등 여러가지 기법을 통해 유전 적 다양성을 조사하였다. Genome-wide SNP 마커를 이용한 과수화상병 집단의 유전적 다양 성 분석은 국내 뿐 아니라 국외 균주들과의 유전적 차이 및 관계 등의 연구에 매우 중요한 정 보를 제공할 것으로 기대된다.

교신저자 E-mail: moonlit51@xenotype.co.kr

사방댐이 연속적으로 설치된 산지계곡의 장마 전·후 저서성 대형무척추동물 군집 비교

안채희^p, 한중수, 최준길, 이황구^c

상지대학교 생명과학과

본 연구는 3개의 사방댐이 연속적으로 설치된 산지계곡을 대상으로 장마 전·후 저서성 대형무척추동물 군집에 미치는 영향을 파악하고자 하였다. 조사시기는 2019년 3월부터 9월까지 총 4회 조사를 실시하였다. 조사지점은 강원도 원주시를 대상으로 실시하였으며, 불투과형 사방댐 3개가 연속적으로 설치된 지역과 투과형 사방댐 3개가 연속적으로 설치된 지역을 선정하였다. 또한, 사방댐을 기준으로 상류 2지점, 하류 2지점 총 8지점을 선정하여 조사를 실시하였다. 유속은 불투과형, 투과형 모두 대부분의 지점에서 증가한 것으로 분석되었으나, 불투과형의 사방댐 하류지점은 장마 이후 감소한 것으로 분석되었다. 저서성 대형무척추동물 종수 및 개체수는 대부분의 지점에서 장마 이후 감소하는 것으로 분석되었으며, 투과형이 불투과형보다 상대적으로 종조성의 변화가 적은 것으로 분석되었다. 지점별 유사도분석은 불투과형, 투과형 모두 장마 이전이 장마 이후보다 유사성이 높은 것으로 분석되었다. 1개의 사방댐이 설치된 지역과 3개의 사방댐이 설치된 지역의 유속, 종수, 개체수, EPT 그룹을 분석한 결과, 3개의 사방댐이 1개의 사방댐보다 장마 이후 변화가 적은 것으로 분석되었다.

교신저자 E-mail: morningdew@sangji.co.kr

과거 문헌을 통한 동천 하구습지 일대에 대한 보전방안 연구

한중수^P, 안채희, 이황구^C

상지대학교 생명과학과

순천만은 2003년 12월 국토해양부에서 습지보호구역으로 지정하였으며, 2006년 1월에는 국내 최초로 Ramsar 협약에 등록되어 보호 및 관리되고 있다. 이러한 순천만에는 저서생물 과, 조류, 염생식물 등 다양한 생물이 서식하고 있으며, 특히 멸종위기야생생물 Ⅱ 급으로 지 정된 붉은발말똥게 및 국제적 희귀조류인 흑두루미(천연기념물 제 288호) 등의 철새가 월동 하는 주요 서식처로 알려져 있다. 과거 흑두루미는 1996년 59개체가 확인되었으나. 이후 지 속적인 관리 및 인위적 먹이원 공급 등의 서식처 조성을 통해 2012년~2013년에 600여 개체 가 월동하는 것으로 확인되어 순천만 일대 보전활동이 철새들의 서식에 긍정적인 영향을 미 친 것으로 판단된다. 하지만 인구 증가, 생태관광지 탐방에 따른 행락객의 증가, 비점오염원 유입 등의 인위적 교란이 증가함에 따라 순천만 및 유입하천, 습지에 서식하는 생물들에게 부정적인 영향을 미치고 있는 실정이다. 순천만으로 유입되는 주요하천인 순천동천은 순천 서천, 석현천, 옥천, 이사천, 해룡천이 합류하는 하천으로 하구역 생태계 정밀조사. 건강성 평가 등 다양한 모니터링 및 연구가 진행되었다. 순천동천의 BOD(mg/L), T-N(mg/L), T-P(mg/L)는 1996년에 비해 2019년에 양호한 상태를 나타내는 것으로 분석되었으나. 비점 오염원으로 인한 지속적인 유기물의 유입이 발생하고 있는 것으로 판단된다. 따라서 본 연 구는 과거 문헌을 통해 동천 하구습지 일대를 대상으로 생물다양성 현황 및 보전방안에 대 한 기초자료를 제공하고자 수행되었다.

교신저자 E-mail: morningdew@sangji.ac.kr

강우에 따른 사방댐 유형별 유속 및 저서성 대형무척추동물의 군집 변화

현재빈^P, 한중수, 안채희, 최준길, 이황구^c

상지대학교 생명과학과

사방댐은 계류하천에 설치하여 집중강우로 인한 홍수발생시 내려오는 산사태 및 토석류 를 저지하여 하류지역의 피해를 예방하기 위한 구조물이다. 사방댐은 건설 재료와 시공목 적에 따라 형식과 유형이 구분되며, 크게 투과형과 불투과형으로 나뉜다. 투과형 사방댐에 는 슬리트, 버트리스, 그리드 사방댐 등이 해당하며, 불투과형 사방댐에는 콘크리트, 전석 사 방댐 등이 있다. 과거 불투과형 사방댐의 설치가 주로 이루어지고 있었으나. 최근에는 수중 생물의 이동 단절에 대한 문제가 제기됨에 따라 투과성 사방댐이 주로 설치되고 있다. 본 연 구는 사방대 유형별 강우로 인한 유속 변화와 저서성 대형무척추동물 군집에 미치는 영향을 파악하기 위해 원주시와 횡성군에 설치되어 있는 투과형 사방댐(슬리트, 버트리스)과 불투 과형 사방댐(콘크리트, 전석)을 조사하였으며, 사방댐이 설치되어 있지 않은 대조구간(자연 형)을 선정하여 조사를 수행하였다. 조사지점은 사방댐을 기준으로 사방댐의 영향을 받을 것으로 예상되는 상방(St. 1)과 하방(St. 2) 그리고 사방댐의 영향을 받지 않는 하류(St. 3) 구 간으로 구분하였다. 현지조사는 2019년 6월부터 9월까지 총 3회 실시하였다. 조사결과 저서 성 대형무척추동물은 총 5문 6강 12목 47과 93종 19.601개체가 출현하였으며, 상대적으로 슬 리트 사방댐에서 가장 다양한 65종이 출현하였다. 유속의 변화가 가장 큰 것으로 확인된 사 방댐의 하방은 강우 전 유속에 비해 버트리스는 166.67%, 슬리트 42.86%, 전석 30.30%, 콘크 리트 12.50%로 강우 후 유속이 증가하였으며, 사방댐이 설치되어 있지 않은 대조지점의 경 우 강우 후 유속이 64.00% 증가한 것으로 확인되었다. 따라서 불투과형 사방댐(콘크리트. 전 석)에 비해 상대적으로 투과형 사방댐(슬리트, 버트리스)의 유속 증가 폭이 큰 것으로 나타 났다. 또한 다양한 저서성 대형무척추동물이 출현한 슬리트 사방댐이 강우에 따른 유속 변 화율이 대조구간(자연형)과 가장 유사한 것으로 확인되었다.

교신저자 E-mail: morningdew@sangji.ac.kr

문헌 비교를 통한 청계천 어류의 서식현황 분석

왕주현¹, 고민섭², 최원섭², 안채희², 이완옥², 최준길², 이황구^{c2}

¹상지대학교 환경공학과 ²상지대학교 생명과학과

청계천은 환경 친화적인 도시 공간 조성을 위해 2003년 7월부터 2005년 10월까지 복개 구 간인 약 5.8km를 복원하였다. 복원된 청계천의 하천 유량은 자양취수장에서 취수한 물과 주 변 지하수를 이용하여 유지되고 있으며, 수질 관리 및 서식환경 개선을 위한 다양한 관리방 안이 수행되고 있다. 본 연구는 청계천 상류에서 하류까지 어류 종 조성 및 하천 건강성 평가 를 통해 현재 청계천에 서식하고 있는 어류 서식현황을 파악하였다. 서식처 현황 및 어류 종 조성 파악을 위해 2019년 4월부터 10월까지 청계천 내 6개 정점에서 3회 조사를 실시하였다. 서식처 현황 조사결과 청계천의 상류구간(St. 1, 2, 3)은 하류구간(St. 4, 5, 6)에 비해 상대적으 로 수심이 얕고 유량이 부족한 것으로 조사되었으나, 인공적으로 조성되어있는 폭포, 분수, 여울과 미소서식처(석축, 돌무더기, 수생식물, 수변식생) 및 피난처 등 다양한 서식환경이 조성되어 있는 것으로 확인되었다. 어류상 조사결과 총 8과 27종 2,045개체(29,901.1g)가 채 집되었다. 지점별 종수 및 개체수 분석결과 St. 1에서 19종 603개체로 가장 다양한 종수 및 개 체수가 채집되었으며, 상대적으로 상류구간(St. 1, 2, 3)에서 종수 및 개체수가 풍부한 것으로 나타났다. 청계천의 경우 상류구간은 하류에 비해 유폭과 유량은 적으나, 다양한 미소서식 처 및 수관(canopy)이 잘 발달되어 있어, 하류 구간에 비해 다양한 어류가 서식하는 것으로 판단된다. 기존 청계천에서 수행한 연구 자료를 이용하여 어류상을 비교분석한 결과 다양 한 외래어종 및 이입종이 지속적으로 유입되고 있는 것으로 확인되었다. 본 연구에서도 다 양한 외래어종(비단잉어, 금붕어, 골든알지이터, 배스) 및 기존연구에서 보고되지 않았던 쉬리가 확인되어 새로운 종이 지속적으로 유입되고 있는 것으로 판단되며, 외래어종과 이 입종에 대한 지속적인 관리가 필요할 것으로 사료된다.

교신저자 E-mail: morningdew@sangji.ac.kr

Changes of co-cultured bacteria in the cryopreservation of *Trichormus* variabilis using alginate beads

Mirye Park¹, Minseok Kim², Tansol Park³, and Chang Soo Lee^{pc1}

¹Nakdonggang National Institute of Biological Resources, Microbial Research Department, Algae Research Team ²Chonnam National University, Department of Animal Science, College of Agriculture and Life Sciences

³Department of Agriculture-Agricultural Research Service, U.S. Dairy Forage Research Center, USA

Co-cultured bacteria and their changes in the cryopreservation can be important for the successful maintenance of microbial culture collections. In this study, research on the changes in co-cultured bacterial community structure during cyanobacterial cryopreservation were investigated under three different experimental groups: 1) cultured *Trichomus variabilis* without cryopreservation (control group), 2) cultured *T. variabilis* after cryopreservation in 10% dimethyl sulfoxide (cryo-cell group), and 3) cultured *T. variabilis* after cryopreservation in 10% Me2SO within alginate beads (cryo-bead group). NGS results showed that the abundances of *Sphingomonas* and *Hydrogenophaga* were significantly increased in the cryo-bead group. However, the abundance of the phylum *Bacteroidetes* was significantly decreased in the cryo-bead group compared to that in other groups. Bacterial diversity was generally reduced after cryopreservation in the cryo-bead group, where an overgrowth of unique bacteria was observed in the co-cultured bacterial community. These results implied that changes of co-cultured bacteria should be considered as an important factor for the development of methods for cyanobacterial cryopreservation.

Corresponding author E-mail: cslee@nnibr.re.kr

Holocene paleoenvironmental changes and characteristic of diatom distribution in Upo Wetland of Korea

Dae Ryul Kwon^{p1}, Jin Young Lee³, Ho II Lee³, Jae Soo Lim³, Mi Rye Park¹, Suk Min Yun², and Sang Deuk Lee^{c1}

¹Algal Research Team, Nakdonggang National Institute of Biological Resources (NNIBR) ²Exhibition Division, Nakdonggang National Institute of Biological Resources (NNIBR) ³Geology Division, Korea Institute of Geoscience and Mineral Resources (KIGAM)

Upo Wetland is the largest riverine wetland in Korea which has been inscribed on the Ramsar List of Wetlands of International Importance in 1998. In this study, sedimentological study was carried out in order to understand the environmental changes in Upo Wetland during the Holocene. The drilling work for recovering the Quaternary sediments was conducted on the inner part (UPW17-01, UPW17-02, and UPW17-03) and the outer part (UPL17-01, UPL17-02) of the Upo Wetland. The recovered sediments are commonly characterized by gravel-dominated deposits in the lower part and silty clay-dominated deposits in the middle to upper parts respectively, which are seemed to be changed from fluvial to palustrine/lacustrine environments around 4,000 cal yr BP. In order to establish the Holocene diatoms distribution from Upo Wetland, we identified 63 diatom taxa. Of these, 14 species were new records for Korea: Gomphonema consector, Gomphonema jadwigiae, Hantzschia abundans, Luticola pseudomurrayi, Luticola spauldingiae, Neidium suboblongum, Ninastrelnikovia gibbosa, Oricymba rhynchocephala, Pinnularia borealis var. lanceolata, Pinnularia latarea, Pinnularia paliobducta, Pinnularia saprophila, Sellaphora laevissima, Stauroneis pseudoschimanskii. All identified diatom species are illustrated by high-quality scanning electron microscopic and light microscopic microphotographs. The ecological habitat for all taxa are presented.

Corresponding author E-mail: diatom83@nnibr.re.kr

Microbial community structure of cyanobacterial bloom in the Yeongju Reservoir during winter season

Mirye Park^p, Daeryul Kwon, Seungwon Nam, Sang Deuk Lee, Z-Hun Kim, and Chang Soo Lee^c

Nakdonggang National Institute of Biological Resources(NNIBR) Microbial Research

Department, Algae Research Team

Freshwater algal blooms are frequently caused by cyanobacteria such as *Microcystis* and Anabaena under the conditions of increased nutrient and prolonged light in aquatic systems. It may produce toxins and lead to serious public health risk. Recently, cyanobacterial blooms in artificial reservoirs have been observed during the winter season in South Korea. The occurrence of cyanobacterial blooms was investigated in the Yeongju Reservoir during the winter season of 2019 using the next-generation sequencing (NGS). Microbial community structure of 2 sampling sites were analyzed, where one sites for a non-blooming point and the other for a blooming point in the Yeongju Reservoir. Based on the analysis from over 130,000 reads, operational taxonomic units (OTUs) belong to the genus *Microcystis* amounted for 1% in the blooming point, while they were not found from the non-blooming point. Bacteroidetes was the most abundant phylum in the blooming point (blooming point: 60.1%, non-blooming point: 38.5%). Porteobacteria was the most dominant phylum in the non-blooming point (blooming point: 36.7%, non-blooming point: 58.2%). Actinobacteria, Planctomycetes, and Verrucomicrobia were absent in the blooming point but they were observed from the non-blooming point. Especially, Firmicutes was more than 20 times high in the blooming point. The results were regarded as meaningful to provide information of cyanobacterial blooms during the winter season in the freshwater ecosystems.

Corresponding author E-mail: cslee@nnibr.re.kr

민통선이북지역(DMZ) 백두대간보호지역의 저서성 대형무척추동물상 분석

장명성¹, 권혁영², 박진영³, 이종은pc1

¹안동대학교 생명공학부 ²에코벅스 ³국립생태원 보호지역연구팀

민통선 이북지역(DMZ)에 포함되는 백두대간보호지역의 저서성 대형무척추동물상을 분 석을 위해 2019년 봄(5월)과 가을철(9월) 대간령, 칠정봉, 삼재령 일대의 수계에 12개 지점을 선정하여 조사하였다. 조사결과 총 4문 7강 16목 69과 152종이 출현하였으며, 한국 고유종 10종, 국외반출승인대상종 30종, 분포특이종 7종의 서식이 확인되었다. 분류군별 출현 종수 분석 결과, 하루살이목 42종(27.6%), 날도래목 30종(19.7%), 강도래목 19종(12.5%), 파리목 18종(11.8%), 잠자리목 16종(10.5%), 연체동물문 6종(3.9%), 노린재목 5종(3.3%), 환형동물 문과 연갑강이 각각 2종(1.3%), 편형동물문과 뱀잠자리목이 각각 1종(0.7%)의 순으로 출현 하였다. 섭식기능군(Functional Feeding Group: FFG) 분석결과, 전체적으로 잡아먹는 무리 (Predator: P)가 32.2%로 가장 높은 종수 비율을 나타내었으며 서식기능군(Habitat Orientation Group: HOG) 분석결과, 붙는무리(Clinger: CL)가 전체구간에서 48.7%로 가장 높은 종수 비 율을 나타내었다. 군집안정성 분석결과, 전체 지점에서 특성군 I(평균 41.2%, 22.4±6.3)과 특 성군 III(평균 32.7%, 17.3±4.5)에 속하는 종들이 다수 출현하였다. 유사도 분석 결과, St. 2와 St. 3이 유사도 지수 0.663으로 가장 높았으며 St. 1, 2, 3, 5, 10이 I 유사군, St. 4, 7, 8, 9, 11이 II 유사군, St. 12가 III 유사군 그리고 St. 6은 다른 유사군과 유사도 지수가 0.179로 가장 낮으며 IV 유사군으로 분류되었다. 민통선이북지역 백두대간보호구역의 전 구간 평균 TESB 점수 는 134.6점으로 수질등급 'Ia' 등급과 환경질 평가등급 'A'등급의 '우선보호수역' 및 '매우 양호 '한 환경상태로 나타났다.

교신저자 E-mail: jelee@anu.ac.kr

Late Holocene diatoms in sediment cores from the Gonggeomji Wetland in Korea

Sang Deuk Lee^{p1}, Hoil Lee^{c2}, Jinsoon Park⁴, Suk Min Yun¹, Jin-Young Lee³, Jaesoo Lim³, Mirye Park¹, and Daeryul Kwon¹

¹Algae Research Team, Nakdonggang National Institute of Biological Resources ²Center for Active Tectonics, Geology Division, Korea Institute of Geoscience and Mineral Resources

³Geological Research Center, Geology Division, Korea Institute of Geoscience and Mineral Resources

⁴Department of Ocean Science, Korea Maritime and Ocean University

Late Holocene diatoms were identified from four sediment cores from the Gonggeomji Wetland in Korea. In total, 52 diatom species belonging to three classes, 21 families, and 29 genera were investigated. Of these, 14 species were new records for Korea: *Caloneis wardii*, *Cocconeis klamathensis*, *Encyonema vulgare*, *Eunotia myrmica*, *Fallacia californica*, *Gomphonema asiaticum*, *Gomphonema insigniturris*, *Gomphonema neoapiculatum*, *Gomphonema tumens*, *Pinnularia fusana*, *Pinnularia parvulissima*, *Punctastriata lancettula*, *Sellaphora capitata*, and *Staurosira dimorpha*. Eleven taxa could not be identified to the species level. All identified diatoms are illustrated by high-quality scanning electron microphotographs, reference taxonomic data, dimensions of the observed cells, and information on ecology and distribution are included.

Corresponding author E-mail: diatom83@nnibr.re.kr

Chronic toxic effects of polystyrene microplastics in marine copepod *Tigriopus japonicus*

Jin Soo Choi^p, Youn-Joo Jung, and June-Woo Park^c

Environmental Biology Research Group, Korea Institute of Toxicology (KIT)

Microplastic particles are ubiquitous in the environment and are growing concern nowadays. In this experiment we performed chronic exposure of two sized polystyrene microplastics that related with oxidative stress, inflammation, molting, and reproduction. The molecular effects caused by microplastics were significantly different from the control group. microplastics, 50 nm and 2 um, to marine copepod *Tigriopus japonicus*. Exposure was started from the Nauplius stage and conducted for 30 days to identify the effect on growth, and another 10 days exposure was performed to egg sac bearing adult female to examine the reproductive effect. Mortality of 30 days exposure presented 30 day-LC₅₀ value 0.1 mg/L for 50 nm PS sphere, and 3.9 mg/L for 2 um PS sphere. Another individual level effects on development time (nauplius to copepod, N-C, nauplius to adult, N-A), fecundity (number of clutch, number of nauplii/clutch, hatching period, number of nauplii/10days, hatching failure) was also examined. There was no significant effect on development or fecundity, but female exposed in the 10 mg/L above concentration showed higher hatching failure. For evaluation of molecular level effects, we also measured ROS and NO levels and gene expression changes.

Corresponding author E-mail: jwpark@kitox.re.kr

제브라피쉬 배아를 이용한 BPA 및 BPA 대체제의 급성독성평가

정해송⁹, 권슬기, 박준우^c

안전성평가연구소 경남분소 환경위해성연구부 환경생물연구그룹

본 연구에서는 내분비계장애물질로 알려진 BPA와 BPA의 대체제인 BPS 및 BPF의 어류 배아에 대한 급성독성평가를 수행하였다. 노출대상 생물 종은 제브라피쉬 배아로 하였으며, OECD Guideline no.236 Fish Embryo Toxicity (FET)를 기준으로 하여 반수치사농도(LC50), 부화율, 색소형성 등을 관찰하였다. 시험물질의 노출농도는 기존의 급성독성 결과와 수용해도를 고려하여 결정하였다. BPA 및 BPS는 0~20 mg/L의 농도에 노출하였으며, 96시간 노출 후 BPA의 LC50은 14.2 mg/L로 산출되었고, BPF는 노출 최대 농도인 20 mg/L 이상인 것으로 확인되었다. BPS는 0~320 mg/L에서 시험을 수행하였으나, 한계시험 농도(100 mg/L)이상인 160 mg/L까지 치사 개체가 발생하지 않았다. 또한, BPA 10 mg/L와 BPF 20 mg/L 농도에서 부화가 전혀 발생하지 않았으며, BPS는 80 mg/L 이상의 농도에서 부화율이 농도의존적으로 감소하였다. 제브라피쉬 배아의 형태학적 이상 현상으로 BPF 3.95 mg/L 이상의 농도에서 농도의존적으로 색소형성이 억제되는 현상이 관찰되었다. 본 연구를 통해 환경오염물질에 민감성이 높은 시기인 어류 배아 단계에서의 BPA 및 BPA 대체제의 급성독성자료를 생산하였으며, 이 연구 결과는 향후 BPA 및 BPA 대체제의 독성연구를 위한 기초 자료로 활용될 것으로 기대한다.

교신저자 E-mail: jwpark@kitox.re.kr

Zebrafish 모델을 이용한 생활환경 화학물질 노출 영향 스크리닝

허윤위^P, 박준우^C

안전성평가연구소 경남분소 환경위해성연구부 환경생물연구그룹

본 연구에서는 생활환경 화학물질 노출에 대한 독성영향을 종합적으로 평가하기 위해 zebrafish 모델을 이용한 스크리닝을 실시하였다. zebrafish는 embryo의 분화시간이 매우 빠 르고, 체외에서 발생이 일어나며, 인간과 같은 척추동물로 유전체 구성이 80% 정도 인간과 유사하다는 강점이 있어 현재 급속하게 도입되고 있는 대체 모델이다. 암수 한 쌍이 1주일에 한 번씩 100~200개의 배아를 낳을 수 있으므로 한 번에 다량의 배아를 실험에 이용할 수 있 는 장점이 있다. 생활환경에 존재하는 수많은 화학물질의 인체에 대한 독성영향을 규명하 기 위해서는 화학물질들의 독성을 빠르게 스크리닝하는 것이 필요하므로 본 연구에서는 zebrafish를 이용한 high throughput screening 방법을 구축하였다. 다세포생물 전용 유세포 분 석 및 분리 장비(COPAS, Union Biometrica, USA)의 분석 기능을 활용하여 크기와 형태가 일 정한 범위 안에 있는 zebrafish embryo를 선별하고, 96 well plate에 분주하였다. 약 3분 이내에 96 well plate를 완성할 수 있으므로, 화학물질의 대단위 스크리닝이 가능하다. 국내 인체 노 출 정보가 확보된 화학물질 중 비스페놀 류 3종과 파라벤류 4종, 프탈레이트 11종을 선정하 여 6 hpf (hour post fertilization)에서 120 hpf 까지 노출하였다. 24시간마다 치사와 부화를 관 찰하였으며, CETIS를 이용하여 각 노출 시간별 반수 치사 농도를 계산하였다. Bisphenol A 와 ethylparaben, propylparaben, benzyl butyl phthalate에서 다른 화학물질에 비해 높은 치사율 을 나타내었다. 추후에는 본 화학물질들의 복합노출에 의한 영향을 스크리닝하여 생활환경 유해인자 노출에 대한 독성영향을 종합적으로 평가하고자 한다.

교신저자 E-mail: jwpark@kitox.re.kr

미세플라스틱 노출에 의한 기수산 물벼룩 *Diaphanosoma celebensis* 의 산화적 스트레스에 대한 연구

유제원^P, 전민정, 조하영, 이영미^c

상명대학교 융합공과대학 생명공학과

해양 환경으로 유입된 플라스틱은 자외선에 의한 광분해 또는 물리적 풍화작용 등에 의해 5 mm 이하의 작은 크기를 가지는 미세플라스틱으로 분해될 수 있으며, 이러한 미세플라스 틱들은 해양 생물들에 의해 섭취되어 생물체에 부정적인 영향을 미치는 것으로 알려져 있 다. 본 연구에서는 해양 환경에 가장 대표적인 미세플라스틱으로 알려진 polystyrene microplasticbeads (PS-MP)를 이용하여 미세플라스틱에 노출된 기수산 물벼룩(Diaphanosoma celebensis)의 치사율, 섭취 및 배출, 그리고 항산화 유전자의 발현변화를 관찰하였다. 서로 다른 크기의 PS-MP (0.05, 0.5, 6 mm)에 48시간 노출 후 치사율은 0.05 mm에서 가장 높게 나타났으나 모든 크기에서 LC50 값은 산출되지 않았다. 형광표지된 PS-MP에 노출 시킨 후 6 시간에 섭취율이 가장 높게 나타났으며 0.05, 0.5 ட 노출군의 경우 48시간까지 배출되지 않 고 남아있는 반면, 6 ட 노출군에서는 24시간에서 점차 형광이 감소되는 모습이 나타났다. 0.05 ㎜ 노출군의 경우 몸 전체적으로 형광이 관찰되었으나, 0.5, 6 ㎜ 노출군의 경우 소화기 관에서만 형광이 관찰되었다. 24시간 노출 후 해수로 옮겼을 때 0.05, 0.5 µm 노출군의 경우 36시간까지 희미한 형광이 관찰 된 반면, 6 ட 노출군의 경우 24시간까지 형광이 관찰되었 다. 항산화 유전자의 발현은 0.05 ட 노출군에서 대부분 감소하였으나, 6 ட 노출군에서는 대 부분 증가하였다. 특히 PS-MP 노출군에서 GST-sigma의 발현양이 가장 크게 변화 하였다. 이 러한 결과는 PS-MP가 D. celebensis에서 산화적 스트레스를 유발할 수 있음을 의미하며, 크 기에 따라 서로 다른 영향을 나타내는 것으로 추정할 수 있다. 본 연구는 다양한 크기의 미세 플라스틱이 해양 동물성 플랑크톤에 미치는 산화적 스트레스에 대한 분자적 기전을 이해하 는 데 도움을 줄 것으로 생각되며, 미세플라스틱의 크기에 따른 독성 영향을 평가하는 연구 에 기초 자료로 활용될 수 있다.

교신저자 E-mail: ymlee70@smu.ac.kr

Effects of heavy metals on the expression of digestive enzyme genes in the brackish water flea *Diaphanosoma celebensis*

Jiyoon Lee^p and Young-Mi Lee^c

Department of Biotechnology, College of Convergence Engineering, Sangmyung University

Waterborne contaminants can be easily absorbed into aquatic animals and have adverse effects in various ways. Especially due to the exposure route via diet, digestive system is directly exposed to contaminants, which can lead to disruption of energy metabolism. To study the effects of heavy metals on energy metabolism, the brackish water flea *Diaphanosoma celebensis* was exposed to sublethal concentrations of cadmium (58.5, 117, 234 μg/L), lead (11.6, 23.2, 46.5 μg/L), and arsenic (10.1, 20.2, 40.4 μg/L) for 48 hours. Since the energy metabolism rely on the food availability, we examined digestive capacity of *D. celebensis* by comparing the mRNA expression level of six digestive enzyme coding genes. As results, amylase genes (*aAMYL* and *AMYL*) were significantly upregulated by cadmium (117 and 234 μg/L) and lead (23.2 μg/L). A significant increase in the expression of trypsin (*TRYP*) and lipase (*LIP3*) were observed after exposure to arsenic (10.1 μg/L). Chymotrypsin (*CRTC*) and pancreatic lipase related protein (*PLRP2*) was not affected by metal exposure. Overall expression of digestive enzyme genes were down-regulated by highest concentration of lead. Altered expression level can cause reduction of enzyme synthesis and secretion, which could affect the total energy metabolism.

Corresponding author E-mail: ymlee70@smu.ac.kr

기수산 물벼룩 *Diaphanosoma celebensis*를 이용한 미세플라스틱의 생식독성 영향 연구

조하영^P, 전민정, 이영미^c

상명대학교 융합공과대학 생명공학과

최근 전 세계적으로 플라스틱 사용량이 급증하면서 해양 환경의 미세플라스틱 오염이 새 로운 환경 문제로 주목받고 있다. 미세플라스틱은 생물의 체내에 유입될 경우 물리적인 상 해, 섭식 행동 변화, 성장 및 생식 능력 저하 등을 야기하는 것으로 보고되고 있으나 현재까 지도 여러 산업에서 광범위하게 사용되고 있다. 그러나 미세플라스틱이 해양생태계에 미치 는 영향에 대한 분자 수준의 연구는 부족한 실정이다. 절지동물의 성장은 탈피 과정을 통해 이루어지며, 탈피는 성장과 더불어 절지동물의 생식에도 연관이 있는 것으로 알려져 있다. 본 연구에서는 해양생태계의 1차 소비자에 해당하는 기수산 물벼룩 Diaphanosoma celebensis를 이용하여 미세플라스틱이 생식에 미치는 영향을 분자 수준에서 관찰하고자 ecdysteroid signaling 관련 유전자들 (EcR A, EcR B, ERR, Vtg SOD, VtgR, Neverland, USP, CYP314a1, E75)의 발현 변화를 real time RT-PCR을 이용하여 확인하였다. 실험에 사용한 미 세플라스틱은 polystyrene beads 입자를 선정하였으며, 0.1, 1, 10 mg/L의 농도에서 크기별 (0.05, 0.5, 6 µm)로 48시간 노출 시킨 후 유전자의 발현 차이를 비교하였다. 그 결과, 미세플라 스틱 크기별로 다른 유전자 발현 양상을 보였으나 모든 크기에서 EcR B와 USP 유전자는 유 의하게 증가하는 양상을 보였다. 이러한 결과는 미세플라스틱이 기수산 물벼룩의 ecdysteroid signaling 관련 유전자의 발현을 조절함으로써 탈피 및 생식에 영향을 줄 수 있음 을 나타낸다. 본 연구는 미세플라스틱이 기수산 물벼룩의 탈피 및 생식에 대한 분자 기전을 이해하는데 도움이 될 것으로 판단된다.

교신저자 E-mail: ymlee70@smu.ac.kr

어류지표를 이용한 수처리장 배출수의 생물영향 평가

김혜진^P, 안광국^C

충남대학교 생명과학과

본 연구는 점오염원인 하수종말처리장 배출수에 생물이 장기적으로 노출되었을 때 어떤 영향을 미치는가에 대해 어류를 생물지표로 이용하여 파악하였다. 접근 방법은 해부학적, 조직병리학적, 어류군집분석, 수질분석으로 4가지를 이용하였고, 그 중 해부학적인 방법과 조직병리학적인 방법은 다른 어종을 대표하는 피라미(Zacco platypus)를 이용하였다. 피라 미는 우리나라 수계에 가장 널리 서식하는 어종 중 하나로. reference지점의 개체와 점오염원 이 있는 곳에서의 개체를 비교하기 용이하다고 판단, 선정하였다. 조사지점은 해당 종인 피 라미가 서식하면서 동시에 하수종말처리장 배출수구 접근성이 용이하고, 배출수량이 용량 면에서 차이가 있는 곳을 선택하여 reference 지점까지 총 5개의 지점이 선정되었다. 하수종 말처리장의 배출수량은 내림차순으로 대전하수종말처리장, 익산하수종말처리장, 전주하 수종말처리장, 청주하수종말처리장으로 배출량에 차이가 있었다. 어류 채집은 족대와 투망 을 이용한 정량조사로 이루어졌으며, 모두 전장과 체장, 무게를 측정하였다. 그 중 피라미는 2~3년생 중 무작위로 지점별 5개체씩을 해부/조직표본으로 제작하였으며, 표본으로 제작한 내부 장기는 오염원에 반응하면서 장기적 노출 유무를 알려줄 수 있는 4가지 장기인 아가미, 근육, 신장, 그리고 간으로 선택하였다. 결과적으로 피라미는 하수종말처리장에 2~3년간 노 출되었을 때, 외부 뿐만 아니라 내부 장기에도 부정적인 영향을 받는 것으로 나타났다. 이는 참조하천의 개체들과 각 형질을 비교했을 때 나타난 차이점이며, 해부학적 평가메트릭을 통한 개체의 건강도 점수와도 연결되는 결과로 이어졌다. 피라미 개체 건강도가 낮고 조직 표본의 상태에서 비가역적인 현상 발생 빈도가 높으며, 수질 측정 결과 오염도가 가장 높고 어류군집 또한 가장 빈약한 지점은 대전하수종말처리장으로, 다른 세 지점에 비해 배출수 량이 월등히 높기 때문에 이를 근거로 배출수의 수질 뿐만 아니라 그 양 또한 생물 건강성에 영향을 미칠 수 있음을 시사한다고 사료된다. 오염수에 노출된 피라미는 외부형질변화에 있어서 관찰된 다른 어종보다 미미한 반응을 보였는데, 이는 조직표본으로 만든 근육(피부) 상태 또한 큰 차이가 없는 것으로 나타나 차후 연구에서 지표로 이용하는 어류의 다양성에 주목할 만한 방향성을 제시하였다.

사사: 본 연구는 한국환경산업기술원 어류생태 및 아미노산 동위원소 분석에 기반한 제품 유해물질 생물축적 연구의 지원을 받아 수행되었습니다(RE202001140).

교신저자 E-mail: kgan@cnu.ac.kr

Gel-free proteomic analysis on roots of *Sorghum bicolor* under lead stress

Swapan Kumar Roy^{p1}, Soo Jeong Kwon¹, Ju-Young Choi¹, Yong-Hwan Ju¹, Jong-Soon Choi², Cho Kun³, and Sun-Hee Woo^{c1}

¹Dept. of Crop Science, Chungbuk National University, Cheong-ju 361-763, Korea ²Principal Researcher, Korea Basic Science Institute, Daejeon 169-148, Korea ³Biomedical Omics Center, Korea Basic Science Institute, Ochang Cheong-Ju, Korea

Lead (Pb) is one of the most abundant heavy metals and is highly phytotoxic. In this study, we aimed to identify differentially accumulated proteins (DAPs) involved in Pb stress responses in *S. bicolor* L. Elevated Pb concentration provoked notable reduction of interacting ions uptake in the roots of sorghum seedlings. For proteomics analysis, a total of 1190 proteins was identified with \geq 2 peptide match without filtering the LC-MS/MS proteomics data sets of which 1190 proteins, a total of 465, 413, and 312 proteins were identified in control, 500 μ M and 1000 μ M Pb treated samples, whereas 230 proteins were commonly identified in all the treatments. Totally, 96 DAPs were identified that are responsive to stresses in roots that mainly involved in energy metabolism, detoxification and stress defense, and protein metabolism. Taken together, the present study may provide new insights into the molecular mechanisms of plant response to Pb stress at the protein level in sorghum.

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

미세플라스틱의 형상에 따른 물벼룩 만성 영향 차이

안다희⁹, 나주림, 정진호^c

고려대학교 환경생태공학과

미세플라스틱은 제조되었거나 기존의 제품이 파편화되어 지름 5 mm 이하의 미세화 된 합성 고분자 화합물이며 bead, fragment, fiber 등 다양한 형상으로 수 환경에 존재한다. 미세플라스틱이 퇴적물을 포함한 담수 환경에서 꾸준히 축적되고 있으며 생물에게 물리적 상처, 성장, 번식, 섭식장애 등 다양한 악영향이 보고 되고 있다. 특히, 파편화된 미세플라스틱은 비드보다 표면이 불규칙하여 수생생물의 장 손상 등 악영향을 더욱 미치는 것으로 보고되고 있다. 그러나, 형상에 따른 미세플라스틱 연구는 급성 영향에 집중되어 있어 만성 영향 연구는 매우 부족한 실정이다. 이에 본 연구는 미세플라스틱 형상에 따른 물벼룩 만성 영향의 차이를 보고자 한다. 먼저, 비드와 파편화된 미세플라스틱(polyetylene, 25-53 μ m)을 21일 동안물벼룩(Daphnia magna)에 노출 시켰으며, 물벼룩의 치사, 성장, 생식 (총 자손 수, 어린 개체길이 성장 등)을 평가하였다. 각각 5 mg/L의 비드와 파편화된 미세플라스틱에 물벼룩을 노출 시켰을 때 어미 사망률은 비드는 10%, 파편화된 미세플라스틱은 40%로 차이를 보였다. 어미길이, 첫 생식일, 자손 낳는 횟수 등에서는 유의한 차이가 없었으나, 파편화된 미세플라스틱에서 첫 번째, 두 번째의 어린 개체 길이가 비드보다 작게 태어남을 보였다. 이와 같은 결과는 미세플라스틱의 형상에 따른 독성이 물벼룩에 물리적 손상을 유발하는 것으로 판단하였다.

교신저자 E-mail: jjung@korea.ac.kr

Zebrafish 이용 생활환경 유래 화학물질의 유해영향 평가

김고은^{p1,2}, 박창범^{c1}, 염동혁¹

¹안전성평가연구소 ²경상대학교 대학원

본 연구에서는 난연제, 살충제, 플라스틱 가소제로 널리 사용되고 있으나, 번식 장애유발 및 신경독성 등 생활환경 유래 잠재적 유해화학물질로 구분되는 Tris(1,3-dichloro-2-propyl) phosphate (TDCPP)를 대상으로, zebrafish 생식 내분비계에 미치는 영향과 작용 기전을 조사하였다. 21일간 생식독성 평가를 수행하기 위해, zebrafish 성체와 배아를 이용 최소영향관찰 농도(Lowest Observed Effect Concentration, LOEC)를 산출, 이를 기반으로 TDCPP에 대한 생식독성 평가와 작용 기전 연구를 수행하였다. TDCPP에 21일간 노출 후, zebrafish의 누적 번식률(Cumulative reproductivity)은 노출 농도에 따라 감소하였다. 또한, 통계적으로 유의한 차이가 없었지만, 암컷 zebrafish 간에서 난황전구물질인 vitellogenin (VTG) 합성 저해, 수컷 zebrafish에서의 VTG 합성 유도, 수컷에서의 여성호르몬과 관련된 유전자(estrogen receptors, ERs) 발현 증가와 같은 생식 내분비계 교란도 관찰되었다. 본 연구는 생활환경 유래 TDCPP의 생식 독성을 생식선-간 내분비계 활성변화 비교·분석한 것으로, 내분비계장애물질 (endocrine disruptors, EDs)의 독성 기전을 설명하는데 중요한 정보를 제공할 것이다.

교신저자 E-mail: changbeom.park@kitox.re.kr

생활화학제품 함유 phthalate ester가 zebrafish 생식 내분비계에 미치는 영향

지성근^{p1,2}, 박창범^{c1}, 김고은^{1,3}, 조성희⁴, 염동혁¹

¹안전성평가연구소 ²부경대학교 대학원 ³경상대학교 대학원 ⁴한국화학연구원

본 연구는 수생 환경에서 널리 퍼져있는 주요 프탈레이트 대사 산물 중 하나인 MEHP (mono- (2-ethylhexyl) phthalate)가 생식 기능 장애, 특히 성인 수컷과 암컷 제브라 피쉬의 내분비 활성에 미치는 영향을 조사하는 것을 목표로 했다. zebrafish 배아에 미치는 영향농도 (ECx)를 기초로 21일간의 MEHP의 노출 농도(0, 2, 10 및 50 µg/mL)를 결정하였다. MEHP에 21일간 노출 후, zebrafish 성체에서의 산란율은 감소하였고, 특히 50 µg/mL MEHP에 노출된 암컷에서는 간에서 생성되는 난황전구물질인 VTG mRNA가 대조군에 비해 현저하게 감소되었다. 또한, 스트레스 지표인 cortisol 합성 증가와 함께 여성호르몬(estrogen) 합성이 증가되었다. 그러나, 수컷 zebrafish에서는 유의한 차이가 관찰되지 않았다. 따라서 MEHP에 노출에 의해, 암컷 zebrafish에서 생식 기능 장애가 발생하며, 이 현상은 생식 내분비 활성 변화에 기인한다고 사료된다. 또한, MEHP에 의해 유발된 생식 기능 장애는 스트레스 반응과 밀접한 관련이 있을 것이다. 본 연구의 결과는 만성 생식독성 평가를 위한 방법론적 접근으로, 생활화학제품 유래 내분비계 장애물질의 만성 독성 평가와 생식 내분비계 활성 바이오마커 반응에 따른 작용 기전 정보를 제공할 것이다.

교신저자 E-mail: changbeom.park@kitox.re.kr

생활용 살균제 트리클로산이 해양 미세조류 *Prorocentrum minimum* 의 광합성 및 생리 작용에 미치는 영향

박현준, 김한솔^P, 소피아아바시, 김태희, 기장서^C

상명대학교 생명공학과

트리클로산(Triclosan)은 항생물질이자 방균제로 국내 및 유럽에서 생활용 위생용품에 널 리 사용되고 있다. 트리클로산 잔류물질은 산업 폐수 및 생활 폐수에 의해 수계로 방출될 가 능성이 높으며, 이를 위해 담수 생태계에 미치는 영향에 대한 다양한 연구가 진행되었다. 하 지만 잠재적 위험성에도 불구하고, 해양 생태계에 미치는 영향에 대해서는 연구결과가 거 의 실시되지 않았다. 본 연구는 해양 기초생산자인 와편모조류 Prorocentrum minimum 을 이 용해 수계로 노출된 트리클로산이 해양 생물에 어떤 영향을 미치는지 파악하였다. 트리클 로산 처리 후, 조류의 chlorophyll α 와 carotinoid 의 뚜렷한 색소감소가 관찰되었으나, 세포 수의 경우 0.5 mg/L 이상의 농도에서 감소 없이 일정한 세포수를 유지하였다. 이에 따른 EC5 ₀값은 약 1.5 mg/L 로 조사되었다. 트리클로산 농도와 노출 시간이 증가함에 따라, 자가 형광 과 광합성 효율(Fv/Fm)이 감소하였다. 트리클로산에 노출 이후 발생하는 생리적 변화를 알 기 위해 트리클로산을 72 시간 동안 처리한 샘플을 이용해 quantitative real-time PCR (qRT-PCR)을 진행하였다. 그 결과, 광합성 관련 유전자(PmpsbA, PmpsaA, PmrbcL, PmatpB) 가 처리 농도가 증가할수록 발현율이 증가하다 최고농도에서 감소하는 양상이 확인된다. 항산화 단백질 관련 유전자인 PmGST는 트리클로산 처리 농도가 증가함에 따라 발현양이 증가하였다. 본 연구 결과, 트리클로산은 해양 와편모조류의 P. minimum 의 세포 성장 및 광 합성 기능에 영향을 주며, 낮은 농도에서도 광합성 복합 단백질 및 산화스트레스 관련 단백 질의 유전자 발현에도 영향을 미친다. 결론적으로, 트리클로산은 해양 와편모조류 P. minimum 에 유해한 영향을 미치며, 다른 수생 비표적 생물에게 영향을 줄 수 있음을 암시한 다. 더 나아가, 다른 생리적 지표를 통해 트리클로산이 해양 생물에게 미치는 영향에 대한 연 구가 필요하다.

교신저자 E-mail: kijs@smu.ac.kr

제품함유 유해물질이 수생태 환경에 노출될 때 대표 지점 선정 및 Target 어종 선정법에 대한 예비연구

김혜진^P, 김지윤, 김정은, 이호성, Usman Atique, MD Mamun, Jargal Namsrai, 김동현, 김창해, 이영환, 안광국^c

충남대학교 생명과학과

최근 우리나라에서는 하수종말 처리장으로 통해 다양한 알려진 혹은 전혀 알려지지 않은 다양한 화학물질이 유입되고 있고, 이들은 하수처리 후 배출수를 통해 하천에 배출되며 수생태계에 영향을 주고 있다고 있다. 우리나라에서는 처리장의 배출수 관리를 위해 이미 기존의 BOD, COD, 총인(TP), 총질소(TN)등의 환경부에서 제정된 배출수 수질기준이 있으나, 그 외의 일부 알려지않은 화학물질에 대한 것은 규제대상에 포함되어 있지 않다. 본 연구에서는 가정에서 주로 사용되고 배출되는 제품함유 유해물질 중 잔류성이 높은물질이 하수처리장에서 배출되어 하천으로 유입되고, 이는 수생태계 최상위 소비자인 어류에 노출되어생물농축현상을 가져올 수 있는데, 이런 경우 특정 수계에서 어떤 지점을 선정 장소를 우선선정하는 것이 좋은지 혹은 어떤 어종을 Target 어종으로 우선 선정하는 것이 연구에 효율적인지에 대한 예비검토를 실시하였다. 본 연구에서는 첫째, 금강수계에서 중권역 지점들의 어류조직에 대한 오염도 특성을 이전에 분석된 예비자료를 이용하여 평가하였고, 이를 기반으로 제품 함유 유해물질 조사를 위한 후보지로서 갑천 및 금강 하구언을 선정하였다. 이를 기반으로 실험분석을 위한 타깃어종에 대한 우선순위를 결정하는 다변수 모델 개발등 예비적인 방법을 논의하고자 한다.

사사: 본 연구는 한국환경산업기술원 어류생태 및 아미노산 동위원소 분석에 기반한 제품 유해물질 생물축적 연구의 지원을 받아 수행되었습니다(RE202001140).

교신저자 E-mail: kgan@cnu.ac.kr

Proteome dynamics of the lead stress induced changes in the leaf of *Sorghum bicolor*

Swapan Kumar Roy^{p1}, Yong-Hwan Ju¹, Ju Young Choi¹, Soo Jeong Kwon¹, Jong-Soon Choi², Cho Kun³, and Sun-Hee Woo^{c1}

¹Dept. of Crop Science, Chungbuk National University, Cheong-ju 361-763, Korea ²Principal Researcher, Korea Basic Science Institute, Daejeon 169-148, Korea ³Biomedical Omics Center, Korea Basic Science Institute, Ochang Cheong-Ju, Korea

Lead (Pb) is one of the most hazardous pollutants of the environment leading to impair crop growth and development. The morphological characteristics were reduced by Pb stress. The results revealed that the growth inhibition induced by Pb depended on the degree of heavy metal concentrations. Using iTRAQ LC-MS/MS, we identified a total of 2,000 proteins was identified with ≥2 peptide match without filtering the proteomics data sets. Among these 2000 proteins, a total of 627, 698, and 675 proteins were identified in control, 500 µM Pb and 1,000 treated samples in sorghum, whereas 525 proteins were commonly identified in all the treatments. Functional analysis indicated that the number of proteins associated with translation, protein folding and degradation, and stress and defense in response to lead stress. This research broadens our understanding of the mechanism underlying Pb stress.

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

P8-01

Evaluation of harmful algal bloom in the Daechung Reservoir by metaproteomic analysis

Soo Hyeon Kim^{p1,2}, Subin Nam^{1,2}, Yoon-E Choi³, and Jong-Soon Choi^{c1,2}

¹Division of Material Analysis and Research Group, Korea Basic Science Institute ²Graduate School of Analytical Science and Technology, Chungnam National University ³Division of Environmental Science and Ecological Engineering, Korea University

The present study aimed to analyze the metaproteome of the microbial community comprised of harmful algal bloom (HAB) in the Daechung reservoir, Korea. Microscopic observation of HAB samples reveals red signals that are presumably caused by the autofluorescence of chlorophyll and phycocyanin in viable cyanobacteria. Metaproteomic analysis was conducted by a gel-based shotgun proteomics method. Protein identification was performed vis two-step analysis including forward search strategy (FSS)-random search with NCBI, Cyanobase, Phytozome, and subsequent reverse search strategy (RSS)-additional Cyanobase search with decoy database. The total number of proteins identified by two-step analysis (FSS and RSS) was 1.8-fold higher than that by one-step analysis (FSS only). A total of 194 proteins were assigned to 12 cyanobacterial species (99 mol%) and 1 green algae species (1 mol%). Among the species identified, the toxic microcystin-producing *Microcystis aeruginosa* NIES-843 (62%) was prevalently dominant. The largest functional category of proteins belongs to the energy category (39%), followed by the categories metabolism (15%) and translation (12%). This study will be a good reference for monitoring ecological variation at a meta-protein level of aquatic microalgae for understanding HAB.

Acknowledgement: This research was financially aided by the KBSI grant C070300 to J.S. Choi.

Corresponding author E-mail: jschoi@kbsi.re.kr

P8-02

Simple and sensitive sensor based on Pt nanoparticle-hydrogel

Ju-Seong Park^{p1,2}, Do-Kyoung Han^{c1}, and Jong-Soon Choi^{c1,2}

¹Division of Material Analysis and Research Group, Korea Basic Science Institute ²Graduate School of Analytical Science and Technology, Chungnam National University

In this study, we describe the preparation of Pt nanoparticles/polyethylene glycol(PEG) hydrogel microstructures acting as a nanozyme for detection of various analytes. Nanozymes have emerged as promising alternatives to overcome high cost and low stability of natural enzymes. Recent studies show that the platinum nanoparticles (PtNPs) can mimic activity of intrinsic enzyme. Here, we applied the enzyme-like properties of PtNPs to an alternative peroxidase mimetics to detect H₂O₂. Using a hydrogel with fixed PtNPs, colorimetric detection is possible through a colored product while the PtNPs catalyze the oxidation of the peroxidase substrate by H₂O₂. The porous structure of the hydrogel allowed the immobilization of enzymes and the penetration of water-soluble molecules, which helped to effectively catalyze the oxidation of the peroxidase substrate. The PtNPs-hydrogel system provides non-enzymatic and visual analytical methods for H₂O₂ detection. Therefore, it is expected to be useful in various applications such as medical diagnostics and environmental monitoring of toxic compounds.

Acknowledgement: This research was financially aided by the KBSI grant C070300 to J.S. Choi.

Corresponding author E-mail: jschoi@kbsi.re.kr

First report of the dinoflagellate genus *Effrenium* in the East Sea of Korea: morphological, genetic, and fatty acid characteristics

Nam Seon Kang^{pc1}, Eun Song Kim¹, Jung A Lee¹, Kyeong Mi Kim¹, Min Seok Kwak¹, Moongeun Yoon¹, and Ji Won Hong²

¹Department of Taxonomy and Systematics, National Marine Biodiversity Institute of Korea ²Department of Hydrogen and Renewable Energy, Kyungpook National University, Daegu 41566, Korea

Most species in the family Symbiodiniaceae are symbiotic partners to invertebrate and protist hosts, but a few live freely in water columns. Here, a free-living dinoflagellate was isolated from the waters of the Dokdo Islands in the East Sea of Korea. Morphological and molecular analyses show this isolate belongs to Effrenium voratum. Prior to the present study, E. voratum had been reported to live in the waters in the temperate latitudes in the western North Pacific, the southwest Western Pacific, the eastern North Pacific, the eastern Atlantic, and the Mediterranean Sea. To our knowledge, this is the highest latitude in the western North Pacific, where E. voratum has been reported. This report extends the known range of this dinoflagellate to the temperate waters of the western North Pacific Ocean. The sequence of the D1/D2 region of the large subunit ribosomal DNA (LSU rDNA) was identical to E. voratum found in Jeju Island, Korea, Tsushima Island, Japan, and Cook Strait, New Zealand, suggesting this species is cosmopolitan. However, it was dierent by 1 bp from those found in Blanes, Spain and Santa Barbara, USA. In the phylogenetic tree built on the basis of the LSU (D1-D2) rDNA region sequences, this dinoflagellate was clustered within a clade, including all the other E. voratum strains. Morphological characteristics were like those of strains found in the waters of Jeju Island. This is the first report conducted on the fatty acid profile of fully characterized E. voratum. Importantly, the isolate possessed a high ratio of long-chain omega-3 polyunsaturated fatty acids (PUFAs) such as eicosapentaenoic acid (EPA) and docosahexaenoic acid (DHA) relative to total lipid. This dinoflagellate could be a candidate for commercial applications, such as aquaculture feed and essential omega-3 PUFA productions.

Corresponding author E-mail: kang3610@mabik.re.kr

국립해양생물자원관 해양미세조류 바이오뱅크

강남선^{PC}, 김은송, 이정아, 김경미, 곽민석, 윤문근

국립해양생물자원관 생물분류실

해양 미세조류는 주로 해양생태계에서 광합성을 통해 1차 생산자 역할을 하며 특히 다양 한 해양생물들의 먹이가 되어 물질순환에 중요한 역할을 담당하는 현미경적 크기의 단세포 생물이다. 육상의 광합성 식물과는 달리, 탄수화물 이외에도 지방질이나 단백질 등도 균형 있게 포함하여, 다양한 생리활성 물질을 생산한다. 이러한 이유로 화장품, 분해되는 플라스 틱과 같은 화인케이칼 원료, 단백질 먹이사료와 건강식품, 의약품, 이산화탄소 고정, 수질 정 화, 오일 성분을 중심으로 하는 바이오 연료에까지 매우 폭 넓은 분야에서 해양 미세조류의 이용 범위가 확대되고 있고, 바이오산업의 원천소재로서 주목받고 있다. 국립해양생물자원 관에서는 2020년 4월부터 해양 미세조류 바이오뱅크 운영을 시작하였으며, 해양생명자워 책임기관 업무수행과 더불어 산업계 수요 지원에 특화된 유용종 및 수입종을 대체할 수 있 는 국산종을 확보하고, 형태·분자·생리·화학적 특징을 분석하여 정확한 종 동정하며, 배양 인프라 및 생물자원 정보 구축을 통해 고품질 배양체 분양과 함께 배양체 정보제공 활성화 를 목적으로 하고 있다. 현재 산업계의 수요가 높은 분류군 보존 및 관리에 특화된 바이오뱅 크 배양 인프라를 단계적으로 구축 중이며, 확보된 배양체의 형태·분자·생리·화학적 검증 을 위한 연구 장비 및 안정적인 보존·관리를 위한 표준 운영지침서가 마련되어 운영 중이다. 마지막으로 해양생명자원통합정보시스템(MBRIS)내 정보 조회 기능 고도화를 통해 일반정 보(채집위치, 채집 방법, 보존온도, 보존상태, 종명 등) 및 유용성 정보(형태·분자·화학분류 적 분석 데이터) 제공 등 사용자 편의성을 증대시킨 수요자 중심의 온라인 원스톱 분양시스 템을 구현하고자 하였다. 해양미세조류 배양체 분양은 해양 바이오뱅크 홈페이지 (https://www.mbris.kr/biobank)를 통해 분양 신청을 할 수 있으며, 1년에 10종 이상 또는 1회 5 종 이상 분양받을 수 있고. 서류 접수 후 분양까지 일반적으로 약 2-4주의 시간이 소요되고 있다.

교신저자 E-mail: kang3610@mabik.re.kr

해양식물플랑크톤자원 기탁등록보존기관

윤주연, 곽경윤^P, 한경하, 김현정, 신현호^c

한국해양과학기술원 해양시료도서관

해양 생태계의 기초생산자인 해양식물플랑크톤은 다양한 생리활성 물질을 포함하고 있는 중요한 생물자원으로, 해양생명산업의 많은 분야에 활용되고 있다. 이러한 이유 때문에, 국외의 여러 기관에서는 약 40년 전부터 해양식물플랑크톤자원을 확보하여 체계적, 안정적으로 보존/관리하고 있다. 한국의 경우, 현재 "해양생명자원의 확보, 관리 및 이용 등에 관한 법률"에 의거하여 "해양식물플랑크톤 기탁등록보존기관"을 한국해양과학기술원 해양시료도서관에 구축하여 운영 중에 있다. 해양식물플랑크톤자원 기탁등록보존기관은 에너지자원, 건강식품 등에 활용되는 다양한 식물플랑크톤을 포함하여 약 1,900 배양주를 안정적/체계적으로 보존, 관리하고 있으며, 자원 분양을 통해 연구 및 산업 활성화에 기여하고 있다.

교신저자 E-mail: shh961121@kiost.ac.kr

Trophic state evaluation and empirical modeling of nutrients and chlorophyll-a in 60 Korean reservoirs along with the TN:TP ratios and other factors

Md. Mamun^{p1}, Seokcheol Kwon¹, Jeong-Eun Kim¹, Usman Atique¹, and Kwang-Guk An^{c2}

¹Department of Bioscience and Biotechnology, Chungnam National University,
Daejeon 34134, South Korea
²Department of Biology, Chungnam National University, Daejeon 34134, South Korea

The objectives of the present study were to determine the spatial and temporal variations in trophic state and identify potential causes for these variations in 60 Korean reservoirs. Empirical models were developed using the relationships of nutrients (total phosphorus, TP, and total nitrogen, TN) with chlorophyll-a (CHL-a) to define nutrient reduction targets. Regression analysis showed a stronger linear relationship of CHL-a with TP in agricultural reservoirs (R^2 =0.69, p < 0.01), power generation reservoirs ($R^2=0.50$, p < 0.01), natural lakes ($R^2=0.27$, p < 0.01), and estuarine reservoirs (R^2 =0.39, p < 0.01) compared to TN, but not in multipurpose reservoirs. The CHL-a:TP and TN:TP ratios, indicators of phosphorus limitation, were used to validate the phosphorus reduction approach. The mean CHL-a:TP ratio of agricultural reservoirs (0.60) was higher than that of multipurpose reservoirs (0.26). The lowest TN:TP ratios (34) were observed in estuarine reservoirs (34.44), and the highest in multipurpose reservoirs (155). The trophic state index (TSI) of Korean reservoirs varied between mesotrophic and hypereutrophic conditions based on TSI (TP), TSI (CHL), and TSI (SD). TSI (CHL-a) indicated that agricultural reservoirs were hypereutrophic, and blue-green algae were dominant. Variations in TSI (CHL-a) with TSI (TP) and TSI (SD) indicated that agricultural and power generation reservoirs were primarily P limited, and TP influenced their trophic status. In contrast, the trophic status of multipurpose and estuarine reservoirs and natural lakes was generally controlled by non-algal turbidity. This study provides a basis for further investigation of nutrient and sediment loads entering reservoirs and guidelines for sustainable water quality management and protection of reservoirs from pollution.

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

Links between land use patterns, chlorophyll-nutrients regime, organic matter, water clarity and trophic state dynamics along with empirical models development in agricultural reservoirs

Usman Atique^{p1}, Md. Mamun¹, and Kwang-Guk An^{c2}

¹Department of Bioscience and Biotechnology, Chungnam National University,
Daejeon 34134, South Korea
²Department of Biology, Chungnam National University, Daejeon 34134, South Korea

We studied diverse reservoirs categorized on the basis of land use patterns of cropland, forest, urban and estuarine regions in South Korea during 2008-2017. We analysed seasonal and inter-annual water quality parameters deviation in relation to monsoon precipitation, regression relationship between nutrients and their ambient ratios, chlorophyll-a (Chl-a) with total phosphorus (TP), total nitrogen (TN), total organic carbon (TOC), and ratios of chlorophyll-a with nutrient contributing factors. Multi-metric Water pollution index (WPI_{KR}) reflected on the chemical health of reservoirs in relation to monsoon and land use patterns. The results indicated the intensity of monsoon rainfall tremendously influenced nutrients, Chl-a and TOC level in cropland and urban regions. TOC disclosed highest relationship with Chl-a in cropland ($R^2 = 0.66$) and forest ($R^2 = 0.66$) 0.71) regions. Secchi disk depth (SDD) displayed a strong negative relation with suspended solids, TP and Chl-a in cropland and estuarine regions. On the other hand, trophic state index specified majority of reservoirs in zooplankton grazing state except few in the estuarine region showing the propensity of blue-green algae presence. Further principal component analysis (PCA) designated cropland region characterized by higher TP and Chl-a level within increasing Carlson's trophic state index (CTSI), the urban region receiving higher sediments and chemical oxygen demand. On the contrary, the forest region showed a tendency of higher organic matter (TOC) while estuarine characterized by higher electrical conductivity (EC). Hierarchical cluster analysis (HCA) showed that cropland region reservoirs are nearer to urban reservoirs in terms of deteriorating water quality. Based on WPI_{KR} results, cropland and urban region reservoirs reflected as 'poor', estuarine as 'fair' condition while forest region indicated 'excellent to good' chemical health status. According to CTSI, forest and estuarine reservoirs were in the oligotrophic state, urban in mesotrophic and cropland region reservoirs from mesotrophic to eutrophic state. This study advocates a reduction in phosphorus yielding fertilizers in the Korean Peninsula that could lead to eutrophication in lentic ecosystems in the future.

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

복분자 씨앗 추출물을 이용한 화장품 개발

박희전^{pc1,2}, 변보영¹, 정소희¹, 송지영¹

¹(재)베리&바이오식품연구소 ²전주대학교 조리식품산업학과

복분자는 주류와 음료류로 주로 이용되는데 씨앗은 딱딱하고 이용가치가 없어 동물의 사료 또는 퇴비로 쓰이고 있는 실정이다. 그리하여 본 연구에서는 복분자 가공부산물인 씨앗을 이용하여 화장품을 제조하고, 그 추출물과 화장품에 대한 안전성 및 활성물질을 분석하고자 하였다. 복분자의 씨앗을 50% 에탄을 추출물과 100% 에탄을 추출물을 제조하였다. 제조한 복분자 씨앗 추출물은 화장품의 원료로서의 평가를 진행하였다. 또한 화장품 제조에 따른 유해물질 평가와 안전성을 테스트를 진행 하였다. 그 결과 화장품을 제조하기에 적합한 원료로 분석되었으며, 제조된 화장품은 피부자극도, 스테로이드, 유해물질, 알러지 유발물질 및 대장균 등 미생물을 분석한 결과 소비자 판매가 적합한 것으로 분석되었다. 또한 복분자 화장품에 아데노신 및 나이아신아마이드가 각각 0.04±0.00 mg 및 2.23±0.01~2.26±0.01 mg이 함유되어 있어 기능성화장품으로의 인증도 가능한 것으로 분석되었다.

교신저자 E-mail: heejeon0421@nate.com

Nectandrin B derived from tropical nutmeg restores the cellular senescence in human dermal firboblasts by activating AMPK pathway

Hyun-Jin Jang^p, Kyeong Eun Yang, Eunbi Jo, Jong-Soon Choi, and Ik-Soon Jang^c

Division of Material Analysis and Research Group, Korea Basic Science Institute

Nectandrin B (NecB) is a bioactive lignan compound isolated from Myristica fragrans (nutmeg), which functions as an activator of AMP-activated protein kinase (AMPK). Because we recently found that treatment with NecB increased the cell viability of old human diploid fibroblasts (HDFs), the underlying molecular mechanism was investigated. NecB treatment in old HDFs reduced the activity staining of senescence-associated β galactosidase and the levels of senescence markers, such as the Ser 15 phosphorylated p53, caveolin-1, p21 waf1, p16 ink4a, p27 kip1, and cyclin D1. NecB treatment increased that in S phase, indicating a enhancement of cell cycle entry. Interestingly, NecB treatment ameliorated age-dependent activation of AMPK in old HDFs. Moreover, NecB reversed the age-dependent expression and/or activity changes of certain sirtuins (SIRT1-5), and cell survival/death-related proteins. The transcriptional activity of Yin-Yang 1 and the expression of downstream proteins were elevated in NecB-treated old HDFs. In addition, NecB treatment exerted a radical scavenging effect in vitro, reduced cellular ROS levels, and increased antioxidant enzymes in old HDFs. Moreover, NecBmediated activation of the AMPK pathway reduced intracellular ROS levels. These results suggest that NecBinduced protection against cellular senescence is mediated by ROS-scavenging through activation of AMPK. NecB might be useful in ameliorating age-related diseases and extending human lifespan.

Acknowledgement: This research was financially aided by the KBSI grant C070300 to J.S. Choi.

Corresponding author E-mail: jangiksn@kbsi.re.kr

멸종위기 고산 침엽수 분비나무(Abies nephrolepis Maxim.) 종자의 저장특성 판별

이다현^{p1}, 박초희¹, 임진현¹, 변준기², 나채선^{c1}

¹국립백두대간수목원 야생식물·종자보전부 야생식물종자연구실 ²국립백두대간수목원 백두대간보전부 산림생물자원조사실

한국의 고산 지대에 분포하는 전나무속 식물인 분비나무(Abies nephrolepis (Trautv. ex Maxim.) Maxim.)는 멸종위기 고산 침엽수종으로 현지 내·외 보존이 반드시 필요한 식물이 며, 종자 보존이 가능하다고 알려져 있다. 그러나 아직까지 종자의 저장특성이 확인되지 않 았으며, 장기저장조건(-20°C, 40% RH이하)에서 종자 저장이 가능한지가 확실하지 않다. 종 자는 저장특성에 따라 장기저장조건에서 종자의 저장가능여부를 판별할 수 있으며, 진정종 자(Orthodox)만이 위의 조건에서 장기저장이 가능하다. 따라서, 본 연구는 멸종위기 고산 침 엽수종 분비나무 종자의 안전한 저장을 위하여 저장특성을 확인하고자 수행하였다. 2019년 강원도 평창군에서 분비나무 종자를 수집하였으며, 수집 직후 종자의 평형상대습도를 측정 하고 활력검정을 통해 종자상태를 확인하였다. 저장특성을 판별하기 위하여 온도 15°C, 상 대습도 15, 20, 30, 40, 50% 의 5조건에서 수분함량을 측정하고 건조에 따른 활력변화를 확인 하였다. 활력검정은 X-ray검정(충실율), 5~35°C 사이의 10개 온도조건에서 발아검정(발아 율), 미발아종자의 TZ검정(활력도) 순으로 진행하였다. 수집 직후 분비나무 종자의 평형상 대습도(eRH)는 43% 정도였으며, 종자활력은 52.5 ± 16.0 % 였다. 평형상대습도 15% 조건에 서 50.0 ± 5.8% 로 가장 높은 활력을 확인하였으며, 수집 직후의 활력과 통계적으로 유의성 을 보이지 않았다. 이 때 수분함량은 4.33% F.wt 정도였다. 이는 15% 상대습도 조건에서 건 조 시에도 활력저하가 없는 진정종자의 특성을 보여주는 것으로 건조 후 종자의 장기저장조 건(-20°C, 40% RH이하)에서 저장이 가능하다는 것을 의미한다. 또한 장기저장 시 진정종자 의 수분함량이 3~7% 사이에 있을 때, 종자의 저장수명을 증가시킨다는 보고에 따라 분비나 무 종자를 건조 후 저장한다면 장기간 저장이 가능할 것으로 사료된다. 추가적으로 분비나 무 저장특성 - 진정종자 - 을 검증하기 위하여 15°C, 상대습도 15% 에서 건조한 분비나무 종 자를 -20°C 에 3개월 저장하여 활력변화를 확인할 예정이다.

교신저자 E-mail: chaesun.na@kiam.or.kr

Cordyceps militaris exerts antitumor effects on carboplatin-resistant ovarian cancer via activation of ATF3/TP53 signaling in vitro and in vivo

Eunbi Jo^p, Hyun-Jin Jang, Kyeong Eun Yang, Soon Lee, Jong-Soon Choi, and Ik-Soon Jang^c

Division of Research Center for Materials Analysis, Korea Basic Science Institute

This study aimed to investigate the effect of Cordyceps militaris extract on the proliferation and apoptosis of carboplatin- resistant SKOV-3 and determine the underlying mechanisms for overcoming carboplatin resistance in human ovarian cancer. We cultured the carboplatin-resistant SKOV-3 cells in virto until the exponential growth phase and then treated with different concentrations of C. militaris for 24 h, 48 h, and 72 h. As a result, C. militaris reduced the viability of carboplatin-resistant SKOV-3 and induced morphological disruptions in a dose- and time-dependent manner. The gene expression profiles indicated a reprogramming pattern of previously known and unknown genes and transcription factors associated with the action of TCTN3 on carboplatin-resistant SKOV-3 cells. We also confirmed the C. militaris-induced activation of the ATF3/TP53 signaling pathway. Immunoblotting indicated that co-treatment of C. militaris and carboplatin-mediated ATF3/TP53 upregulation induced apoptosis in the carboplatin-resistant SKOV-3 cells, which are involved in the serial activation of pro-apoptotic proteins, including Bcl-2, Bax, caspases, and PARP-1. Further, when the ATF3 and TP53 expression increased, the CHOP and PUMA expressions were upregulated. Consequently, the upregulated CHOP and PUMA expression activated the positive regulation of the apoptotic signaling pathway. In addition, this decreased the Bcl-2 expression, leading to marked ovarian cancer SKOV-3 cells sensitive to carboplatin by enhancing apoptosis. We then corroborated these results using in vivo experiments. Taken together, C. militaris inhibits carboplatin-resistant SKOV-3 cell proliferation and induces apoptosis possibly through ATF3/TP53 signaling upregulation and CHOP/PUMA activation. Therefore, our findings provide new insights into the treatment of carboplatin-resistant ovarian cancer using C. militaris.

Corresponding author E-mail: jangiksn@kbsi.re.kr

Ginsenoside 20(S)-Rg3 of natural ginseng reverses replicative senescence of human skin cells via Akt-mTOR-Sirtuin signaling

Kyeong Eun Yang^p, Hyun-Jin Jang, Ik-Soon Jang, and Jong-Soon Choi^c

Division of Material Analysis and Research Group, Korea Basic Science Institute

The replicative senescence of human dermal fibroblasts (HDFs) is accompanied by growth arrest. In our previous study, the treatment of senescent HDFs with Rg3(S) lowered the intrinsic ROS levels and reversed cellular senescence by inducing Peroxiredoxin-3, an antioxidant enzyme. However, the signaling pathways involved in Rg3(S)-induced senescence reversal in HDFs and the relatedness of the stereoisomer Rg3(R) in corresponding signaling pathways are not known yet. We performed senescence-associated β -galactosidase staining and cell cycle assays in Rg3(S)-treated senescent HDFs. Major signaling pathways of PI3-kinase/Akt, AMPK, and Sirtuin 1/3, including cell cycle regulatory proteins, were examined by immunoblot analysis. Rg3(S) reversed the replicative senescence of HDFs by restoring the ATP level and NAD+/NADH ratio in downregulated senescent HDFs. Rg3(S) recovered directly the cellular levels of ROS and the NAD+/NADH ratio in young HDFs in activated by rotenone. Rg3(S) mainly inactivated PI3-kinase/Akt through the inhibition of mTOR by cell cycle regulators like p53/p21 in senescent HDFs, whereas Rg3(R) did not alter the corresponding signaling pathways. Rg3(S) activated Sirtuin 3/PGC1a to stimulate mitochondrial biogenesis. Cellular molecular analysis suggests that Rg3(S) specifically reverses the replicative senescence of HDFs by modulating Akt-mTOR-Sirtuin signaling to promote the biogenesis of mitochondria.

Acknowledgement: This research was financially aided by the KBSI grant C070300 to J.S. Choi.

Corresponding author E-mail: jschoi@kbsi.re.kr

Growth effect of L-thyroxine on grass puffer, *Takifugu niphobles* yolk-sac larvae

In-Seok Parkpc

Division of Marine Bioscience, College of Ocean Science and Technology, Korea Maritime & Ocean University, Busan 49112, Korea

Effects of immersion treatment of Na-L-thyroxine (T₄) on grass puffer, *Takifugu niphobles*, yolk-sac larvae were studied. Treatment experiments were carried out with various combinations of T₄ concentration and water temperature (0.1 ppm-16°C, 20°C, and 24°C; 0.5 ppm-16°C, 20°C, and 24°C; 1.0 ppm-16°C, 20°C, and 24°C) for 96 hours, from instantly hatching. The T₄ treatment caused a significantly increase in the growth rate of the larvae (*P*<0.05). Treatment with thyroxine at 1.0 ppm in 20°C resulted in the most significant increase volume and weight of yolk-sac, epidermal thickness, total length and body weight (*P*<0.05). But the survival rate decreases with increasing T₄ concentration. This treatment accelerated yolk-sac resorption and caused thickening of the epidermis.

Corresponding author E-mail: ispark@kmou.ac.kr

Cordyceps militaris induces apoptosis in ovarian cancer cells through TNF- α /TNFR1-mediated inhibition of NF- κ B phosphorylation

Soon Lee^p, Eunbi Jo, Hyun-Jin Jang, Kyeong Eun Yang, Jong-Soon Choi, and Ik-Soon Jang^c

Division of Material Analysis and Research Group, Korea Basic Science Institute

In this study, we analyzed the effect of C. militaris extract (CME) on the proliferation of ovarian cancer cells by confirming viability, morphological changes, migration assay. Additionally, CME induced apoptosis was determined by apoptosis assay and apoptotic body formation under TEM. The mechanisms of CME were determined through microarray, immunoblotting and immunocytochemistry. CME reduced the viability of cells in a dose-dependent manner and induced morphological changes. We confirmed the decrease in the migration activity of SKOV-3 cells after treatment with CME and the consequent induction of apoptosis. Immunoblotting results showed that the CME-mediated upregulation of tumor necrosis factor receptor 1 (TNFR1) expression induced apoptosis of SKOV-3 cells via the serial activation of caspases. Moreover, CME negatively modulated NF- κ B activation via TNFR expression, suggestive of the activation of the extrinsic apoptotic pathway. The binding of TNF- α to TNFR results in the disassociation of I κ B from NF- κ B and the subsequent translocation of the active NF- κ B to the nucleus. CME clearly suppressed NF- κ B translocation induced by interleukin (IL-1 β) from the cytosol into the nucleus. The decrease in the expression levels of B cell lymphoma (Bcl)-xL and Bcl-2 led to a marked increase in cell apoptosis. These results suggest that C. militaris. inhibited ovarian cancer cell proliferation, survival, and migration, possibly through the coordination between TNF- α /TNFR1 signaling and NF- κ B activation. Taken together, our findings provide a new insight into a novel treatment strategy for ovarian cancer using C. militaris.

Corresponding author E-mail: jangiksn@kbsi.re.kr

Gypenosides from *Gynostemma pentaphyllum* restores the senescence of human skin cells by activated autophagy

Kyeong Eun Yang^p, Kyung-A Kim, Ik-Soon Jang, and Jong-Soon Choi^c

Division of Material Analysis and Research Group, Korea Basic Science Institute

Biological aging refers to cellular senescence or aging of an individual. According to a recent study, the expressions and the activities of autophagy genes decrease as aging progresses in several species, but over-expression of autophagy genes tends to extend life span. The presnet study conducted the effect of aging recovery through activation of autophagy using gypenosides, an extract component of Gynostemma pentaphyllum. As a result of the treatment of gypenosides after the 34th passage of human skin cells, HDF, the frequency of β -galactosidase staining was reduced by 35% after 72 hours and the expression levels of aging-related proteins p16 and caveolin were significantly reduced. As a result of observing the ultra-structure in young cells, aged cells, and aged cells treated with gypenosides using transmission electron microscope, there were endosomal fluxes such as lamellar and multilamellar bodies in addition to autophagy flux. In addition, as a result of comparing the expression of the autophagy marker protein LC3, senescent cells treated with gypenoside LI showed a 3-fold increase in expression of LC3-II. Concomitant to the microarray gene ontology analysis, autophagy genes were increased in the senescent cells treated with gypenosides. Most of the autophagy genes were more than doubled to the control. Collectively with these results, it was confirmed that the tendency to return to a state similar to that of young HDF cells by activating the autophagy process in aging cells treated with gypenosdies.

Acknowledgement: This research was financially aided by the KBSI grant C070300 to J.S. Choi.

Corresponding author E-mail: jschoi@kbsi.re.kr

토양수지와 토지수지에 의한 양분수지 산출 방법론 비교

이준형^{P1}, 윤영만^{C1,2}

¹한경대학교 응용자원환경학부 식물생명환경전공 ²한경대학교 바이오가스연구센터

우리나라는 농경지로 투입되는 비료 성분의 관리를 위하여 2021년부터 지역단위 양분관 리제도 도입을 추진하고 있으며, 합리적인 제도 도입을 위하여 지역의 환경특성에 부합하 는 양분수지 방법론 마련을 위한 연구가 진행되고 있다. 이에 관련 전문가들은 지역단위 양 분관리제도 도입에 있어서 지역별 농업환경 특성과 양분투입에 따른 비점오염원의 영향을 잘 반영하는 양분수지 지표를 양분관리 지표로 설정한 바 있다(Lee & Yoon, 2019). 양분수지 분석은 일정한 경계조건 내에서 진행하며, 국내 양분관리제도의 도입에 있어서는 지역을 경계조건으로 하는 토지수지(Land budget)와 농경지를 경계조건으로 하는 토양수지(Soil budget)가 검토되고 있다. 양분수지 지표는 양분수지 분석의 경계조건에 따라 상이한 값을 나타내며, 국내 전문가들 사이에서는 양분수지 산출의 경계조건과 관련하여 많은 논쟁이 진행되고 있다. 따라서 본 연구에서는 합리적인 양분관리제도의 도입을 위하여 지역경계 (토지수지)와 농경지경계(토양수지)에 의한 지역단위 양분수지를 비교 검토하고자 하였다. 본 연구에서는 토지수지와 토양수지에 의한 양분수지 방법론 비교를 위하여 2017년을 기준 년도로 하여 도단위의 지역 양분수지를 산출하였으며, 각각의 양분수지에서 총양분수지 (Gross Nitrogen Balance, GNB) 지표와 순양분수지(Net Nitrogen Balance, NNB) 지표를 비교 검토하였다. 토지수지와 토양수지에서의 GNB는 각각 전국평균 276 kg-N/ha와 166 kg-N/ha 로 토지수지에서의 GNB 지표가 높게 나타났으며, 토지수지와 토양수지에서 NNB는 동일 한 지표값(전국평균 134 kg-N/ha)을 나타냈다. 토지수지는 가축분뇨의 발생, 저장, 자원화과 정, 농경지 살포·이용 과정에서의 질소 휘산 및 아산화질소 발생량을 모두 평가하는 반면, 토양수지는 가축분뇨의 농경지 살포·이용 과정에서의 질소 휘산 및 아산화질소 발생량만 을 평가하고 있어 토지수지에서 GNB 지표가 크게 증가하였으며, 질소성분의 수계유출 잠 재량을 나타내는 NNB 지표는 경계조건의 차이에 상관없이 동일한 지표를 보였다.

교신저자 E-mail: yyman@hknu.ac.kr

Job Fair 신청 기업(기관) 소개

기업(관)명	한국기초과학지원연구원		
홈페이지	www.kbsi.re.kr		
주 소	대전광역시 유성구 과학로 169-148		
기업(관)소개	국가 과학기술 발전에 기반이 되는 기초과학 진흥을 위한 임무 연구시설·장비 및 분석과학기술 관련 연구개발, 연구지원 및 공동연구 수행		
	⑤ 과학기술의 발전과 국민행복을 창출하는 세계적 수준의 분석과학 개방 연구원 비전		
	학심역할 국가학신성장을 견인하는 연구시설·장비 컨트롤타워역할 강화 국가 R&D 경쟁력 항상을 위한 분석과학기술 공유 및 확산		
	- 채용분야별 학위조건을 충족한 자		
채용정보	- 병역필 또는 면제자(남자)로서 해외여행에 결격사유가 없는 자(내국인)		
	- 신원진술 상 문제가 없는 자		
	- 공인영어성적 기준을 충족하는 자(행정분야에 한함) 등		

기업(관)명	국립낙동강생물자원관		
홈페이지	https://www.nnibr.re.kr		
주 소	경상북도 상주시 도남2길 137		
기업(관)소개	국립낙동강생물자원관은 국가 담수 생물의 주권을 조기 확보하고 생물다양성 보전 및 생물자원의 지속가능한 이용에 기여하기 위하여 2015년 6월 설립된 환경부 산하 담수생물 전문 연구기관입니다. 담수 생물자원의 진정한 가치를 발굴하여 대한민국의 미래가치를 키우고 더 나아가 인류의 발전에 기여하는 연구기관이 되기 위해 노력하고 있습니다.		

기업(관)명	국립환경과학원		
홈페이지	http://www.nier.go.kr		
주 소	인천광역시 서구 환경로 42		
	o 국립환경과학원은 1978년 설립되었으며, 현재 5부 17과 5연구소 4센터로 구성된 국내 유일의 종합환경 정부연구기관임		
기업(관)소개	o 2020년 4월 현재, 총 946명의 인력이 국가 환경질개선연구, 국민건강 보호 연구, 미래지향적 환경연구에 역점을 두고 미세먼지, 야생동물에 의한 전염병, 4대강 녹조, 가습기 살균제, 디젤차 배출가스 등 환경현안 대응을 위한 연구와 환경저액 지원업무를 수행하고 있음		
	ㅇ 제목 : 수생태계 건강성이 내재화된 하천 연속성 확보 정책 추진		
정책홍보	o 목적 : 수생태계 연속성 회복으로 하천의 종·횡적 생태연결성 확보		
	 주요내용 - (추진체계) 하천 수생태계 연속성 조사 및 평가방법·기준 마련 등 - (제도개선) 그간 사업과의 연계 및 물환경 정책 전반에 대한 고려 - (홍보강화) 관계기관 협의체 및 시민참여 등 자발적 참여 기반 확대 		

기업(관)명	(주)이바이오젠				
홈페이지	www.e-biogen.com				
주 소	서울특별시 영등포구 선유로13길 25, 에이스하이테크시티2, 304호				
기업(관)소개	(주)이바이오젠은 2007년 1월에 설립하여 지속적인 성장을 거듭하고 있으며 앞으로의 성장이 더욱 기대되는 바이오벤처 중소기업입니다. 주요사업은 생명공학 및 바이오관련 연구개발을 위한 실험분석 서비스와 질병/환경/생활에 적용가능한 바이오칩(DNA칩/단백질칩)과 진단키트 제품을 개발하고 있습니다. 당사의 세부적은 사업내용은 아래와 같고 이바이오젠과 함께 미래를 개척해 나갈 인재를 모시고자 하오니 많은 관심 부탁드립니다. (주요 제품/서비스) - NGS(RNA-Seq/ChIP-Seq/Methyl-Seq) 실험분석 서비스 / Microarray 실험분석 서비스 - PCR-Array 및 qRT-PCR 실험분석 서비스 / Antibody Array / ELISA 실험분석 서비스 - BioResearch 관련 Reagent & Kit, Software 제품 판매 - 질환연구용 DNA칩 및 단백질칩 제품개발 / 진단키트 및 진단시스템 개발				
채용정보	- 모집분야: 연구원 0명, 학술마케팅 0명, 기술영업 0명 - 전공분야: 바이오 / 생명공학 / 이공계 전공자 - 지원자격: 학사졸업 이상 또는 졸업예정자 - 우대사항: 능동적이고 성실한 인재, 영어회화 가능자 - 채용방법: 서류전형, 면접(면접시 자기소개 5분 PT발표) - 급여조건: 2,800만원부터 (면접후 결정) - 제출서류: 이력서(자유양식), 자기소개서 - 제출방법: 이메일 service@e-biogen.com				
담당자	유진아 대리				
연락처	02-3141-9791	이메일	info@e-biogen.com		

Supported by

한국기초과학지원연구원

해양생태계교란유해생물사업단

(주)이바이오젠

세계김치연구소

(주)대한바이오팜

젠큐브(주)

가천대학교 생태학 실험실

(주)바이오피아

인터페이스 엔지니어링

사이언 인스트루먼츠 코리아

रीकिकोति कि कि कार्य कार्य कार्य

不二心(고객의 마음과 나의 마음은 하나)의 고객 중심 경영으로 **대한바이오팜 주식회사**는 한방의 우수한 처방을 기반으로 하여 먹기 좋고 건강에도 좋은 한방의 장점을 확대한 고품질의 우수한 제품 개발 및 전통한방제제의 제형 개발과 원료물질의 과학화를 통한 안전성 및 표준화를 이루어 고부가가치를 창출하는 한방바이오 전문 기업으로 발전하고 있습니다

믿음과 신뢰의 제조장인

특허등록

청간플러스(CGX):

- 간보호, 간섬유화 또는 간경화의 예방 및 치료용 조성물

녹용추출물 :

- 녹용추출물을 유효성분으로 하는
 에센스 화장료 조성물
- 녹용추출물을 유효성분으로 하는 피부 트러블 개선용 크림 조성물
- 녹용추출물을 포함하는 마스크팩
 아로니아추출물: 아로니아 추출물을

포함하는 항산화 조성물

모링가추출물 : 아미노산 함량이

증진된 모링가 발효 분말

침향 조성물 :

- 당귀, 산수유, 녹용, 홍삼, 숙지황, 침향 및 벌꿀을 포함하는 항염증 조성물
- 침향을 포함하는 공진액 조성물 기타 :
- 한약재 추출물을 포함하는 피부 주름개선, 미백 및 항염증용 조성물

대한바이오팜 보유기술

R&D(연구개발)

건칠 추출물 :

기능성 소화불량완화 [대전대학교 산학협력단 손창규교수진]

육두구 추출물 :

항노화 및 항산화 건강기능 식품 개발 [한국기초과학지원연구원 공동개발]

동충하초 추출물 :

동충하초를 활용한 면역증강 기능성 식품 개발을 위한 연구 [대전대학교 산학협력단 한종민교수진]

기술실시권

육두구 추출물 : 육두구 추출물 또는 이로부터 분리된 리그난계 화합물을 함유하는 시르투인 활성 화에 의해 매개되는 질환의 예방 또는 치료용 조성물

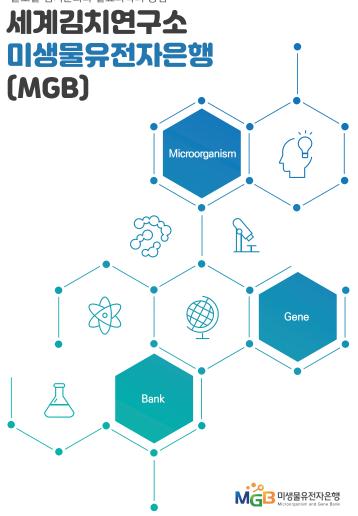
특허출원

산사·택란: 10-2018-0128949 복어독: 10-2019-0000884 모링가: 10-2020-0024513 옻나무: 10-2018-0018776

인증현황

ISO 인증 :

ISO9001:2015 ISO14001:2015 ISO22000:2018 ISO45001:2018 글로벌 김치문화와 발효과학의 중심



사업 분야

김치미생물 자원 확보

- 김치(지역별/종류별) 및 김치 원·부재료 유래 유산균 36종, 김치 골마지 효모 4종 등 총 40종, 약 700 균주 보유
- 타 미생물 분양기관 미보유 김치유산균 19종 확보

미생물유전자은행 보유균주

Lactobacillus Weissella koreensis Lactobacillus curvatus Leuconostoc carnosum Lactobacillus sakei Weissella confusa Leuconostoc citreum Lactobacillus parabuchneri Weissella cibaria Leuconostoc kimchii Lactobacillus plantarum Leuconostoc lactis Weissella viridescens Lactobacillus paraplantarum Leuconostoc mesenteroides Weissella soli Weissella hellenica Lactobacillus casei Leuconostoc Lactobacillus paracasei pseudomesenteroides Weissella orvzae Lactobacillus brevis . Leuconostoc holzapfelii Lactobacillus parabrevis Leuconostoc miyukkimchii . Lactobacillus saniviri Leuconostoc hellenica Lactobacillus pentosus Leuconostoc gelidum Lactobacillus alimentarius Pediococcus Pediococcus pentosaceus Enterococcus gallinarum Lactococcus lactis Pediococcus inopinatus Enterococcus faecium Pediococcus acidilactici Candida Streptococcus Kazachstania Streptococcus gallolyticus Kazachstania servazzii Candida sake Kazachstania harnettii Candida vartiovaarae

김치미생물 자원 공유(분양/기탁)



김치미생물 자원 분양

• 미생물 자원 분양 신청 절차



미생물 기탁

• 일반기탁

생명공학, 유전학, 식품, 생화학 등과 관련된 연구, 산업, 교육에 유용한 세균을 대상으로 하며, 기탁된 균주는 세계김치연구소 미생물유전자은행에서 장기보존하며 기탁자와 다른 연구자들이 기탁된 미생물 자원을 공유할 수 있도록 서비스하는 체제



• 안전기탁

연구소나 기업 등에서 유용한 특성을 나타내는 균주를 분리하여 안전하게 보존해야할 필요가 있는 경우, 세계김치연구소 미생물유전자은행이 이러한 미생물 자원을 안전하게 보존해 주는 서비스로 기탁자 이외에는 기탁된 미생물을 이용할 수 없는 제도



김치미생물 자원 분양문의

• 홈페이지 1.세계김치연구소 www.wikim.re.kr를 통해 배너 접속 2.미생물유전자은행 https://mgb.wikim.re.kr 에 직접 접속

● 전 화 062-610-1723

• 이 메일 korkimchiman@wikim.re.kr



KBSI는 연구시설장비 혁신을 선도하는 세계일류의 기초연구 인프라 기관입니다.

한국기초과학지원연구원은

기초과학 연구자의 창의적인 연구 아이디어 구현을 선도하고, 세계적 대형 연구장비 운영, 차세대 분석 장비 및 분석기술 개발, 기초원천 및 융합연구 등 개방형 연구협력을 통해 세계 최고 수준의 기초과학 연구 성과를 창출해 나가겠습니다.



