

# 2024 한국환경생물학회 정기학술대회

## 인공지능시대의 생물다양성보존과 기후변화대응

2024년 10월 16일(수) ~ 18일(금)

소노캄 여수



**주최**  **한국환경생물학회**  
Korean Society of Environmental Biology

**후원**  **한국기초과학지원연구원**  
KOREA BASIC SCIENCE INSTITUTE

 **Marine Act** co.

 **한국과학창의재단**  
Korea Foundation for the Advancement of Science & Creativity

 **국립호남권생물자원관**  
Honam National Institute of Biological Resources

 **국립생태원**  
NATIONAL INSTITUTE OF ECOLOGY

 **KIOST**  
한국해양과학기술원  
Korea Institute of Ocean Science & Technology

 **국립해양생물지원관**  
NATIONAL MARINE BIODIVERSITY INSTITUTE OF KOREA

 **연세대학교 교양교육연구소**  
RESEARCH INSTITUTE FOR LIBERAL EDUCATION  
YONSEI UNIVERSITY

 **NEB**

 **제주대학교 자율운영중점연구소**

 **SEEDERS**



# 2024 한국환경생물학회 정기학술대회

인공지능시대의 생물다양성보존과 기후변화대응

2024년 10월 16일(수) ~ 18일(금)

소노캄 여수



QR코드 스캔 후, 초록집 다운로드 가능합니다.

2024년 한국환경생물학회  
정기학술대회 초록집

**주최** 한국환경생물학회

**후원** 한국기초과학지원연구원, 국립호남권생물자원관, 국립해양생물자원관, (주)마린액트, 국립생태원,  
연세대 교양교육연구소, 제주대 기초과학연구소, 한국과학창의재단, 한국해양과학기술원, (주)엔이비, (주)씨더스



# Opening remarks

존경하는 한국환경생물학회 회원 여러분,

2024년 가을, 한국환경생물학회 정기학술대회에 여러분을 모실 수 있어 매우 기쁘게 생각합니다. 바쁜 일정 중에도 학회에 꾸준히 참석하시고 따뜻한 관심을 보내주시는 회원 여러분께 깊이 감사드립니다.

올해 정기학술대회는 아름다운 해양 도시 여수에서 10월 16일부터 18일까지 열리며, 이번 대회의 주제는 “인공지능시대의 생물다양성 보존과 기후변화 대응”입니다. 급변하는 시대 속에서 환경생물학의 중요성이 나날이 커지고 있는 만큼, 이번 학술대회는 환경생물학의 현안과 미래를 조명하는 소중한 시간이 될 것입니다.

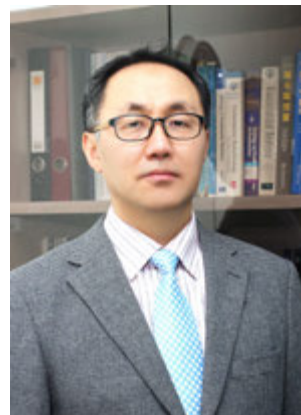
대회 첫날인 10월 16일에는 상명대학교 김창배 교수님과 노트스퀘어 이준혁 대표님의 기조 강연을 통해 인공지능 기술을 활용한 생물 이미지 판별 및 환경 분석에 대한 최신 연구 성과를 공유할 예정입니다. 또한, 연구자들에게 인공지능 기술이 어떤 방식으로 기여할 수 있는지에 대한 깊이 있는 논의도 이어질 것입니다.

이어지는 10월 17일과 18일에는 다양한 특별 세션들이 준비되어 있습니다. “생물다양성 모니터링 시스템”, “기후변화에 대응한 생물다양성 보존”, 그리고 “미생물의 생태적 공진화와 사회적 역할” 등 주제별로 심도 깊은 발표와 토론이 진행될 예정입니다. 또한, 런치워크숍에서는 연세대학교 이태권 교수님이 환경 빅데이터를 활용한 환경위험도 평가에 대한 실질적인 연구 사례를 발표하며, 실무적인 통찰을 제공할 것입니다.

이번 학술대회를 통해 환경생물학 연구자들 간의 지식 공유는 물론, 최신 연구 동향을 파악하고 미래 방향을 논의하는 중요한 시간이 되리라 기대하고 있습니다. 더불어 학생 및 신진 연구자들의 발표와 함께, 다양한 기업과의 협력을 통한 연구 성과 발표도 예정되어 있어 더욱 풍성한 학술 교류의 장이 될 것입니다.

대회를 준비해주신 임원진 여러분, 후원해 주신 기업 및 기관, 그리고 각 발표자 및 참가자 여러분께 다시 한 번 깊은 감사의 말씀을 드립니다. 이번 정기학술대회가 회원 여러분 모두에게 뜻깊고 유익한 시간이 되기를 진심으로 기원하며, 아름다운 여수에서 건강한 모습으로 뵙기를 기대합니다.

감사합니다.



2024년 9월 30일

한국환경생물학 회장 김백호

## Program Table

<b>Title</b>	2024년도 한국환경생물학회 정기학술대회
<b>Date</b>	Oct. 16(Wed) ~ 18(Fri), 2024
<b>Venue</b>	소노캄 여수
<b>Theme</b>	인공지능시대의 생물다양성보존과 기후변화 대응

10월 16일(수)	
시 간	주요 행사
12:30~	등록 및 포스터 게시
13:30~15:20	학생 구두발표1 (그랜드볼룸 I)      학생 구두발표2 (그랜드볼룸 II)
15:20~15:30	Coffee Break (E-부스 상영)
15:30~15:45	개회식 (그랜드볼룸 I) 사회: 이강현 총무이사((주)마린액트) 개회사: 김백호 회장(한양대학교) 축사: 장만 박사((사)원정연구원)
15:45~15:50	단체사진 촬영 (그랜드볼룸 I)
15:50~16:20	기조 강연1 (그랜드볼룸 I) 김창배 교수(상명대학교) "인공지능 기술을 이용한 생물 이미지 판별과 환경 DNA분석"
16:20~16:50	기조 강연2 (그랜드볼룸 I) 이준혁 대표((주)노트스퀘어) "AI의 과거와 미래: 연구자를 위한 인공지능 발전사와 앞으로의 연구 자세"
16:50~17:00	Coffee Break (E-부스 상영)
17:00~18:20	일반 구두발표 (그랜드볼룸 I)      일반 & 신진연구자 구두발표 (그랜드볼룸 II)
18:30~	이사회회의

Poster & Exhibition

10월 17일(목)				
시 간	주요 행사			
09:00~	등록			
09:30~11:30	특별세션1 (그랜드볼룸 I) "Biodiversity monitoring system and sustainable use of bioresource as the effects of climate & environment change"	특별세션2 (그랜드볼룸 II) "생물다양성 보존과 기후변화대응을 위한 AI와 교양교육"	한국과학창의재단 워크숍 A-1 (사파이어Ⅲ)	
11:30~11:50	Coffee Break (E-부스 상영)			
11:50~12:50	Lunch / 런치워크숍 (그랜드볼룸 I) (중식 제공 - 신청자에 한함) 이태권 교수(연세대학교) "환경빅데이터와 공간분석기법을 활용한 환경위험도평가 및 주요연구대상지역 선정연구"			
12:50~13:00	Coffee Break (E-부스 상영)			
13:00~15:00	특별세션3 (그랜드볼룸 I) "Coevolution of microorganism; its ecological and social niches in our ecosystem"	특별세션4 (그랜드볼룸 II) "생물재난 대응을 위한 환경, 생물 & 분석과학"	특별세션5 (릴리 I) "해양생명자원 산업계 ABS 역량강화 교육" (13:00~17:00)	특별세션6 (사파이어 II) "기후위기, 국민들은 얼마나 체감하고 있나?"
15:00~16:10	수다스런 포스터발표 (Student Mixer) - 2층 로비 & 사파이어 I			
16:10~17:00	제3회 구양환경생물학상 시상식 및 수상자 특별강연1 (그랜드볼룸) 백승호 박사(한국해양과학기술원) "우리나라 적조생물 대발생 / 소멸 기작 및 국가대응 전략"			
17:00~17:05	사진 촬영 (그랜드볼룸)			
17:05~17:25	정기총회 (그랜드볼룸)			
17:25~	시상식 및 간담회(만찬 제공) (그랜드볼룸)			

Poster & Exhibition

10월 18일(금)			
09:00~	등록		
09:30~11:30	특별세션7 (그랜드볼룸 I) “학계와 기업의 환경생물 연구소개”	특별세션8 (그랜드볼룸 II) “인수공통감염병 전파에 대한 생태학적 해석의 필요성”	Poster & Exhibition
11:30~11:50	Coffee Break (E-부스 상영)		
11:50~12:20	특별강연2 (그랜드볼룸 I) 신현호 신임교수(부경대학교) “해양식물플랑크톤 기탁등록보존기관, 그리고 유용 미세조류 자원의 확보, 관리와 활용 연구”		
12:20~12:40	학회상 및 구두발표, 포스터발표 시상식 및 폐회식 (경품이벤트)		

본 사업은 기획재정부의 복권기금 및 과학기술정보통신부의 과학기술진흥기금으로 추진되어 사회적 가치 실현과 국가 과학기술 발전에 기여합니다.



# Contents

■ 모시는 글	
■ Schedule	
▣ 기초강연 1 .....	1
↳ 인공지능 기술을 이용한 생물 이미지 판별과 환경 DNA분석	
▣ 기초강연 2 .....	5
↳ AI의 과거와 미래: 연구자를 위한 인공지능 발전사와 앞으로의 연구 자세	
▣ 런천워크숍 .....	9
↳ Geospatial analysis for identifying risk zones of groundwater contamination and enhancing water quality management	
▣ 특별강연 1 .....	13
↳ 우리나라 적조생물 대발생/소멸기작 및 국가 대응 전략	
▣ 특별강연 2 .....	17
↳ 해양식물플랑크톤 기탁등록보존기관, 그리고 유용 미세조류 자원의 확보, 관리와 활용 연구	
▣ 특별세션 1 .....	23
↳ Biodiversity monitoring system and sustainable use of bioresource as the effects of climate & environment change	
▣ 특별세션 2 .....	31
↳ 생물다양성 보존과 기후변화대응을 위한 AI와 교양교육	
▣ 특별세션 3 .....	37
↳ Coevolution of microorganism; its ecological and social niches in our ecosystem	
▣ 특별세션 4 .....	45
↳ 생물재난 대응을 위한 환경, 생물 & 분석과학	

■ 특별세션 5 .....	53
↳ 해양생명자원 산업계 ABS 역량강화 교육	
■ 특별세션 6 .....	55
↳ 기후위기, 국민들은 얼마나 체감하고 있나?	
■ 특별세션 7 .....	59
↳ 학계와 기업의 환경생물 연구소개	
■ 특별세션 8 .....	69
↳ 인수공통감염병 전파에 대한 생태학적 해석의 필요성	
■ 한국과학창의재단 워크숍 .....	77
↳ 내 연구를 대중에게 효과적으로 전달하는 방법 <1:1 미디어 소통 워크숍>	
■ 구두 발표 .....	79
↳ 일반 구두발표 / 81	
↳ 일반 & 신진연구자 구두발표 / 87	
↳ 학생 구두발표 1 / 95	
↳ 학생 구두발표 2 / 107	
■ 포스터 발표 .....	117
↳ 1. 유해생물 / 125	
↳ 2. 바이오에너지 / 129	
↳ 3. 동물생태·분류·유전 / 130	
↳ 4. 식물생태·분류·유전 / 134	
↳ 5. 미생물생태·분류·유전 / 136	
↳ 6. 생물다양성 및 생물모니터링 / 147	
↳ 7. 생태독성 및 환경호르몬 / 174	
↳ 8. 재난분석과학 / 176	
↳ 9. 기타 / 178	
■ Exhibition .....	188



2024 한국환경생물학회 정기학술대회

## 기조강연 1 (Plenary Lecture 1)

일 시: 2024년 10월 16일(수) 15:50 - 16:20

장 소: 그랜드볼룸 I (Grand Ballroom I)

좌장: 안치용/한국생명공학연구원

15:50 - 16:20

PL-1

인공지능 기술을 이용한 생물 이미지 판별과 환경 DNA분석  
김창배(상명대학교)





PL-1

## 인공지능 기술을 이용한 생물 이미지 판별과 환경 DNA분석

김창배<sup>PC</sup>

상명대학교 생명공학전공

생명과학은 빅데이터 시대에 핵심 분야가 되었다. 빅데이터를 분석하여 의미를 찾아내는 방법으로 현재 인공지능 기술이 가장 유력하다. 국내에서 인공지능 기술을 적용하여 바이오 빅데이터를 분석하고 활용한 연구는 의료보건에 집중되어 있는 실정이다. 이에 비하여 분류 생태 환경생물 생물다양성 보전 분야에서는 상대적으로 미약하다. 본 강연에서는 인공지능 기술을 이용하여 생물 이미지를 판별하고 환경 DNA분석하는 연구 사례들을 소개하고자 한다. 이를 통하여 국내 관련분야의 활성화를 유도하고자 한다. 생물 이미지 분석은 심층학습 모델을 적용하여 멸종위기종을 판별하여 보전에 기여하는 기술 기반을 소개하고, 환경DNA는 환경 multi-omics경향을 소개하면서 metabarcoding 데이터를 분류하는데 사용되는 OTU ASV 기법을 개선한 비지도학습 모델을 소개하고자 한다. 또한, 생성형 모델을 적용한 선행연구 사례들도 간단히 소개한다. 마지막으로, 빅데이터활용 전문인력양성의 중요성을 강조하고 관련 국가사업의 확대를 제안하고자 한다.

교신저자 E-mail: [evodevo@smu.ac.kr](mailto:evodevo@smu.ac.kr)





2024 한국환경생물학회 정기학술대회

## 기초강연 2 (Plenary Lecture 2)

일 시: 2024년 10월 16일(수) 16:20 - 16:50

장 소: 그랜드볼룸 I (Grand Ballroom I)

좌장: 문성대/(주)엔이비

16:20 - 16:50

PL-2

AI의 과거와 미래: 연구자를 위한 인공지능 발전사와 앞으로의 연구 자세

이준혁 ((주)노트스퀘어)







PL-2

## AI의 과거와 미래: 연구자를 위한 인공지능 발전사와 앞으로의 연구 자세

이준혁<sup>PC</sup>

주식회사 노트스퀘어

인공지능(AI)은 컴퓨터 과학의 한 분야로 시작되어 오늘날 우리 삶의 모든 영역에 영향을 미치는 혁명적인 기술로 발전했습니다. 본 발표에서는 AI의 역사적 발전 과정을 살펴보고, 현재 AI 연구의 주요 동향을 분석하며, AI 연구자들이 아닌 다른 분야의 학자들이 준비해야 할 자세에 대해 논의합니다. 먼저, AI의 역사적 발전 과정을 1950년대 초기 연구부터 현재까지 주요 사건과 breakthrough를 중심으로 개관합니다. 튜링 테스트의 제안, 전문가 시스템의 등장, 신경망과 딥러닝의 발전, 그리고 최근의 대규모 언어 모델과 생성형 AI의 출현 등 주요 이정표를 살펴봅니다. 다음으로, 농업과 기상예측 분야에서 새로운 AI 모델들의 가능성을 분석합니다. 농업 분야에서는 작물 생육 모니터링, 병해충 예측, 정밀 농업을 위한 AI 모델의 응용을 살펴봅니다. 기상예측 분야에서는 딥러닝 기반의 단기 및 장기 기후 예측 모델, 극단적 기상 현상 예측을 위한 AI 시스템, 그리고 기후 변화 시나리오 분석을 위한 AI 활용 등을 소개합니다. 두 분야에서 AI의 활용이 가져올 수 있는 경제적, 환경적 이점과 함께 데이터 품질, 모델의 해석 가능성, 윤리적 고려사항 등 주요 과제들도 논의합니다. 마지막으로, 미래 AI 기술 발전에 발맞춰나가기 위해 연구자들이 갖추어야 할 자세에 대해 논의합니다. 학제간 협력의 중요성, 지속적인 학습과 적응력, 윤리적 책임감, 창의적 문제 해결 능력 등을 강조합니다. 또한 AI 기술의 사회적 영향을 고려하는 넓은 시야와 인문학적 소양의 필요성도 제시합니다. 결론적으로, AI는 빠르게 발전하는 분야로 연구자들에게 끊임없는 도전과 기회를 제공합니다. 과거의 교훈을 바탕으로 현재의 도전에 대응하고, 미래를 준비하는 자세가 중요합니다. 본 발표를 통해 연구자들이 자신의 역할과 책임을 재고하고, 더 나은 미래를 위한 AI 발전에 기여할 수 있기를 기대합니다.

교신저자 E-mail: [jlee@notesquare.co.kr](mailto:jlee@notesquare.co.kr)





2024 한국환경생물학회 정기학술대회

## 런천워크숍(Luncheon Workshop)

일 시: 2024년 10월 17일(목) 11:50 - 12:50

장 소: 그랜드볼룸 I (Grand Ballroom I)

좌장: 이혁제/상지대학교

11:50 - 12:50 Workshop

Geospatial analysis for identifying risk zones of groundwater contamination and enhancing water quality management

Tae Kwon Lee (Yonsei University)





## workshop

## Geospatial analysis for identifying risk zones of groundwater contamination and enhancing water quality management

Tae Kwon Lee<sup>PC</sup>

Department of Environmental and Energy Engineering, Yonsei University,  
Wonju 26493, Republic of Korea

Groundwater contamination presents major challenges to public health and environmental sustainability, requiring prompt and effective management strategies. Although traditional water quality monitoring provides essential data, integrating spatial analysis is crucial for understanding and controlling the spread of pollutants in interconnected aquifer systems. This study aims to apply advanced geospatial techniques to assess risk zones of water quality deterioration, focusing on key water quality indicators such as nitrate, ammonia, heavy metals, and other chemical pollutants. Geostatistical methods, including Moran's I, joint count statistics, and spatial continuity analysis, were employed to examine the spatial patterns of water quality parameters across 2,349 groundwater wells in Chungcheongnam-do, South Korea. By identifying areas of significant spatial correlation, this study contributes to a more comprehensive understanding of pollutant distribution patterns and potential hotspots for contamination. The findings underscore the importance of spatial approaches in groundwater management, offering valuable insights for local authorities to develop targeted environmental monitoring programs and implement region-specific water quality management policies. This research highlights the utility of geospatial analysis as a vital tool in strengthening groundwater protection measures, with implications for improving both environmental health and public safety.

**Corresponding author E-mail:** [tklee@yonsei.ac.kr](mailto:tklee@yonsei.ac.kr)





2024 한국환경생물학회 정기학술대회

(제3회 구양환경생물학상 수상자 발표)

## 특별강연 1 (Special Lecture 1)

일 시: 2024년 10월 17일(목) 16:30 - 17:00

장 소: 그랜드볼룸 I (Grand Ballroom I)

좌장: 오히목/한국생명공학연구원

16:30 - 17:00

SL-1

우리나라 적조생물 대발생 / 소멸기작 및 국가 대응 전략  
백승호 (한국해양과학기술원)







SL-1

## 우리나라 적조생물 대발생/소멸기작 및 국가 대응 전략

백승호<sup>1</sup>, 임영균<sup>2</sup>

<sup>1</sup>한국해양과학기술원 생태위해성연구부

<sup>2</sup>기후대응생태연구부

1970년대 한국 연안에서 적조는 일부 반폐쇄성 내만 해역에서 간헐적으로 관찰되었으나, 1980년대 이후부터 적조 발생 건수가 급격히 증가하기 시작했다. 특히 1990년대 이후에는 적조 발생 건수의 증가와 발생 해역의 광역화는 물론, 적조 원인 생물종이 규조류에서 와편모조류로 바뀌는 특징을 보였다. 와편모조류 *Cochlodinium polykrikoides*에 의한 적조는 1995년부터 2015년까지 매년 높은 밀도로 출현하여 수산업에 치명적인 피해를 유발하였다. 이러한 이유로, 정부는 국무총리를 중앙재난대책본부 본부장으로 하여 적조 발생에 국가 차원에서 대응하고 있다. 그 대응 체계는 크게 4단계로 나뉘며, 각 단계별 행동 지침이 명확하게 제시되어 있다. 관심 단계에서는 매년 하계로 접어드는 6월부터 적조 징후 활동을 감시한다. 주의 단계(적조 예비주의보: 10개체 이상/ml)에서는 정부 산하 기관의 협조 체계를 가동하고 대비 태세를 점검한다. 경계 단계(적조 주의보: 100개체 이상/ml, 반경 2~5km 수역에서 발생하며 어업 피해가 우려될 때)에서는 즉각 대응 태세에 돌입한다. 심각 단계(1,000개체 이상/ml, 반경 5km 이상 수역에서 발생하여 상당한 어업 피해가 예상될 때)에서는 국가 차원의 총력 대응 태세에 돌입한다. 이와 같은 대응 전략과 더불어 국가 R&D 개발 사업이 적극 추진되었다. 관련 연구 대부분은 남해안에서의 적조 대발생과 관련된 연구로, 해양 플랑크톤 밀도를 실시간으로 감시하는 시스템을 통해 적조 발생을 예측하고 대비하는 연구가 주도적으로 이루어지고 있다. 또한, 적조가 대규모로 발생할 경우 인공위성이나 무인 기기를 이용하여 적조 상황을 관측하는 기술도 개발되었다. 지난 30년 동안 적조 원인 분석과 특정 플랑크톤 종의 성장 조건을 연구하여 적조를 유발하는 주요 요인을 규명하고, 해양 환경 변화와 적조 발생의 인과관계를 분석하는 등 다양한 연구가 진행되었다. 특히 어업 피해를 줄이기 위한 방안으로 황토나 점토, 살조세균, 살조물질 등을 이용한 적조 제어 시도가 있었지만, 현장 적용에 용이한 황토를 살포하여 적조 발생을 저감하는 방법이 주로 사용되어 왔다. 본 강연에서는 지난 15년 동안 수행한 다양한 국가 사업을 통해 얻은 적조 연구 결과를 바탕으로, 적조 발생 및 소멸 특성, 그리고 적조 제어에 대한 과학적 근거를 공유하고자 한다. 또한, 기후변화에 따른 적조 발생 양상과 미래 전망을 제시하며, 국가적으로 어떻게 대응하는 것이 바람직할지 제언할 것이다. 최근 기후변화로 인한 해수 온도 상승과 강수 패턴 변화에 따라 적조 발생 특성이 다르게 나타나고 있으며, 특히 아열대 및 열대 기원의 적조 생물이 우리나라와 같은 온난 해역에서 적조유발 가능성이 높다. 따라서 이와 같이 앞으로 다가올 기후변화와 함께 유해유독생물(Harmful Algal Blooms: HABs)의 영역 확장에 관한 선제적으로 대응하여 어업 피해를 최소화하며, 우리나라 고유의 해양 생태계를 보호할 수 있는 국가 전략이 중요하다고 하겠다.

교신저자 E-mail: baeksh@kiost.ac.kr





2024 한국환경생물학회 정기학술대회

(신임교수 축하 강연발표)

## 특별강연 2 (Special Lecture 2)

일 시: 2024년 10월 18일(금) 11:50 - 12:20

장 소: 그랜드볼룸 I (Grand Ballroom I)

좌장: 백승호/한국해양과학기술원

11:50 - 12:20

SL-2

해양식물플랑크톤 기탁등록보존기관, 그리고 유용 미세조류 자원의 확보, 관리와 활용 연구

신현호 (부경대학교)





SL-2

## 해양식물플랑크톤 기탁등록보존기관, 그리고 유용 미세조류 자원의 확보, 관리와 활용 연구

신현호<sup>PC</sup>

부경대학교 수산생명과학부

해양생명자원으로서 가치가 있는 다양하고 유용한 미세조류를 확보하여 데이터베이스를 구축하고, 분양하여 국내의 관련 연구, 교육, 산업 활성화를 목표로 해수부 지정 해양식물플랑크톤기탁 등록보존기관이 운영되고 있다. 해양식물플랑크톤 기탁등록보존기관은 유용한 식물플랑크톤의 대량 배양방법 모색과 장기 보존 방법, 신종 발굴, 식물플랑크톤 생리, 생태 파악 등에 관해서 연구를 수행하고 있다. 그리고, 웹기반 해양식물플랑크톤 자원 정보 관리/검색 시스템을 바탕으로, 다양한 해역에서 채집된 약 1,900 배양주를 보존/관리 하고 있으며, 많은 국내 대학 및 연구기관에 배양주를 분양하여, 훌륭한 연구성과가 창출되고 있다. 최근에는 한국연안에 분포하는 마비성 패류독소 원인 종들을 확보하고, 이 종들의 대량 배양에 성공하여 의약품 생산에 활용될 수 있는 소재 개발 연구와 불포화 지방산을 다량 함유하고 있는 유용 미세조류의 발굴 연구도 진행하고 있다. 본 강연에서는 한국에서 해양식물플랑크톤 기탁등록보존기관의 역할과 연구 활동에 대해서 구체적으로 소개하고자 한다.

교신저자 E-mail: shh961121@pknu.ac.kr





2024 한국환경생물학회 정기학술대회

## 특별세션 (Special Session)







## 특별세션 1

# Biodiversity monitoring system and sustainable use of bioresource as the effects of climate & environment change

일 시: 2024년 10월 17일(목) 09:30 - 11:30

장 소: 그랜드볼룸 I (Grand Ballroom I)

좌장: 서재화/국립생물자원관

09:30 - 10:00	S1-1	국내 기업의 생물다양성 대응을 위한 모니터링 및 프로젝트 추천 서비스 소개 박두병, 안지우 (땡스카본)
10:00 - 10:15	S1-2	수중관찰에 근거한 울릉도 연안성 어류의 종조성 특성 김병직 (국립생물자원관)
10:15 - 10:30	S1-3	우포늪의 탄소 저장량 및 미세조류의 기여도 규명 이상득 (국립낙동강생물자원관)
10:30 - 10:45	S1-4	Nature-based solutions utilizing biological resources for addressing climate and environmental issues Kira Moon (Honam National Institute of Biological Resources)
10:45 - 11:00	S1-5	Analysis of freshwater fish distribution shift in response to climate change based on Maxent Model Mi-Jung Bae (Nakdonggang National Institute of Biological Resources)
11:00 - 11:15	S1-6	Reconstructing past vegetation dynamics on the Korean Peninsula using eDNA analysis Chae Eun Lim (National Institute of Biological Resources)



S1-1

## 국내 기업의 생물다양성 대응을 위한 모니터링 및 프로젝트 추천 서비스 소개

박두병<sup>PC</sup>, 안지우<sup>P</sup>

땡스카본

본 연구는 기업의 ESG 공시 및 생물다양성 관리 수요 증가에 대응하기 위해 개발된 AI 기반 생물다양성 모니터링 및 프로젝트 제안 플랫폼 ‘테르(Terre)’를 소개한다. 국내 기업들은 TNFD, KCGS 기준에 맞는 ESG 프로젝트를 진행하는 데 있어 지역 및 산업 특성을 반영한 생물다양성 프로젝트를 기획하기 어려운 실정이다. 기존의 해외 기반 모니터링 플랫폼(ENCORE, IBAT 등)은 국내 데이터를 충분히 제공하지 않으며, 국내 사업장의 지역적 특수성도 반영하지 못할 뿐 아니라, 구체적인 프로젝트 실행안을 제시하지 않는 한계가 있다. 이에 땡스카본은 문헌조사와 현장조사를 통해 축적한 환경 데이터와 위성 데이터를 분석하여, 기업들이 관심 지역의 자연자본 리스크를 쉽게 파악할 수 있도록 시각화하였다. 이를 기반으로 국내 기업에 적합한 생물다양성 프로젝트를 제안하는 서비스를 개발하였다. 테르는 GIS 기반으로 데이터를 통합하고, 자연어 처리(Natural Language Processing) 기술을 통해 데이터를 그룹화하여 기업 맞춤형 프로젝트 주제를 도출한다. 또한, 땡스카본의 기존 위성 데이터 분석 AI 기술을 활용해 프로젝트 실행 후에도 지속적인 모니터링을 지원하여, 국내 기업이 효과적으로 ESG 프로젝트를 수행할 수 있도록 돕는다. 본 연구를 통해 개발된 ‘테르’ 플랫폼은 기업들이 ESG 공시를 위한 데이터를 보다 효율적으로 활용하고, 지역적 특수성을 반영한 생물다양성 프로젝트를 기획할 수 있는 도구로 자리를 잡을 수 있을 것으로 기대된다. 향후, 다양한 환경 및 생태적 요소를 통합하여 더욱 정교한 모니터링 및 평가를 할 수 있도록 플랫폼을 고도화할 계획이다.

교신저자 E-mail: moglypark@naver.com

S1-2

## 수중관찰에 근거한 울릉도 연안성 어류의 종조성 특성

김병직<sup>pc1</sup>, 김상길<sup>2</sup>, 이승현<sup>3</sup>, 김병일<sup>4</sup>, 송관영<sup>5</sup><sup>1</sup>국립생물자원관 기후·환경생물연구과<sup>2</sup>제주 굿다이버<sup>3</sup>피쉬본 제주<sup>4</sup>태평양다이빙스쿨<sup>5</sup>다이브허브

울릉도 연안성 어류자원의 서식 현황을 파악하기 위해 2021년부터 2023년까지 울릉도 연안 조하대의 총 52개 지점에서 SCUBA를 이용한 수중조사를 실시하였다. 2021년에는 총 24개 지점에서 37과 89종의 어류를 관찰하였고, 2022년에는 20개 지점에서 37과 88종을, 2023년도에는 41과 103종을 확인하였다. 선행 연구결과 등의 문헌 자료와 울릉도산 어류 표본 자료를 종합한 결과 울릉도 및 주변해역에는 총 16목 67과 174종의 어류가 출현하는 것으로 정리되었다. 목 분류군별로 이들의 구성을 살펴보면 농어목 어류가 40과 106종으로 절반 이상을 차지하였고, 다음으로는 쏨뱅이목 4과 29종, 복어목 3과 8종, 가자미목 2과 8종, 동갈치목 4과 4종, 큰가시고기목 2과 3종, 뱀장어목·송어목·달고기목이 1과 2종씩, 홍어목을 포함한 6개 목에서 각각 1과 1종씩 출현하였다. 종수에서는 양볼락과 어류가 17종으로 가장 많았으며, 망둑어과가 15종, 놀래기과 11종, 독중개과 8종, 촉수과·자리돔과·가자미과가 7종씩, 전갱이과 5종, 동갈돔과·황줄갑정어과·장갱이과·청베도라치과·취치과가 4종씩 포함되었다. FishBase의 어류 기후분포구분에 따라 울릉도 연안 해역의 어류 174종을 분석한 결과, 온대성 어류가 70종(40.2%), 열대성 어류가 52종(29.9%), 아열대성 어류가 41종(23.6%)을 차지하였으며, 열대·아열대성 어류가 93종으로 절반 이상을 차지하여 주목되었다. 동해의 대양성인 독도와 울릉도 주변해역에는 총 254종의 어류가 출현하는데, 그중 121종은 독도와 울릉도에서, 79종은 독도에서만, 54종은 울릉도에서만 출현하는 것으로 나타나 독도와 울릉도 주변해역의 어류상은 비슷하면서도 각각의 서로 다른 특성을 보여 면밀한 비교 연구가 요구된다. 특히, 울릉도 연안 해역에는 독도의 경우와 유사하게 제주도 연안 해역에서 주로 관찰되는 놀래기과·자리돔과·촉수과·동갈돔과 등 남방계 어류가 다수 출현하고 있어 수온, 해류 등 해양 물리학적 특성과의 연관성에 대한 심층 조사가 필요하다. 이번 조사 결과는 기후변동에 따른 동해의 천해역에 출현하는 어류의 분포 변화 등 장기적인 변화 관측에 중요한 기초자료로 활용될 것이다.

교신저자 E-mail: kimbyungjik@gmail.com

## S1-3

## 우포늪의 탄소 저장량 및 미세조류의 기여도 규명

이상득<sup>pc1</sup>, 구민화<sup>2</sup>, 권대률<sup>1</sup>, 박미례<sup>1</sup>, 신경훈<sup>2</sup>, 이승영<sup>1</sup><sup>1</sup>국립낙동강생물자원관 원생생물연구부<sup>2</sup>한양대학교 해양융합과학과

국립낙동강생물자원관은 담수 미세조류에 의한 우포늪 퇴적환경의 탄소 저장량을 규명하기 위해 (1) 우리나라 최대 자연 내륙습지인 우포늪 퇴적토의 총유기탄소(TOC)에 미치는 담수 미세조류의 탄소 저장 기여도 규명, (2) 우포늪 미세조류의 광합성 능력 분석을 통한 이산화탄소 흡수량 및 저장량 규명, (3) 우포늪 수체 내 미세조류의 퇴적 메커니즘 규명을 최종 목표로 연구를 수행하고 있다. '23년도(1차년도)에는 우포늪 내 5개 지점(23UPW01~05)에서 시추를 통해 각각 3.4m, 9.4m, 7.2m, 8.4m, 7.2m 깊이의 퇴적토를 채취하였으며, 10cm 간격으로 돌말류의 분포를 분석하였다. 분석 결과 각각 0.5m~0.9m, 0.0m~9.0m, 0.0m~4.8m, 0.0~7.7m, 0.0m~6.3m 구간에서 돌말류가 출현하였다. 출현한 돌말류는 LM과 FE-SEM을 통해 형태학적 형질을 분석하고, 종을 동정하였으며, 주로 우상형 돌말류가 출현하는 것을 확인할 수 있었다. 각각의 시추코어를 대상으로 깊이별 총유기탄소(TOC)를 분석하였으며, 그 결과, 우포늪의 퇴적토에는 약 11만 6천t의 탄소가 저장되어 있으며, 이는 자동차 약 28만대가 1년 동안 내뿜는 이산화탄소에 해당하는 양으로 파악되었다. 추가로, 연대분석을 통한 연간 퇴적률을 분석하여 우포늪에 매년 190t의 탄소가 새롭게 저장되고 있다는 것을 확인하였으며, 이는 자동차 약 464대가 일 년 동안 배출하는 이산화탄소와 같은 수준인 것으로 파악되었다. 또한, 우포늪에 살고 있는 식물플랑크톤 17종을 분리·배양하여, 필수 아미노산의 안정동위원소비를 분석하였고, 그 결과, 우포늪의 퇴적토에 저장된 탄소의 약 86%가 돌말류(규조류)에서 기인한다는 사실을 확인하였다.

교신저자 E-mail: diatom83@nnibr.re.kr

S1-4

## Nature-based solutions utilizing biological resources for addressing climate and environmental issues

Kira Moon<sup>P1</sup>, Nakyeong Lee<sup>1</sup>, Sang-Don Ryu<sup>1</sup>, Jina Lee<sup>1</sup>, Hyesun Song<sup>1</sup>, Seung Hui Song<sup>1</sup>, Yun Ji Kim<sup>1</sup>, Sung Moon Lee<sup>1</sup>, Se Won Chun<sup>1</sup>, Aslan Hwanhwi Lee<sup>1</sup>, and Kyung-Min Choi<sup>C2</sup>

<sup>1</sup>Honam National Institute of Biological Resources, Division of Environmental Materials

<sup>2</sup>Honam National Institute of Biological Resources, Department of Integrative Bioresources

Climate change poses significant threats to global ecosystems, accelerating biodiversity loss and environmental degradation. As human activities continue to disrupt natural systems, it is essential to seek sustainable solutions that address both climate change and biodiversity conservation. Nature-based Solutions (NbS) offer a promising pathway by leveraging natural processes to solve complex environmental challenges. NbS includes various strategies, such as forest restoration, green infrastructure, and coastal protection, which not only sequester carbon and reduce climate impacts but also preserve and enhance biodiversity. In this study, *Chlorella sorokiniana* JD1-1 (HNIBR-MA13), isolated from Jindo province, South Korea, was applied to demonstrate significant reductions in nitrogen, phosphorus, and carbon dioxide levels in livestock and sewage wastewaters. Microalgae bioremediation of wastewater is an effective NbS. Furthermore, the discovery and utilization of novel bacteriophages, such as vB\_VhaS-MS01, for controlling *Vibrio* infections (Vibriosis) offers an eco-friendly alternative to conventional antibiotics, addressing the growing issue of antibiotic residue accumulation and resistance. These case studies highlight the potential of NbS to tackle multiple environmental challenges in an integrated manner. By applying these strategies, we can promote ecological resilience, safeguard biodiversity, and create sustainable ecosystems that support both human and natural communities. This presentation underscores the importance of expanding NbS research and implementation as part of global efforts to combat climate change and foster environmental sustainability.

**Corresponding author E-mail:** kyungmc0111@hnibr.re.kr

S1-5

## Analysis of freshwater fish distribution shift in response to climate change based on Maxent Model

Mi-Jung Bae<sup>PC1</sup>, Seoha Kim<sup>1</sup>, Mi-Hwa Lee<sup>1</sup>, Dae-Seoul Lee<sup>2</sup>, Da-Yeong Lee<sup>2</sup>, and Young-Seuk Park<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Nakdonggang National Institute of Biological Resources, Sangju-si 37242, Korea

<sup>2</sup>Department of Biology, College of Sciences, Kyung Hee University, Seoul 02447, Korea

This study investigates the impacts of climate change on the distribution and diversity of freshwater fish species in South Korea. The research includes comprehensive data collection on a national scale, current status analysis of freshwater fish and predictions of species and community shifts based on climate change scenarios. Data were refined from nationwide freshwater fish surveys provided by the Water Environment Information System to determine the current distribution of freshwater fish species, focusing on structural and phylogenetic diversity. Structural diversity was assessed through species richness, occurrence patterns of nationally managed species (e.g., endangered species, endemic species, etc), and the Community Temperature Index (CTI), which reflects the average climate conditions preferred by biological communities and indicates ecological changes due to climate shifts. Phylogenetic diversity was evaluated based on phylogenetic distances among species identified at various survey sites. Predictive models were developed using the Maxent model, known for its high suitability and performance with non-parametric relationships and uncertain data. This model was employed to predict potential distribution changes for freshwater fish species under current conditions and future scenarios (SSP1-2.6 for low emissions and SSP5-8.5 for high emissions) projected for the 2050s and 2080s. The predicted results will be compared to the current status based on structural and phylogenetic diversity. Our findings predict which species or areas are most severely impacted by climate changes, providing essential insights for developing biodiversity conservation strategies in response to climate change.

**Corresponding author E-mail:** [mjbae@nnibr.re.kr](mailto:mjbae@nnibr.re.kr)

S1-6

## Reconstructing past vegetation dynamics on the Korean Peninsula using eDNA analysis

Jung A Kim, Yoonmjee Hong, Hye Sook Jeon, Jae-Hwa Suh, and Chae Eun Lim<sup>PC</sup>

Climate change and environmental biology research division,  
National Institute of Biological Resources, Incheon 22689, Korea

This study introduces environmental DNA (eDNA) analysis as a method to track paleoenvironmental changes, focusing on temperate wetlands in the Korean Peninsula, a region sensitive to climate change. Through eDNA analysis of soil sediment samples, we observed changes in flora, including aquatic plants, evergreen broad-leaved trees, and deciduous conifers, over time. These results were further supported by combining previous pollen data to provide a comprehensive view of past to present vegetation changes. Importantly, eDNA demonstrates the ability to improve biodiversity studies by identifying plant taxa that could not be detected by conventional pollen analysis. We also tried to develop an AI model to predict future biodiversity changes using correlations between temperature and taxonomic data from different eras. This integrated approach using eDNA and AI is expected to not only complement existing methods but also play an important role in future environmental monitoring and understanding of ecosystem dynamics.

**Corresponding author E-mail:** [chaelim@korea.kr](mailto:chaelim@korea.kr)



## 특별세션 2 (Special Session 2)

### 생물다양성 보존과 기후변화대응을 위한 AI와 교양교육

일 시: 2024년 10월 17일(목) 09:30 - 11:30

장 소: 그랜드볼룸Ⅱ(Grand Ballroom Ⅱ)

좌장: 신익상/성공회대학교

09:30 - 09:55	S2-1	생물다양성 보호와 AI 김응빈 (연세대학교)
09:55 - 10:20	S2-2	존재적 연장능력과 다수성: 생명의 다수성(multiplicity)과 존재적 다원주의(ontic pluralism)의 가능성 탐구 박일준 (원광대학교)
10:20 - 10:45	S2-3	AI시대 기후역사교양의 힘 박혜정 (연세대학교)
10:45 - 11:10	S2-4	비전공자를 위한 AI 수업에서의 환경 문제 해결 프로젝트 사례 손의성 (연세대학교)
11:10 - 11:30	패널토론	토의 및 전문가 의견 수렴 패널위원: 김학철 (연세대학교), 장수철 (연세대학교)



S2-1

## 생물다양성 보호와 AI

김응빈<sup>PC</sup>

연세대학교 시스템생물학과

이 발표에서는 생물다양성 보호에서 AI의 실질적인 활용 사례와 향후 기대되는 분야를 포괄적으로 검토한다. 현재 AI는 머신러닝과 컴퓨터 비전 기술을 이용하여 다양한 종을 자동으로 식별하고 분류하는 데 널리 사용되고 있다. 예를 들어, 카메라 트랩과 드론에서 수집된 데이터를 분석해 동물의 서식지 내 활동을 실시간으로 모니터링하고, 특정 종의 개체 수, 행동 패턴, 그리고 서식지 변화를 추적하는 데 성공적으로 적용되고 있다. 위성 데이터와 지리정보시스템(GIS)을 결합한 AI 분석을 통해 서식지 변화와 인간 활동이 생물다양성에 미치는 영향을 평가하는 연구도 활발히 진행 중이다. 이러한 AI 기술은 전 세계 자연 보호 기관에서 이미 밀렵 방지와 멸종위기종 보호에 필수적인 임무를 수행하고 있다. 예를 들어, AI는 종의 이동 경로와 행동 패턴을 분석하여 밀렵 위험 지역을 예측하고, 실시간 모니터링을 강화하는 데 이바지하고 있다. 향후 기대되는 AI 활용 분야로는 유전자 데이터 분석과 생태계 예측 모델링이 있다. AI는 대규모 유전자 데이터를 처리하여 생물의 유전자 다양성을 평가하고, 이를 바탕으로 멸종위기종의 진화적 잠재력과 복원력을 예측하는 데 더욱 중요한 도구로 활용될 전망이다. 또한, 기후 변화와 인간 활동에 따른 생태계 변화를 예측하는 AI 모델은 미래의 생물다양성 보존 전략을 수립하는 데 핵심적인 역할을 할 것이다. 아울러 시민 과학 데이터의 방대한 분석도 AI의 기대 분야 중 하나로, 대중이 수집한 생물종 데이터를 정밀하게 분석하여 생물다양성 변화와 새로운 생태학적 패턴을 발견하는데 한몫할 것으로 보인다. AI는 생물다양성 보호의 효율성과 정확성을 극대화하는 데 중요한 도구로 자리 잡고 있으며, 향후 관련 연구와 기술 발전을 통해 더욱 포괄적이고 정교한 생물다양성 보존 전략 수립에 중요한 역할을 할 것으로 기대된다.

교신저자 E-mail: eungbin@yonsei.ac.kr

S2-2

## 존재적 연장능력과 다수성: 생명의 다수성(multiplicity)과 존재적 다원주의(ontic pluralism)의 가능성 탐구

박일준<sup>PC</sup>

원광대학교 기후인문학연구소

철학자 알랭 바디우(Alan Badiou)가 언급하듯, 존재는 다수(the multiple) 혹은 다수성(multiplicity)이다. 공생(symbiosis)라는 말이 탄생한 자리가 곰팡이균(fungus)과 조류(algae)의 ‘한 집 두 살림’으로부터 시작되었듯, 존재하는 것은 그 어떤 것도 ‘홀로’ 존재하지 않는다. 존재는 존재하는 것들의 ‘얽힘’(entanglement) 속에서 일어나는 것이며, 이것이 ‘다수성으로서의 존재’가 의미하는 바이다. 카렌 바라드(Karen Barad)는 ‘존재’가 ‘개체들 간의 상호작용(inter-action)’으로 구성되는 것이 아니라, 오히려 ‘얽힘’이라는 작용의 내부에서 일어나는 ‘내적-작용’(intra-action)임을 알려주고 있다. 본 논문은 존재를 실체나 개체 혹은 명사적 행위주체로 파악하던 우리의 관념들을 뒤집어, 오히려 개체로 여겨지는 존재들 사이를 연결하는 힘 혹은 연결능력이 존재이며, 이 힘을 ‘연장능력’(extendibility)임을 제안한다. 에너지의 흐름이라는 근원적 차원에서 이 힘은 생성(regeneration)과 분해(decomposition)의 힘으로 나타나며, 고등 유기체 차원을 포함한 환경의 수준에서 이 힘은, 브루노 라투르(Bruno Latour)가 표현하듯이, 다양한 존재양식들의 흐름과 운동들이 교차하고 엇갈리며 연출하는 ‘교차’(crossing)으로 나타난다. 본고는 이 다양한 교차들 위에서 연출되는 ‘연장력’을 통해 존재를 소묘하고자 한다.

교신저자 E-mail: iljoon85@gmail.com

S2-3

## AI시대 기후역사교양의 힘

박혜정<sup>PC</sup>

연세대학교 교양교육연구소

본 연구는 날로 진화하는 기후과학이 주도하는 기후변화의 빅퀘스천에 대응하여 역사적 관점에서 함양할 수 있는 기후교양의 내용과 방법을 모색한 결과물이다. 기후과학의 대표적인 방법론인 기후모델 시뮬레이션은 현재 AI 모델을 개발하여 실측 데이터와 시뮬레이션에 기초한 기후모델과 비교함으로써 그 정확도를 한 단계 높이는 새로운 단계에 진입하고 있다. 그럼에도 불구하고 혹은 바로 그 때문에, 기후문제에 대한 일반인들의 관심이 더욱 감소하고 무력감은 커지고 있는 상황이다. 기후과학적 성과물은 일반인이 이해할 수 있는 수준을 한참 넘어선지 오래고, 기후문제의 최종해법도 기후경제학 내지 기후공학으로 수렴되는 경향을 점차 강하게 띠고 있다. 발표자는 본 세션 주제인 기후변화대응은 기후문제의 해법모색 차원을 넘어서 논의되어야 한다는 문제의식에서 출발한다. 기후변화는 인간생명 뿐 아니라 지구생명 전체와 관한 빅퀘스천이기에, 라투르(Bruno Latour)가 생전에 역설한 바와 같이 인간존재에 대한 새로운 철학적 이해와 그에 따른 윤리, 규범, 가치체계 전반의 재정향을 요구한다. 이러한 맥락에서 기후문제를 역사적 관점에서 접근하고 이해할 때 얻을 수 있는 힘은 각별하다. 기후문제에 관한 과학적, 철학적 접근과 달리, 역사적 접근은 인간 삶과 밀착한 실천 지식을 강화하고, 특정 가치나 인식패러다임과 거리를 두고 유연하면서도 균형 있는 판단력을 기르는데 적합하다. 기후역사는 기후가 일방적으로 인간을 포함한 지구생명을 결정해 온 역사가 아니다. 유명한 러디먼(William F. Ruddiman) 테제의 후속연구로 입증되고 있듯이, 기후시스템은 신석기혁명 이래 인류의 탄소발자국과 함께 형성되었다. 본 연구발표에서는 신석기혁명시대부터 산업혁명시대까지 이어진 기후시스템과 인류의 동행의 역사에 대한 압축적인 개관을 통해서 기후역사교양의 내용적 핵심과 기대효과를 짚어 보고자 한다.

교신저자 E-mail: morgantown@yonsei.ac.kr

S2-4

## 비전공자를 위한 AI 수업에서의 환경 문제 해결 프로젝트 사례

손의성<sup>PC</sup>

연세대학교 학부대학

본 발표에서는 2019년부터 연세대학교에서 비전공자들을 위해 개설된 교양수업 ‘인공지능의 이해와 활용’에서 진행된 환경 문제 해결 프로젝트의 사례를 중심으로, 서로 다른 전공의 학생들이 인공지능 기술을 도구로 활용하여 다양한 환경 문제들을 해결하려 했던 시도들을 살펴보고자 한다. 이를 통해 전세계적으로 심화되는 환경 문제에 대해 학생들이 어떻게 더 큰 관심과 문제의식을 가질 수 있도록 할지, 그리고 끊임없이 발전하는 인공지능 기술을 어떻게 이해하고 활용하여 문제 해결 능력을 키울 수 있을지에 대한 교육적 접근을 논의한다.

교신저자 E-mail: [esohn@yonsei.ac.kr](mailto:esohn@yonsei.ac.kr)

## 특별세션 3 (Special Session 3)

### 제주대학교 기초과학연구소 자율운영중점연구지원사업단 특별세션 Coevolution of microorganism; its ecological and social niches in our ecosystem

일 시: 2024년 10월 17일(목) 13:00 - 15:00

장 소: 그랜드볼룸 I (Grand Ballroom I)

좌장: 김진호/제주대학교

13:00 - 13:20	S3-1	Interactions and applications of ammonia-oxidizing and methane-oxidizing microbes in environmental system Man-Young Jung (Jeju National University)
13:20 - 13:40	S3-2	Influence of harmful microalga <i>Heterosigma akashiwo</i> on microplastic aggregation, sinking behavior, and its potential ecological impact Young Kyun Lim (Korea Institute of Ocean Science and Technology)
13:40 - 14:00	S3-3	Host specific microbiome assembly and phyllosymbiotic patterns in microalgae Joo-Hwan Kim (Ministry of Environment)
14:00 - 14:20	S3-4	A predictive study on the ecological toxicity of different polystyrene microplastics, comparing the impacts of bead-shaped versus fragmented particles on a model microorganism Sang-Ah Lee (Jeju National University)
14:20 - 14:40	S3-5	독성 부착와편모조류 <i>Gambierdiscus jejuensis</i> 의 점액질 생성연구 윤은영 (차세대융합기술연구원)





S3-1

## Interactions and applications of ammonia-oxidizing and methane-oxidizing microbes in environmental system

Man-Young Jung<sup>PC1,2</sup>

<sup>1</sup>Interdisciplinary Graduate Program in Advance Convergence Technology and Science, Jeju National University, 102 Jejudaehak-ro, Jeju 63243, Korea

<sup>2</sup>Department of Biology Education, Jeju National University, 102 Jejudaehak-ro, Jeju 63243, Korea

Ammonia-oxidizing and methane-oxidizing microbes play critical roles in global nitrogen and carbon cycling, respectively, making them integral to various environmental systems. Ammonia-oxidizing microbes, including ammonia-oxidizing archaea (AOA) and bacteria (AOB), mediate nitrification, a key process in nitrogen transformation. Similarly, methane-oxidizing bacteria (MOB) regulate methane levels, a potent greenhouse gas, by converting it into less harmful compounds. Recent studies highlight the complex interactions between these microbial communities, particularly in nitrogen-rich and methane-rich environments such as wetlands, agricultural soils, and wastewater treatment systems. These interactions can significantly influence the rates of nitrification, methane oxidation, and greenhouse gas emissions. Understanding the synergistic and antagonistic relationships between ammonia- and methane-oxidizing microbes offers potential applications for enhancing bioremediation, mitigating climate change, and improving agricultural practices. This study explores these microbial interactions, focusing on their ecological roles, environmental adaptations, and practical applications for sustainable ecosystem management.

**Corresponding author E-mail:** myjung@jejunu.ac.kr

S3-2

## Influence of harmful microalga *Heterosigma akashiwo* on microplastic aggregation, sinking behavior, and its potential ecological impact

Young Kyun Lim<sup>p1,2</sup>, Seung Ho Baek<sup>c1,3</sup>, Kyun-Woo Lee<sup>3,4</sup>, and Sang Hee Hong<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Ecological Risk Research Department, KIOST (Korea Institute of Ocean Science and Technology), Republic of Korea

<sup>2</sup>Ocean Climate Response and Ecosystem Research Department, KIOST (Korean Institute of Ocean Science and Technology), Busan, 49111, Republic of Korea

<sup>3</sup>Department of Ocean Science, University of Science and Technology (UST), Republic of Korea

<sup>4</sup>Marine Biotechnology & Bioresource Research Department, KIOST, Republic of Korea

The vertical distribution of microplastics (MP) in the marine environment are strongly affected by attachment and aggregation processes driven by microalgae, making it essential to investigate the impact of microalgae on their distribution and dynamics to fully understand the ecological effects of MPs. This study investigated the aggregation and sinking characteristics of four types of MP particles (low/high-density polyethylene [PE] spheres and small/large Polypropylene [PP] fragments) induced by harmful algal bloom (HAB)-forming *Heterosigma akashiwo*. Aggregates of MP and *H. akashiwo* started forming on day 3 due to the secretion of extracellular polymeric substances (EPS) rather than attachment to *H. akashiwo* cells. The sinking ratio of buoyant MP exponentially increased, saturating low-density PE particles at 28% (half-saturation: 9 days). In contrast, the maximum sinking ratios of PP particles with a density of 0.91 g·cm<sup>-3</sup> were very low, with small (45-75 μm) PP particles reaching 2% (half-saturation: 24 days) and large (150-500 μm) PP particles being less than 0.1%. This suggests limitations in the sinking capacity of *H. akashiwo* based on the density and size of buoyant MPs. The sinking velocities of aggregates were significantly slower for low-density PE particles (0.63 mm·s<sup>-1</sup>) compared to high-density PE particles (0.81 mm·s<sup>-1</sup>) and small PP particles (0.74 mm·s<sup>-1</sup>) ( $p < 0.05$ ). These sinking velocities are sufficient for settling within a day in coastal region. Additionally, the number of MPs in the settled aggregates remained constant even after 60 days under dark and cold water conditions (10°C), suggesting a low possibility of MPs resuspension by the bacterial decomposition only. These aggregated and settled MPs by *H. akashiwo* could have a significant impact on the benthic ecosystem, highlighting the need for further research to understand the ecological changes caused by MP pollution.

**Corresponding author E-mail:** baeksh@kiost.ac.kr

S3-3

## Host specific microbiome assembly and phyllosymbiotic patterns in microalgae

Joo-Hwan Kim<sup>P1</sup>, Jin Ho Kim<sup>2</sup>, Zhun Li<sup>3</sup>, Hyeon Ho Shin<sup>4</sup>, Myung-Soo Han<sup>5</sup>,  
Yeseul Lee<sup>5</sup>, and Bum Soo Park<sup>C5</sup>

<sup>1</sup>Ministry of Environment, Government Complex-Sejong, Sejong-si 30103, South Korea

<sup>2</sup>Department of Earth and Marine Science, College of Ocean Sciences, Jeju National University, Jeju 63243, South Korea

<sup>3</sup>Biological Resource Center/Korean Collection for Type Cultures (KCTC), Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology, Jeongeup, 56212, South Korea

<sup>4</sup>Division of Fisheries Life Science, Pukyong National University, Busan 48574, South Korea

<sup>5</sup>Department of Life Science, Hanyang University, Seoul 04763, South Korea

Understanding the interactions between microalgae and their microbiomes is critical due to their pivotal role in ecosystem dynamics and carbon cycling. To explore the microbial taxa closely associated with microalgae or to deepen our understanding of microalgae-microbiome interactions, it is important to study the host specificity of microbiome assembly in microalgae. Our strain-based analysis revealed significant differences in microbiome assembly among host species, with PCoA results showing distinct microbiome assemblies for each species (Adonis,  $R^2 = 0.62$ ,  $p < 0.001$ ). Host-specific difference analysis indicated that, in the dinoflagellate group, 115 out of the 218 observed OTUs (52.8%) were host-specific (HS-OTUs), while in the diatom group, only 29 out of 185 OTUs (15.7%) were host-specific. Additionally, we compared the microbiome assembly of *Cochlodinium polykrikoides* blooms that occurred at different times and locations with blooms caused by other species. PCoA analysis demonstrated statistically significant differences in the microbiome assembly across different microalgal species in situ (Adonis,  $R^2 = 0.40$ ,  $p < 0.001$ ). Furthermore, dissimilarity in microalgae-associated microbiome assembly was not significantly correlated with the physicochemical environmental factors (temperature, salinity, pH, COD) or the spatiotemporal distance at the time of host algal strain isolation. However, there was a strong correlation with the genetic distance of the hosts. In other words, shorter evolutionary distances between hosts corresponded to more similar microbiomes. This correlation was observed in both dinoflagellates and diatoms, but was stronger in dinoflagellates ( $R = 0.80$ ,  $p < 0.001$ ) compared to diatoms ( $R = 0.33$ ,  $p < 0.001$ ). Furthermore, the topology of the phylogenetic tree among hosts matched the dissimilarity dendrogram of the microbiomes, indicating the presence of phyllosymbiotic characteristics (nRF = 0.00,  $p < 0.01$ ). In conclusion, host specificity of microalgae-associated microbiomes was clearly observed both in strains and in the field, with the specificity being more pronounced in dinoflagellates than in diatoms. These findings suggest that microbiome host specificity may vary depending on the host's taxonomic group, and further studies are needed to investigate the underlying causes and ecological implications.

**Corresponding author E-mail:** parkbs@hanyang.ac.kr

S3-4

## A predictive study on the ecological toxicity of different polystyrene microplastics, comparing the impacts of bead-shaped versus fragmented particles on a model microorganism

Sang-Ah Lee<sup>pc1,2,3</sup>

<sup>1</sup>Faculty of Biotechnology, College of Applied Life Sciences, Jeju National University, 102 Jejudaehak-ro, Jeju 63243, Republic of Korea

<sup>2</sup>Bio-Health Materials Core-Facility Center, Jeju National University, 102 Jejudaehak-ro, Jeju 63243, Republic of Korea

<sup>3</sup>Interdisciplinary Graduate Program in Advance Convergence Technology and Science, Jeju National University, 102 Jejudaehak-ro, Jeju, 63243, Republic of Korea

This research explores the predictive effects of oxidative stress caused by exposure to polystyrene (PS) microplastics on the freshwater crustacean *Daphnia magna*, a key species used for environmental monitoring. The study distinguishes itself by focusing on microplastic morphologies that closely resemble those found in natural aquatic environments, rather than the commonly studied commercial microplastic forms. This study used a variety of biological endpoints, including immobilization rates, generation of reactive oxygen species (ROS), ROS-related gene expression, and comprehensive transcriptomic analysis. These diverse experimental approaches aimed to clarify the harmful effects of PS exposure on *D. magna*, with a focus on oxidative stress pathways. In immobilization tests, the EC<sub>10</sub> (effective concentration 10) of ground-type PS was lower than that of the purchased PS type, resulting in the death of all *Daphnia*. A major objective was to integrate transcriptomic data with gene expression patterns to improve our understanding of the mechanisms underlying microplastic-induced stress responses. In the ground-type PS-exposed group, the oxidative stress response genes were up-regulated, while in the purchased-type PS group, the genes related to oxidative stress were absent from the top 10 genes most expressed in the transcriptome. The findings of this research contribute significantly to the field by elucidating the molecular responses triggered by PS microplastics and highlighting the growing environmental issue of microplastic contamination in aquatic ecosystems.

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

S3-5

## 독성 부착와 편모조류 *Gambierdiscus jejuensis*의 점액질 생성연구

윤은영<sup>pc1</sup>, 안나리<sup>1</sup>, 인태연<sup>1</sup>, 박재연<sup>2</sup>

<sup>1</sup>차세대융합기술연구원 기후환경변화연구실

<sup>2</sup>차세대융합기술연구원 환경자원융합센터

기후변화로 인해 해양환경 및 해양생태계는 급격히 변하고 있으며, 이는 적조, 해양 산성화, 독소, 해양 점액질 등과 같은 광범위한 부분에서 피해를 가속화 시키고 있다. 특히, 바다콧물(sea snot)로 불리는 해양 점액질은 미생물의 숙주 역할을 하며, 장기간 해수면을 덮을 경우 해양 생물의 대량 폐사를 유발할 수 있어 연구의 중요성은 높다. 그러나 현재까지 플랑크톤 기원의 점액질 측정법조차 확립되지 않은 상황이다. 따라서, 본 연구는 해양 점액질을 생성하는 것으로 알려진 독성 아열대 플랑크톤인 *Gambierdiscus jejuensis*의 점액질 측정법을 확립하고, 수온 변화에 따른 세포성장 및 점액질 생성량 간의 상관관계 연구를 수행했다. 실험은 17, 20, 23, 26, 29°C의 5개 범위의 수온에서 2주 동안 진행되었으며, 23°C 및 26°C에서 세포 성장률 및 점액질 생산량이 높게 나타났다. 또한, 염색법 및 총 유기탄소 분석법을 통해 점액질이 세포의 표면뿐만 아니라 주변 환경에도 상당량 용해되어 있다는 사실을 확인하였다. 해당 연구는 향후 기후 변화로 인한 해양 점액질 문제를 예방하고 해결하는 데 중요한 기초자료를 제공할 수 있을 것이다.

교신저자 E-mail: journal04@snu.ac.kr



## 특별세션 4 (Special Session 4)

### 생물재난 대응을 위한 환경, 생물 & 분석과학

일 시: 2024년 10월 17일(목) 13:00 - 15:00

장 소: 그랜드볼룸Ⅱ(Grand Ballroom Ⅱ)

좌장: 이철현/한국기초과학지원연구원

13:00 - 13:24	S4-1	The current status of "green tide" on the Korean coast: the major green tide forming species, its biomass, and ecological impacts Hyuk Je Lee (Sangji University)
13:24 - 13:48	S4-2	Enhanced monitoring of toxic ricin A-chain in fertilizers via a galactose bead extraction method Joseph Kwon (Korea Basic Science Institute)
13:48 - 14:12	S4-3	해양 탄소 격리에서 해조류의 역할 박상울 (제주대학교)
14:12 - 14:36	S4-4	천연광물의 유해남조류 성장제어 효과 탐색 및 흡착소재 개발 남인현 (한국지질자원연구원)
14:36 - 15:00	S4-5	Study of biological imaging using X-ray computed tomography Jae-Il Park (Korea Basic Science Institute)





S4-1

## The current status of “green tide” on the Korean coast: the major green tide forming species, its biomass, and ecological impacts

Hye Jin Park<sup>1</sup>, Seo Yeon Byeon<sup>1,2</sup>, Ji Hyoun Kang<sup>3</sup>, Young Baek Son<sup>4</sup>,  
Sang Rul Park<sup>5</sup>, and Hyuk Je Lee<sup>pc1</sup>

<sup>1</sup>Molecular Ecology and Evolution Laboratory (MEEL), Sangji University, Republic of Korea

<sup>2</sup>Oceanic Climate and Ecology Research Division, National Institute of Fisheries Science (NIFS),  
Republic of Korea

<sup>3</sup>Korean Entomological Institute, Korea University, Republic of Korea

<sup>4</sup>Jeju Marine Research Section, Korean Institute of Ocean Science and Technology (KIOST),  
Republic of Korea

<sup>5</sup>Estuarine and Coastal Ecology Laboratory (MCEL), Jeju National University, Republic of Korea

In recent years, there has been an increase in the occurrence of "green tide" worldwide – the proliferation of green macroalgae the genus *Ulva* (Chlorophyta) – which can be attributed to accelerating climate change and human activities. This nuisance phenomenon has detrimental impact on coastal ecosystems by causing substantial loss in local biodiversity and also severe economic damage. In Korea, while green macroalgal blooms have persisted along the coastlines of Jeju Island since the 2000s, they have also been sporadically observed on the southern coasts of the mainland of the Korean Peninsula. However, which *Ulva* species primarily account for the local green tide incidences, its biomass, and spatio-temporal variation in *Ulva* community structure remain largely unexplored. We, here, examined the *Ulva* community structure on Jeju Island and the South Sea at a seasonal basis by conducting comprehensive phylogenetic analysis on 966 specimens from 46 sites using chloroplast barcode *tufA* (chloroplast elongation factor Tu) gene as a molecular marker. Nuclear 5s rDNA (5S ribosomal DNA) was further analyzed for 105 *Ulva* specimens to identify the species within a LPP (*Ulva linza-prolifera-procera*) clade. A total of 9 *Ulva* species were found on Jeju Island, with *Ulva ohnoi* (43.7%) and *Ulva pertusa* (= *Ulva australis*; 29.3%) being the most predominant and green tide causing species throughout the year. By comparison, in the South Sea, *U. pertusa* (34.8%) and *Ulva linza* (25.1%) were the most dominant species responsible for the local green tides. Considerable spatio-temporal variation in the *Ulva* community structure was observed between the island and mainland habitat environments. We also first examined the effects of green algal mats on invertebrate diversity in Jeju Island, especially for the sites where green tide seriously occurred. The findings of this study will provide crucial genetic/taxonomic information on *Ulva* species in Korean coastal areas, which will aid in the development of management strategies to mitigate the negative impacts of green tides.

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

S4-2

## Enhanced monitoring of toxic ricin A-chain in fertilizers via a galactose bead extraction method

Joseph Kwon<sup>PC</sup> and Hee-Chung Chung

Division of Digital Omics Reserch, Korea Basic Science Institute, Daejeon 34133, Korea

Ricin, a highly toxic biologic agent from castor beans, poses significant risks, particularly in oil cake fertilizers used in organic farming. This study introduces a novel method for the quantitative analysis of Ricin A-chain (RTA) through a specialized extraction column employing galactose beads to capture the RTA-RTB dimer. This innovative approach allows for selective quantification of toxic RTA following disulfide bond cleavage, enabling more precise monitoring of hazardous components. Our findings confirm Ricin presence in various commercial castor bean oil cake fertilizers, highlighting potential health risks to animals and underscoring the necessity for stringent product monitoring. The galactose beads method enhances the accuracy of monitoring efforts and significantly reduces total analysis time, demonstrating high reproducibility in capturing RTA-RTB dimers across multiple trials. This method not only facilitates more accurate Ricin assessment in fertilizers but also establishes a robust foundation for a validated testing protocol, improving safety standards in agricultural practices and contributing to better protection for both livestock.

**Corresponding author E-mail:** joseph@kbsi.re.kr

S4-3

## 해양 탄소 격리에서 해조류의 역할

박상율<sup>pc1,2</sup>

<sup>1</sup>제주대학교 해양생명과학과

<sup>2</sup>제주대학교 기후변화대응센터

기후변화 현상은 다양한 기후위기를 유발하고 있으며, 인류는 기후변화를 완화하기 위한 노력의 일환으로 탄소 저감 연구에 많은 관심을 기울이고 있다. 현재까지 해양에서 탄소흡수원으로 공인된 생태계는 맹그로브, 잘피와 염생식물이며, 이들은 블루카본 생태계라고 부른다. 이들 생태계는 탄소흡수원으로서의 역할뿐만 아니라, 다양한 생태계서비스를 통해 매우 높은 가치를 지니고 있다. 이들 생태계의 중요성에도 불구하고, 이들 생태계의 면적은 지속적으로 감소하고 있으며, 적극적인 보전 정책이 필요한 시점이다. 우리나라는 최근 가속화되는 기후변화 속에서 ‘2050 탄소중립’에 대응하기 위해 탄소흡수원의 추가적인 발굴이 필요하게 되었으며, 해조류는 4번째 블루카본으로 인정받을 가능성이 높다고 알려졌다. 기존의 블루카본생태계와 달리 해조류는 매우 넓게 분포하고 있으며, 매년 많은 양의 탄소(1.5 Pg C)를 흡수하고 있다. 그동안 IPCC 등재에 걸림돌로 작용했던 과학적인 이해나 자료도 확보되어 해소되고 있다. 또한, 전 세계에서 해조류를 활용한 탄소 격리에 대한 다양한 연구개발사업이 진행되고 있으며, 천해와 양식에 의한 탄소 격리 가능성에 대해서 평가하고 있다. 여기에서 우리나라의 해조류를 이용한 탄소 제거 관련 연구개발사업도 소개하여 진행 정도에 대해서 살펴볼 것이다.

교신저자 E-mail: srpark@jejunu.ac.kr

S4-4

## 천연광물의 유해남조류 성장제어 효과 탐색 및 흡착소재 개발

남인현<sup>PC</sup>, 유현정, 김소정, 류정호, 조동완

한국지질자원연구원 자원환경연구센터

이상 기온현상으로 인한 수온상승, 과도한 영양염류의 유입 및 인위적인 환경 조성으로 유해 남조류 과다 증식으로 인한 녹조현상의 빈도와 정도가 증가 추세에 있다. 이 중 녹조현상을 유발하는 대표적인 남조류인 마이크로시스티스(*Microcystis* sp.) 종이 배출하는 마이크로시스틴(microcystins)은 신경 및 간독성 물질로 급성 간 출혈 및 간암 등 인간을 비롯한 동물에게 치명적인 질환을 유발할 수 있는 것으로 보고되어 있으며 섭취, 호흡, 피부접촉 등 다양한 경로를 통하여 독성물질에 노출될 수 있다. 따라서, 본 발표에서는 천연광물이 유해남조류 마이크로시스티스(*Microcystis* sp.) 종의 성장제어에 나타내는 효과와 메커니즘을 탐색한 결과와 천연광물 기반으로 제작한 흡착 소재의 유해 남조류 흡착 효율에 대한 결과를 제시하며 논하고자 한다.

\*\* 본 결과물은 환경부의 재원으로 한국환경산업기술원의 수생태계 건강성 확보 기술개발 사업의 지원(과제번호 RS-2022-KE002133)과 한국지질자원연구원 기본과제(24-3412) 지원을 받았습니다.

교신저자 E-mail: nih@kigam.re.kr

S4-5

## Study of biological imaging using X-ray computed tomography

Jae-Il Park<sup>PC</sup>

Korea Basic Science Institute Gwangju Center, Gwangju 61751, Korea

X-ray imaging (in vivo or ex vivo, 2D or 3D) is an expanding field with the development of state-of-the art techniques such as electron microscopy (SEM, TEM), confocal fluorescence microscopy, or positron emission tomography/computed tomography. In the field of biological imaging, to date, x-ray computed tomography (CT) imaging technology goes to gain a better understanding of disease and its progression with combined spatial resolution and sufficient contrast for medical imaging. The integrated platform for both high resolution and high speed imaging allows you to get a better information of disease in broad range of applications such as cardiac or respiratory gating, bone, lung and brain imaging. There was used the micro-CT for disease diagnosis, but more precise diagnosis is needed to confirm the degree of toxicity through the nano scale. To go further in the understanding of the toxicity mechanisms in vivo, analytical developments are required to thoroughly study the biodistribution and biotransformation of the nanomaterials in organisms, tissue and even biological cells.

**Corresponding author E-mail:** [jaeil74@kbsi.re.kr](mailto:jaeil74@kbsi.re.kr)



## 특별세션 5 (Special Session 5)

### 해양생명자원 산업계 ABS 역량강화 교육

일 시: 2024년 10월 17일(목) 13:00 - 16:30

장 소: 릴리I (Lily I)

좌장: 이강현/(주)마린액트

13:00 - 13:20	등록	이강현 ((주)마린액트)
13:20 - 13:30	인사말	김형준 (국립해양생물자원관)
13:30 - 14:00	S5-1	나고야의정서 기반 베트남 유래 장군나무잎의 화장품 소재화 이창규 (카보엑스퍼트)
14:00 - 14:30	S5-2	생물자원의 산업적 이용 사례 신동하 (인섹트바이오텍)
14:30 - 15:00		Coffee Break
15:00 - 15:30	S5-3	ABS 체결 사례 소개(아프리카 중심으로) 강영민 (한국한의학연구원)
15:30 - 16:00	S5-4	국가관할권 이원지역 해양생물다양성 보전 및 지속가능이용 (BBNJ) 협정의 주요 내용과 국내적 이행 김원희 (한국해양과학기술원)
16:00 - 16:30	토론	종합토론 및 질의 응답





## 특별세션 6 (Special Session 6)

### 기후위기, 국민들은 얼마나 체감하고 있나?

일 시: 2024년 10월 17일(목) 13:00 - 15:00

장 소: 사파이어 II(Sapphire II)

모더레이터: 최윤이/고려대학교

13:00 - 13:05	세션소개	과학문화 세션 취지 소개 최윤이 (고려대학교)
13:05 - 13:25	S6-1	우리 국민의 기후변화 인식: 현황과 진단 염정윤 (한국환경연구원)
13:25 - 13:45	S6-2	기후위기 인식을 높이기 위한 효과적 과학 커뮤니케이션 전략 최지원 ((재)기후변화센터)
13:45 - 14:25	패널토론	토론 및 질의응답 패널위원: 최윤이 (고려대학교), 김해동 (계명대학교)
14:25 - 14:30		세션 마무리 최윤이 (고려대학교)



S6-1

## 우리 국민의 기후변화 인식: 현황과 진단

염정윤<sup>PC</sup>

한국환경연구원 녹색전환연구실

한국환경연구원에서는 국민 수요를 반영한 환경정책 수립을 위해 2012년부터 매년 환경 전반에 대한 국민들의 인식을 파악하는 국민환경의식조사를 실시하고 있다. 본 연구에서는 2023년 9월 21일부터 28일까지 진행된 국민환경의식조사 데이터를 바탕으로 우리 국민의 기후변화 관련 인식을 확인하고 대응 방안을 모색해 보고자 한다. 먼저, 응답자의 63.9%는 기후변화를 우리 사회가 직면한 가장 중요한 환경 문제로 꼽았다. 해당 문항을 조사한 이후로 기후변화가 1위를 기록한 것은 최초로, 가시적이지 않고 단시간에 체감하기 어려운 기후변화 문제를 심각하게 인식하기 시작한 결과라 할 수 있다. 하지만 이러한 변화에도 불구하고 아직 기후변화가 개인에게 부정적인 영향을 미치는 위험이라고 생각하는 인식(59.0%)은 사회 전반에 부정적인 영향을 미친다는 인식(88.4%)에 비해 현저히 낮게 나타났다. 즉, 기후변화 문제에 대한 심리적 거리감이 존재하는 것이다. 이러한 인식은 환경문제 해결을 위해 적극적인 실천 행동보다는 정부나 기업이 노력하면 동참할 수 있다는 수준의 소극적 노력으로 이어진다. 또한, 기후변화에 대한 감정으로 불안함(83.1%)이 가장 높게 나타났고, 미안함(55.7%)과 무력감(42.9%)이 그 뒤를 이었다. 연령에 따른 감정의 차이도 존재하였는데 나이가 많을수록 불안함과 미안함이 증가하고 나이가 적을수록 무력감이 감소하였다. 특히 20대에서는 미안함보다는 분노가 더 높게 나타난다는 점도 특징적이다. 마지막으로 응답자의 37.1%는 환경문제에 적절히 대응하기 위해 충분한 정보를 지니지 못하고 있다고 생각하고 있으며 이러한 응답은 소폭이지만 증가하는 추세를 보인다. 필요하다고 생각하는 환경 정보는 과학적 정보나 정확한 사실을 판단하기 위한 정보보다는 실제 환경문제에 적절히 대응하기 위한 실천 방법을 최우선으로 꼽았다. 또한 미디어에서 환경문제의 심각성을 지나치게 축소하거나 과장한다고 생각하는 응답자가 47.3%에 달했는데 이는 결국 미디어에서 환경문제를 정확하게 다뤄내지 못한다고 인식하는 것을 의미한다. 특히 이러한 인식은 정치 성향에 따라 다른 양상을 보였다. 정치 성향이 보수적인 사람들의 경우 환경문제를 지나치게 과장하여 보여준다는 응답이, 진보적인 사람들은 축소하여 보여준다는 응답이 높게 나타났다. 즉, 환경 이슈가 정치화되는 경향이 존재하는 것이다. 성공적인 소통을 위해서는 대중에게 필요한 정보를 알리는 것도 중요하지만 대중이 원하는 정보가 무엇인지를 파악하는 것도 중요하다. 정보 수요자에 대한 면밀한 분석이 필요한 이유다.

교신저자 E-mail: [jyyum@kei.re.kr](mailto:jyyum@kei.re.kr)

## S6-2

## 기후위기 인식을 높이기 위한 효과적 과학 커뮤니케이션 전략

최지원<sup>pc</sup>

재단법인 기후변화센터

본 발표에서는 기후위기 시대를 살아가는 시민들의 관련 인식 제고를 위한 과학 커뮤니티의 역할과 효과적인 과학 커뮤니케이션 전략을 논의하고자 한다. 1,800년대 후반 산업혁명 이래 날로 심화되고 있는 기후변화는 이제 전 세계 곳곳에서 예측 불가능한 기후재난을 일으키는 수준에 이르렀다. 역대 최고 무더위로 기록된 올 여름과 같이, 체감 가능한 수준의 기상이변이 일상화되면서 KEI한국환경연구원이 지난 7월 공개한 ‘2023 국민환경인식조사’에서 ‘우리나라가 직면한 가장 중요한 환경문제’로 ‘기후변화’를 꼽은 응답자가 63.9%로 가장 많았을 만큼 기후변화에 대한 사회적 관심은 높아지는 추세이나, 이러한 관심이 기후행동 실천으로 연결되는 것은 다른 문제다. 또 수많은 전문 용어와 북극곰 사진으로 대표되는 낡은 환경 교육, 어느새 정치화 되어 이익집단 간의 싸움이 되어버린 일부 기후변화 이슈들은 시민들의 올바른 인식 형성을 방해하기도 한다. 이러한 면에서 시민들의 인식 제고 및 합리적 판단을 가능하게 하는 과학적 근거와 데이터에 기반한 사실을 효과적으로 전달하는 과학 커뮤니케이션의 중요성이 강조되고 있다. 더 이상 감정에 호소하는 방식의 단순 캠페인만으로는 이미 우리의 일상에 심각한 영향을 미치고 있는 기후변화 문제를 해결할 수 없기 때문이다. 최근의 기후대응 활동은 여러 분야와 집단의 특성을 반영하여 다각화하는 양상을 보이고 있으며, 관련 우수 사례를 통해 다음과 같은 기후과학 커뮤니케이션 전략을 제언하고자 한다. 첫째, 대중의 눈높이에 맞는 언어와 매체를 활용할 것. 둘째, 개인 경험과의 연결을 통한 공감대를 형성하고 긍정적인 표현으로 희망을 제시할 것. 셋째, 정보 제공과 함께 구체적인 실천 방법을 제시하여 행동 변화를 유도할 것. 그러나 이러한 전략에 앞서 무엇보다 중요한 것은 과학자 및 과학 커뮤니티 스스로가 기후위기 대응의 중요한 주체임을 인식하고 기후대응 가치를 내재화하려는 노력으로, 이러한 노력이 선행될 때 진정한 의미의 기후과학-사회 간 커뮤니케이션 기반이 마련될 것이다.

교신저자 E-mail: [jiwon@climatechangecenter.kr](mailto:jiwon@climatechangecenter.kr)

## 특별세션 7 (Special Session 7)

### 학계와 기업의 환경생물 연구소개

일 시: 2024년 10월 18일(금) 09:30 - 11:30

장 소: 그랜드볼룸 I (Grand Ballroom I)

좌장: 문성대/(주)엔이비

09:30 - 09:45	S7-1	고염 발생 폐수처리시설에 대한 생태독성 염증명 사례 소개 이정운 ((주)엔이비)
09:45 - 10:00	S7-2	방오도로 6층에 대한 해양생물 생태위해성 평가 강신길 ((주)엔이비)
10:00 - 10:15	S7-3	인위적 발생 전자기장에 대한 해양생물 영향평가 -실험실 및 현장 메조코즘 연구사례 중심으로- 강민호 ((주)엔이비)
10:15 - 10:30	S7-4	SPEAR 기반 중금속 독성민감종 분석을 통한 하천 무척추 동물 취약성 평가 기술 개발 황대식 (이에이치알앤씨(주))
10:30 - 10:45	S7-5	Comprehensive longitudinal connectivity assessments, based on fish traits and multiple ecological approaches, of lotic ecosystems Ji Yoon Kim (Chungnam National University)
10:45 - 11:00	S7-6	지속가능한 생태계 보존을 위한 데이터 기반 생물정보분석 전략 전다영 ((주)씨더스)
11:00 - 11:15	S7-7	Development of an air purifier system to improve indoor air quality using 'intelligent DX_microalgal bead' Z-Hun Kim (Hu evergreen Pharm Inc.)



S7-1

## 고염 발생 폐수처리시설에 대한 생태독성 염증명 사례 소개

이정운<sup>p</sup>, 문성대<sup>c</sup>, 박혜민, 이정석

(주)엔이비

물환경보전법 시행규칙에 제시된 수질오염물질의 배출허용기준은 총 54개이며 생태독성이 포함되어 있다. 생태독성 배출허용기준은 수질오염공정시험기준에 따라 물벼룩(*Daphnia magna*)을 이용한 급성독성 시험을 기준으로 하며 적용 기준은 청정지역 TU 1, 그 외 지역 TU 2의 기준이 적용되고 있다. 폐수배출시설의 생태독성 원인물질은 염(31.4%), 유기화합물(25.7%), 중금속(22.8%), 산화제(14.3%) 및 암모니아(5.7%) 등으로 알려져 있으며 염 성분에 의한 경우가 상대적으로 높은 비율을 차지하고 있다. 염(salt)이란 산의 음이온과 염기의 양이온에 의해 만들어지는 화합물로 정의되며 대표적으로 염화나트륨(NaCl), 염화칼슘(CaCl<sub>2</sub>), 황산나트륨(Na<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>), 황산마그네슘(MgSO<sub>4</sub>) 등이 있다. 폐수 중에 주로 관찰되는 염 화합물은 NaCl(Na<sup>+</sup>, Cl<sup>-</sup>), Na<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>(Na<sup>+</sup>, SO<sub>4</sub><sup>2-</sup>) 등으로 원료 물질에 포함되어 있거나 폐수처리 과정에서 투입된 물질에 의하여 발생된다. 물벼룩은 담수에 서식하는 생물이기 때문에 염 성분이 많으면 생태독성 배출허용기준 초과로 이어진다. 단순히 염 성분만 높은 경우 생태독성 초과원인이 오직 염 성분 때문이라는 증명을 통해 생태독성 배출허용기준을 3년간 유예해주는 제도(염증명 제도)가 운영 중에 있다. 최근 이차전지 폐수를 포함하여 배출수의 염 성분이 많은 폐수가 해양환경으로 유입되었을 때 그에 따른 해양환경 위해성에 대한 관심이 높아지고 있다. 본 연구에서는 2021년 이후 고염이 배출되는 6개 사업장 폐수배출시설에 대한 염증명 통과사례를 소개하고자 한다. 평가대상 사업장의 염 성분은 원료 및 수처리 과정에서 사용되는 약품에 의해 발생하였다. 염분은 13.0~31.0 psu (평균 21.1 psu) 범위였으며, 물벼룩을 이용한 생태독성시험의 결과는 평균 TU 3.5였다. 반면 해양생물인 발광박테리아를 이용한 생태독성시험 결과에서는 모든 시료에서 독성이 발현되지 않거나, TU 1 미만이었다. 배출허용기준에 제시된 수질오염물질 전 항목 분석결과 불검출 및 배출허용기준 이내였다. 염 성분 분석결과, 주요 독성 원인물질은 염소이온(Cl<sup>-</sup>), 황산염이온(SO<sub>4</sub><sup>2-</sup>), 기타 금속류 등으로 나타났다. 이러한 염 성분과 리튬(Li), 코발트(Co) 등 배출허용기준이 없는 물질들은 기준 마련이 필요하며, 나아가 해양생태계에 미치는 영향을 평가할 필요가 있다. 또한 배출허용기준이 없는 물질에 대해 다양한 생물분류군의 영향평가가 필요하며, 이를 통해 어업인들의 불안감 해소와 기업들의 상생을 도모할 필요가 있다.

교신저자 E-mail: neb.sdmoon@gmail.com

S7-2

## 방오도료 6종에 대한 해양생물 생태위해성 평가

강신길<sup>p</sup>, 이현배, 김성우, 문성대, 최태섭<sup>c</sup>

(주)엔이비

방오도료는 해양구조물이나 선박에 부착하는 해양생물로 인해 발생하는 경제적 손실을 저감하기 위해 도포되는 물질이다. 과거에는 유기주석 화합물(Tributyltin; TBT)을 주로 사용해왔지만, 어패류 등에 축적되어 수정 및 발생 억제, 운동성 저하, 기형 등 내분비교란물질로 밝혀지면서 2003년부터 국제해사기구(IMO)에서 단계적으로 제한하였으며 2008년에는 완전제거 및 용출방지를 위한 처리를 하도록 하였다. TBT 사용규제 이후, 각 국가에서는 해양생태계를 파괴하지 않는 친환경 방오도료 및 새로운 방오물질 개발을 위한 연구가 활발히 이루어지고 있다. 하지만 개발된 신규 방오물질은 또 다른 해양환경에 대한 위해 가능성이 있으므로 상용화를 위해서는 환경위해성에 대한 명확한 사전 검증 단계가 필요하다. 본 연구에서는 새로운 방오도료에 이용되는 Copper(II) chloride( $\text{CuCl}_2$ ), Copper sulphate ( $\text{CuSO}_4$ ), Copper pyrithione( $\text{CuPT}$ ), Zine pyrithione( $\text{ZnPT}$ ), Diuron, Cybutryne(Irgarol) 6종 화학물질에 대해 해양생물을 이용하여 독성을 평가하였다. 시험생물은 해양환경공정시험기준에 등재된 단각류(*Monocorophium uenoi*)와 둥근성게(*Mesocentrotus nudus*)를 이용하였다. 단각류는 4일 노출 후 생존을 평가, 둥근성게는 10분과 48시간 노출 후 수정률과 발생률을 평가하였다. 시험결과 개별 화학물질의 농도가 증가함에 따라 생물의 독성영향이 증가하였다.  $\text{CuPT}$ 에 대한 단각류 96시간 반수치사농도( $\text{LC}_{50}$ )가  $13 \text{ ug} \cdot \text{l}^{-1}$ 로 독성영향이 가장 큰 것으로 나타났고,  $\text{ZnPT} > \text{CuCl}_2 > \text{CuSO}_4 > \text{Irgarol} > \text{Diuron}$ 의 순으로 영향이 감소하였다. 둥근성게 수정률과 발생률 각각의 반수영향농도( $\text{EC}_{50}$ )는  $\text{CuPT}(0.73 \text{ ug l}^{-1}, 1.2 \text{ ug l}^{-1})$ 로 가장 독성영향이 크고,  $\text{ZnPT} > \text{CuSO}_4 > \text{CuCl}_2 > \text{Diuron} > \text{Irgarol}$  순으로 영향이 감소하였다. 방오도료의 성능으로는  $\text{CuPT}$ 가 가장 좋으나 잔류성, 농축성, 장거리이동성 등 추가적인 해양환경 위해성을 평가할 필요가 있다. 또한 일부 해양생물 뿐만 아니라 다양한 분류군별 영향을 평가할 필요가 있다. 이에 각 물질별 문헌자료와 실제 시험자료를 종합하여 중민감도 분포곡선을 작성하였고, 95% 생물을 보호할 수 있는 수준을 도출하였다. 이러한 자료는 방오도료 물질의 해양환경 또는 생태계위해성평가 자료로 활용될 것으로 기대된다.

교신저자 E-mail: neb.tschoi@gamil.com



S7-3

## 인위적 발생 전자기장에 대한 해양생물 영향평가 -실험실 및 현장 메조코즘 연구사례 중심으로-

강민호<sup>p</sup>, 김재영, 이현배, 문성대, 최태섭<sup>c</sup>

(주)엔이비

해상풍력은 기후변화 대응 및 저탄소 경제 전환을 위한 현실적인 대안으로 전 세계가 주목하고 있다. 해상풍력은 육상보다 풍부한 바람을 확보할 수 있고, 산림파괴와 소음 문제로부터 비교적 자유롭다는 장점이 있다. 해상풍력단지 고압 송전선은 전력 생산과 송전 과정에서 전자기장을 발생시키며, 이로 인해 해양 생물들에게 잠재적인 영향을 미칠 수 있다. 본 연구는 실험실 규모와 현장 메조코즘 규모에서 인위적으로 발생시킨 전자기장에 대한 다양한 해양생물의 영향평가 사례를 소개하고자 한다. 2021년부터 인위적 전자기장을 발생시키기 위한 장치를 개발하였고, 실내, 실외, 현장에서 다양한 생물에 대한 노출평가를 수행하였다. 영향평가에 사용된 생물은 전체 33종(부유생물 5종, 저서생물 13종, 유영생물 15종)이었으며, 다양한 생물크기별 전자기장 영향을 확인하였다. 33종 생물에서 전자기장 영향을 보인 생물은 10종으로, 착편모조류 1종, 단각류 1종, 둥근성게 1종, 다시마 1종, 멍게류 1종, 경골어류(우럭, 양두모치, 송어, 기수송사리) 4종, 연골어류(두툽상어) 1종으로 나타났다. 노출평가를 통해 확인된 영향은 성장저해, 생존, 발생, 이상 행동, 회피, 심박수 변화 등이었다. 또한 금속류와 전자기장 복합 노출에 대한 영향도 확인하였다. 복합노출평가는 총 13종(부유생물 4종, 저서생물 3종, 유영생물 6종)을 대상으로 수행하였으며, 그 중 10종에서 금속류에 대한 민감도가 변화되는 것을 확인하였다. 대부분의 생물은 복합노출 시 독성 상승작용을 보였고, 부유생물 4종(규조류, 착편모조류, 알테미아, 로티퍼), 저서생물 3종(해산 및 담수산 단각류, 둥근 성게), 유영생물 6종 중 3종(돌돔, 조피볼락, 참돔)에서 영향이 증가하는 것으로 나타났다. 본 연구는 인위적 발생 전자기장이 해양생물의 다양한 생리적 및 행동적 반응에 미치는 영향을 실험적으로 확인함으로써, 해양생태계 보호를 위한 과학적 근거를 제공하고자 하였다. 이러한 결과는 향후 해양 에너지 개발과 관련된 정책 수립 및 생태계 보호 전략 마련에 중요한 기초자료로 활용될 수 있을 것이다.

교신저자 E-mail: neb.tschoi@gamil.com

S7-4

## SPEAR 기반 중금속 독성민감종 분석을 통한 하천 무척추 동물 취약성 평가 기술 개발

황대식<sup>P</sup>, 김종우, 정지웅, 이종현<sup>C</sup>

이에이치알앤씨(주)

하천 생태계에서 중금속 오염이 수생 무척추동물에 미치는 영향을 평가하기 위해 기존의 독성 기반 평가 방법은 특정 화학물질에 중점을 두어 실험실 결과를 실제 생태계에 적용하는 데 한계가 있다. 본 연구는 SPEAR (Species At Risk) 지수를 활용하여 중금속 오염이 하천 무척추동물 군집에 미치는 영향을 보다 정밀하게 평가하고, 중금속 독성 민감종의 취약성을 분석하는 기술을 개발하는 것을 목적으로 하였다. 국외 독성 DB 및 문헌조사를 통해 수집된 중금속 독성 데이터를 바탕으로 다양한 무척추동물 종의 민감도 순위를 도출하였으며, 이를 통해 중금속 오염이 군집 구조에 미치는 영향을 평가하였다. 본 연구에서는 저서성 대형무척추동물 지수(BMI)와 함께 SPEAR 지수를 활용하여 하천에서 중금속 위해도와 민감종 감소 간의 상관관계를 확인하였다. 특히, 본 연구는 중금속 오염이 증가할수록 민감도가 높은 종의 비율이 감소하는 경향을 확인하였으며, 이는 자연적 요인과 무관하게 오염의 영향을 반영하는 지표로서 SPEAR 지수의 유효성을 입증하였다. 이 연구는 향후 하천 생태계의 중금속 오염 취약성 평가에 있어 SPEAR 기반 분석이 효과적인 도구로 활용될 수 있음을 시사하며, 이를 토대로 보다 개선된 환경 관리 및 모니터링 전략 수립에 기여할 수 있을 것으로 기대된다.

교신저자 E-mail: ds.hwang@ehrc.com

S7-5

## Comprehensive longitudinal connectivity assessments, based on fish traits and multiple ecological approaches, of lotic ecosystems

Ji Yoon Kim<sup>P</sup>, Min Jae Cho, Hyeji Choi, Namsrai Jargal, Thet Thet Khaing, and Kwang-Guk An<sup>C</sup>

Department of Bioscience and Biotechnology, Chungnam National University,  
Daejeon 34134, Korea

Recently, lotic ecosystems have been severely impacted by various human-induced activities such as urbanization and agricultural water extraction. Also, longitudinal connectivity of streams has become a hot issue due to the frequent disruption and impacts of streams by various artificial structures such as weirs that directly affect the health of aquatic ecosystems. The objective of this study was to diagnose the status of the longitudinal continuity from upstream to downstream and evaluate aquatic ecosystem health. For these purposes, we analyzed the current status of research on longitudinal connectivity and structural problems, fish monitoring methodology, monitoring approaches, longitudinal disconnectivity of fish movement, and biodiversity. To effectively evaluate these impacts, it is necessary to adopt integrated assessment approaches that integrate physical, chemical, and biological components. 1) Assessments of Fish Passage and Movement Patterns, 2) Evaluations of Longitudinal River Connectivity, 3) Development of Habitat Suitability Index Metrics 4) Assessment of longitudinal connectivity by river type and scale using advanced sensors, 5) Prioritization of Artificial Structure Improvement or River Restoration, 6) Comprehensive Assessment of Longitudinal Connectivity. Ultimately, these approaches provide an effective management strategy of stream ecosystems through the key factor identification in the longitudinal connectivity.

**Corresponding author E-mail:** [kgan@cnu.ac.kr](mailto:kgan@cnu.ac.kr)

S7-6

## 지속가능한 생태계 보존을 위한 데이터 기반 생물정보분석 전략

전다영<sup>p</sup>, 최수련, 김지은, 임세라, 이정우, 조성환<sup>c</sup>

(주)씨더스

현대 ESG 경영에서는 환경 보존과 지속 가능한 자원 관리가 중요한 축으로 자리 잡고 있다. 생물정보학은 이러한 목표를 달성하기 위한 핵심 기술로, 환경 변화에 대응하고 생물다양성을 보존하는 데 중요한 역할을 하고 있다. 본 발표에서는 통합 유전체 분석을 활용한 생태계 관리 전략을 소개하고자 한다. 유전체 분석 기술은 ESG 경영의 생태계 보존을 목표로 실현하는 중요한 도구로 자리 잡고 있다. 본 발표에서는 GBS (Genotyping-by-Sequencing)와 RAD Seq(Restriction-site Associated DNA Sequencing) 기술을 활용하여 유전적 다양성 분석을 통해 종 보존과 환경 변화 대응 전략을 제시하였다. 이 기술들은 다양한 생태계에서 유전자 수준의 데이터를 통해 종내 다양성 확인 및 생태 모니터링에 중요한 기초 자료를 제공하고 있다. 또한, 메타지놈 분석을 통해 특정 환경의 미생물 군집을 모니터링하고, 오염원 추적 및 복원 계획을 수립하는 전략을 제시하였다. 병원성 미생물 및 항생제 내성균의 조기 탐지를 통해 환경 관리뿐만 아니라 공중 보건, 농업 및 수산업에서도 중요한 역할을 하고 있다. 이러한 분석은 생물다양성 보존과 더불어, 환경 상태 평가 및 지속 가능한 생태계 관리에 기여할 수 있다. 이와 같은 통합 유전체 분석을 기반으로 통해 환경 보호와 지속 가능한 관리에 기여할 수 있도록 다양한 연구기관과 함께 다양한 연구기관과 협력하여 환경 보호 및 지속 가능한 생태계 관리에 필요한 연구 지원과 분석 서비스를 제공하고 있다. 또한, 축적된 연구 경험과 현장 데이터를 바탕으로 환경 보존을 위한 혁신적인 생물정보학 솔루션을 지속적으로 개발하고자 한다.

교신저자 E-mail: shjo@seeders.co.kr

S7-7

## Development of an air purifier system to improve indoor air quality using 'intelligent DX\_microalgal bead'

Z-Hun Kim<sup>PC</sup>, Dahye Lee, Su-Hwan Cheon, and Guewha Lee

Hu evergreen Pharm Inc., Incheon 21447, Korea

Recently, indoor air purification has been receiving great attention due to the lifestyle of people who mainly live indoors(60-80%). In this research, we attempted to develop a new type of air purifier to improve indoor air quality using microalgae, which have excellent photosynthetic and fast-growing abilities. Firstly, microalgal beads were fabricated with various non toxic and biodegradable materials to facilitate maintenance of the air purifier and minimize contamination. We then implement intelligent controlling system(IOT technology) using a growth-based algorithm that can mathematically calculate amounts of fixed CO<sub>2</sub>/generated O<sub>2</sub>, and timing for replacement of medium and microalgal beads. Next, important parameters regarding culture conditions such as medium, light intensity, and gas supply were optimized using statistical analytic methods. In addition to the function of air purification, we designed and constructed multi-purpose air purifiers named ChloChlo<sup>TM</sup>, can be also used as multi-color supporting lighting, alternatives to plants, and interior accessories. After culturing, the microalgal beads including culture medium can be used as feed additives or plant fertilizers due to its non-toxicity and nutritional excellence. The microalgae air purifier(ChloChlo<sup>TM</sup>) we developed could be used to improve the air quality.

**Corresponding author E-mail:** kimzhun@gmail.com



## 특별세션 8 (Special Session 8)

### 인수공통감염병 전파에 대한 생태학적 해석의 필요성

일 시: 2024년 10월 18일(금) 09:30 - 11:30

장 소: 그랜드볼룸Ⅱ(Grand Ballroom Ⅱ)

좌장: 홍성원/경북대학교

09:30 - 09:50	S8-1	생태학적 관계에 기반한 [설치류-진드기-소]간 큐열 전파 연구 홍성원 (경북대학교)
09:50 - 10:10	S8-2	Viral circulation in bat populations: Ecological insight into zoonotic diseases Sun-Sook Kim (National Institute of Ecology)
10:10 - 10:30	S8-3	Geographic distribution of <i>Sarcoptes scabiei</i> haplotypes related to sarcoptic mange in wild animals in South Korea Sang-Hyun Han (Korea National Park Service)
10:30 - 10:50	S8-4	Perspectives and challenges of ecology in zoonosis researches 유정철 (경희대학교, 해인ESG연구원)
10:50 - 11:10	S8-5	Molecular surveillance of zoonotic pathogens from wild rodents in the Republic of Korea Kyoung-Seong Choi (Kyungpook National University)
11:10 - 11:30	S8-6	Macro ecological analysis of Q fever occurrence in livestock throughout South Korea Oliwia Uche-Eze (Cardiff University)





S8-1

## 생태학적 관계에 기반한 [설치류-진드기-소]간 쿼열 전파 연구

홍성원<sup>pc1</sup>, 김영호<sup>2</sup>, 최경성<sup>1</sup>

<sup>1</sup>경북대학교 축산BT학과

<sup>2</sup>경북대학교 생태과학과

쿼열은 젖소와 같은 반추동물의 번식 장애를 유발하는 주요 원인 병원균으로써 축산업이 많은 지역에서 다수 발병하는 감염성이 높은 세균성 진드기 매개 인수공통감염병이다. 명확한 발생 원인 및 감염 경로가 파악되지 않은 가축 전염병 중 하나로서, [야생동물-질병매개절지동물-가축] 간 전파될 가능성이 매우 높다. 높은 전염성과 큰 피해로 인해 쿼열에 대한 연구가 많이 진행되었지만, 연구의 대부분은 병원체 유전형 검출, 면역진단법 개발과 같은 면역학, 수의학 등을 중심으로 수행되어왔다. 진드기(매개체) 및 설치류(숙주동물) 간의 생태학적 상호작용으로 가축으로의 쿼열 전파가 이루어질 가능성이 특히 높기 때문에 생태학적 관점에서 매개동물과 가축 간의 병원체 번성 과정을 이해할 필요가 있다. 이번 발표에서 [설치류-진드기-소] 간 전파 경로를 파악하기 위한 유전자 변이 분석 접근과 동시 출현성을 바탕으로한 생태학적 연구 방향에 대해 토의하고자 한다.

교신저자 E-mail: shong@knu.ac.kr

S8-2

## Viral circulation in bat populations: Ecological insight into zoonotic diseases

Sun-Sook Kim<sup>pc1</sup>, Min Chan Kim<sup>2</sup>, Taek-Woo Lee<sup>1</sup>, Kihyun Kim<sup>1</sup>, and Hye Kwon Kim<sup>c2</sup>

<sup>1</sup>Ecological Technology Research Team, Division of Ecological Application, National Institute of Ecology Seocheon, 33657, Republic of Korea

<sup>2</sup>Department of Microbiology, College of Natural Sciences, Chungbuk National University,, Cheongju, 28644, Republic of Korea

Extensive studies on virus diversity in bats have yet to fully clarify their zoonotic potential. Although bat viruses have spilled over into human populations multiple times, the influence of spatiotemporal viral patterns on bat populations remains unclear. Bats' ecological characteristics and viral expression are closely linked, with circulation influenced by both internal and external factors. From January 2021 to October 2022, we conducted a longitudinal survey at seven sites on the Korean peninsula, marking and monitoring 788 bats from 11 species using the capture-mark-recapture method, combined with viral nucleic acid detection and spatio-temporal sampling. We confirmed infection, shedding, and reintroduction of coronavirus, paramyxovirus, astrovirus, and MRV in eastern bent-wing and greater horseshoe bats. Temporal changes caused fluctuations in viral infections, with some bats testing positive to negative for CoV and others negative to positive. Viral reinfections were also detected, with co-infections observed in some bats. These findings demonstrate the prevalence of viral infection, shedding, and co-infection in bat populations, suggesting recurrent infections within their habitats. This highlights the dynamic circulation of viruses, emphasizing the importance of ecological monitoring to understand zoonotic disease spread. This research supports bio-surveillance systems for rapid, informed decision-making during national crises.

**Corresponding author E-mail:** sskim108@gmail.com, khk1329@chungbuk.ac.kr

S8-3

## Geographic distribution of *Sarcoptes scabiei* haplotypes related to sarcoptic mange in wild animals in South Korea

Sang-Hyun Han<sup>p1</sup>, Anna Lee<sup>1</sup>, Sook-Jin Lee<sup>1</sup>, Seung-hoon Chae<sup>1</sup>, Seongeun Bae<sup>1</sup>, Hong-Cheol Kim<sup>1</sup>, Jang-ick Son<sup>1</sup>, Jeong-Jin Yang<sup>1</sup>, Sa-Hyun Lee<sup>1</sup>, Hee-Jong Kim<sup>2</sup>, Young-Chul Jung<sup>2</sup>, Bong Kyun Kim<sup>3</sup>, Hong-Shik Oh<sup>4</sup>, and Ho-Nam Kang<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>National Park Institute for Wildlife Conservation, Korea National Park Service, Yeongju 36015

<sup>2</sup>Wild Animal Team, Wild Animal Team, Ulsan Infrastructure Corporation, Ulsan 44660

<sup>3</sup>Chungnam Wild Animal Rescue Center, Yesan 32439

<sup>4</sup>Faculaty of Science Education, Jeju National University, Jeju 63243

The study examined the distribution patterns of the haplotypes of a ectoparasite *Sarcoptes scabiei* related to sarcoptic mange in wild animals in South Korea. We obtained mitochondrial *cytochrome c oxidase I (cox-I)* gene sequences from the skin tissues of sarcoptic mange isolated from the infested animals. After combining the newly obtained sequences in South Korea and those previously reported over the world, a total of forty-three *cox-I* haplotypes (*SSC01-SSC43*) were identified. Among those, *SSC01* has already been recorded in various mammals including raccoon dog, marten and wallaby so far from many countries around the world, but the other three haplotypes *SSC06*, *SSC14* and *SSC43* have been newly detected in this study and only found in South Korea. The haplotype *SSC01* was observed in raccoon dogs, red foxes and a long-tailed goral, and ranged widely from northern to southern provinces in South Korea. The haplotypes *SSC14* and *SSC43* were found in one raccoon dog from Hongseong-si, Chungcheongnam-do, and one raccoon dog from Ulju-gun, Ulsan-si, respectively. The *SSC06* was only observed in a long-tailed goral from Yangyang-gun, Gangwon-do. Geographic distribution patterns were habitat-related parasitic infestation rather than host-specific infestation. Our camera-trap survey results also showed direct contact between sympatric species. These findings showing that sympatric species can be infested by parasites with the same genotype, suggest that interspecific cross-infestation may be possible through interactions between sympatric species within the same habitat. The results of this study indicate a comprehensive habitat management plan should be established to prevent cross-infection of infectious diseases between wild animals.

**Corresponding author E-mail:** khn01@knps.or.kr

S8-4

## Perspectives and challenges of ecology in zoonosis researches

Jeong-Chil Yoo<sup>pc1,2</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, Kyung Hee University

<sup>2</sup>Haein ESG Institute, Lotte Castle SKY-L65 1710, Seoul 02559, Korea

A zoonosis is an infectious disease that has jumped from a non-human animal (a vertebrate) to humans. Zoonotic pathogens may be various (e.g. parasitic, viral or bacterial agents). They can spread to humans through food, water or many environmental agents as well as direct contact. For example, two clinical cases of patients with acute pancreatitis symptoms were reported by Seoul National University Hospital in 1993 and 1994, respectively. Their fecal examination revealed eggs of parasites (*Gymnophalloides seoi*), that had never been seen before, and found that they were responsible for pancreatitis. What the patients had in common was that they ate natural oysters from the area where they lived in the Aphae Island and Kanghwa Island, respectively. The eggs of parasites (*Gymnophalloides seoi*) were also found in oystercatchers. This demonstrates that a species of oystercatcher (*Haematopus ostralegus*), is a natural definitive host as well as humans. Recently, the number of infectious diseases caused by viral pathogens has also increased significantly. The role of ecologists has become more important than ever due to the rise of infections caused by zoonoses. This is because the transmission power of viral diseases can be further enhanced by mutations in the virus and the expansion of intermediate or host animals.

**Corresponding author E-mail:** jcyoo@khu.ac.kr

S8-5

## Molecular surveillance of zoonotic pathogens from wild rodents in the Republic of Korea

Kyoung-Seong Choi<sup>PC</sup>

Department of Horse/Companion and Wild Animal Science, College of Ecology and Environmental Science, Kyungpook National University, Sangju 37224, Republic of Korea

Rodents are major reservoirs of zoonotic pathogens in livestock and humans, raising the risk of rodent-borne diseases due to population increase and habitat expansion by climate change and urbanization. Despite their potential threat to public health, there has not been much focus on diseases transmitted by rodents. The aim of this study was to investigate the occurrence of zoonotic rodent-borne pathogens and determine the roles of rodents as reservoir host for these pathogens. From March 2019 to November 2020, 156 rodents were captured from 27 regions in 8 provinces of the Republic of Korea (ROK). *Anaplasma phagocytophilum*, *Bartonella* spp., *Borrelia* spp., *Coxiella burnetii*, *Leptospira interrogans*, and severe fever with thrombocytopenia syndrome virus (SFTSV) were tested. Of the 156 rodents, 104 (66.7%) were infected with at least one pathogen. The infection rate was 64.3% in females (54/84) and 66.6% in males (48/ 72). *Bartonella* spp. were the most frequently detected pathogen (46.8%, 73/156), followed by *C. burnetii* (16.0%, 25/156), *L. interrogans* (15.4%, 24/156), *A. phagocytophilum* (13.5%, 21/156), SFTSV (5.8%, 9/156), and *Borrelia* spp. (3.2%, 5/156). Co-infections with two and three pathogens from the captured rodents were also detected in 33 (21.2%) and 11 (7.1%) animals, respectively. These results suggest that rodents harbor various pathogens that pose a potential threat to public health in the ROK.

**Corresponding author E-mail:** kschoi3@knu.ac.kr

S8-6

## Macro ecological analysis of Q fever occurrence in livestock throughout South Korea

Oliwia Uche-Eze<sup>P1</sup>, Kyoung-Seong Choi<sup>C2</sup>, and Sungwon Hong<sup>C2</sup>

<sup>1</sup>School of Biosciences, Cardiff University, Cardiff, Wales

<sup>2</sup>Department Animal science and biotechnology, Kyungpook National University, Sangju 37224, Korea

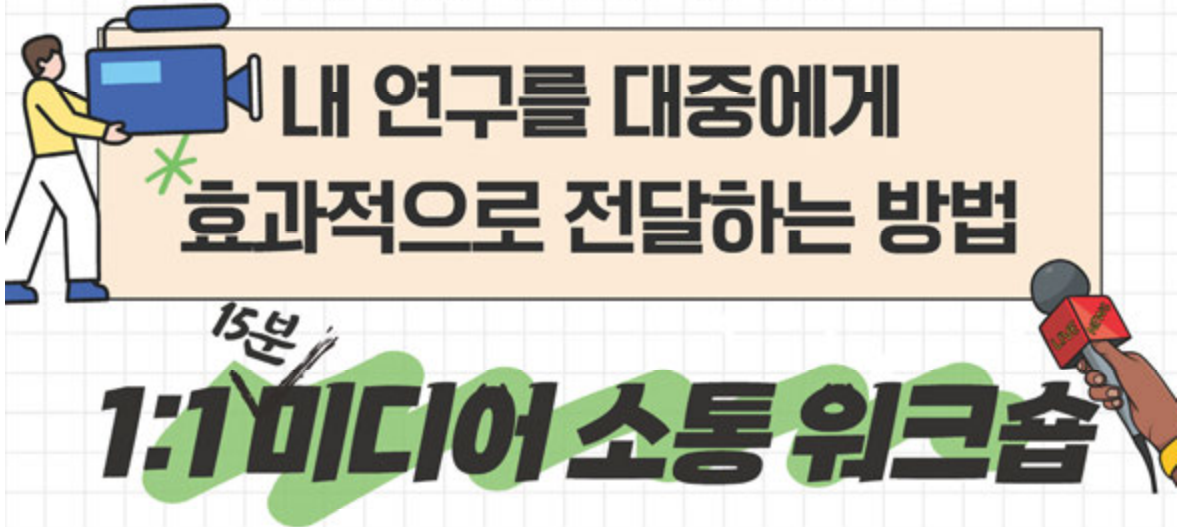
There is limited knowledge about *Coxiella burnetii* spread on the macro ecological level, due to little exploration. this study explores the macro ecological aspect of *C. burnetii* infection spread in 7 livestock animals, in South Korea, on spatial, temporal and biological scales. Geo-self-organising map (GEO-SOM), generalised linear mixed model (GLMM), generalised linear model (GLM), and non-metric multidimensional scaling (NMDS), were used to elucidate spatiotemporal and biological patterns of infection occurrence in 15 sites from October 2014 to June 2023, with 21 geographical variables. GEOM-SOM clusters used as random effect in GLMM, suggest no spatiotemporal impact on infection occurrence, as results were statistically comparable to those of GLMM using year as a random effect. No variance in GLMM intercept with year as random effect, shows temporal factors do not affect infection pattern. GLM results showed significantly higher infection occurrence further from the road, in waterbodies of a greater area, and in grasslands of a smaller area. the combination of these methods, may be useful in guiding appropriate management strategies of livestock to minimise the spread of *C. burnetii*.

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

## 한국과학창의재단 워크숍 (Workshop)

한국 환경 생물 학회 X 한국 과학 창의 재 단

연구자라면 누구나 궁금해 할



**내 연구를 대중에게  
효과적으로 전달하는 방법**

**15분**  
**1:1 미디어 소통 워크숍**

**일정** '24.10.17.목요일  
9:30~15:00 (참석자별 15분)

**장소** 소노캄 여수 사파이어 III

**운영 내용** 대중 앞에서 나의 연구를  
효과적으로 소개하는 방법에 대하여  
1:1로 미디어 소통 코칭 진행

**모집대상** 2024 한국생물학회 정기학술대회  
참석자 중 공공·대학·민간 소속 연구자  
\* 신청 내용 확인 후 대상자 선별하여 개별 연락

**진행 순서** ① 카메라 앞에서 나의 연구 설명하기  
→ ② 전문가 미디어 트레이닝 1:1 코칭  
→ ③ 코칭 기반으로 다시 말해보기

**신청 방법** 이벤터를 통한 신청  
(신청자 대상으로 우선 선별하며, 취소 등 공석이  
발생한 경우 현장 신청 가능)  
<https://event-us.kr/kosac/event/91819>

**소통 코치**  
MBC 김윤미 방송 기자  
- 과학 분야 뉴스 방송 보도 전문가  
(테크&트렌드팀 소속)  
- 제154회 이달의 방송 기자상 수상

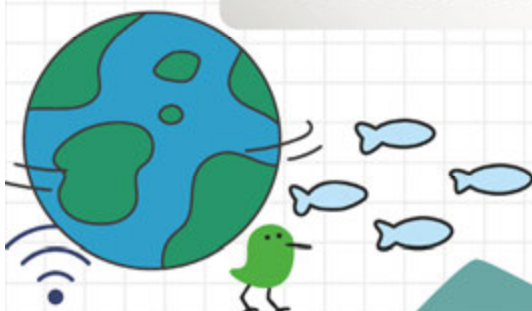
**워크숍 참석자 대상  
소정의 기념품 제공예정!**

\* 재로웨이스트 어메니티 \*  
(사정에 따라 기념품 변경 가능)



QR코드 바로 찍고 참가신청하세요!

문의 : 한국과학창의재단  
과학문화협력팀  
juc@kosac.re.kr  
02-559-3974









2024 한국환경생물학회 정기학술대회

구 두 발표





2024 한국환경생물학회 정기학술대회

## 일반 구두발표

일 시: 2024년 10월 16일(수) 17:00 - 18:20

장 소: 그랜드볼룸 I (Grand Ballroom I)

좌장: 서종복/한국기초과학지원연구원

17:00 - 17:20	GP-01	Operation of LMO risk assessment institute by the Ministry of Environment and ecological risk assessment Kyong-Hee Nam (National Institute of Ecology)
17:20 - 17:40	GP-02	A study on the possibility of drug delivery biomaterials using porous structures of diatom Daeryul Kwon (Nakdonggang National Institute of Biological Resources)
17:40 - 18:00	GP-03	Seasonal dynamics of phytoplankton in Korean coastal waters: Influence of hydrography factors Chung Hyeon Lee (Korea Institute of Ocean Science and Technology)
18:00 - 18:20	GP-04	비번식기 멸종위기 야생생물 I급 수원청개구리( <i>Dryophytes suweonensis</i> )의 미소 서식지 선택 구교성 (이화여자대학교, 한국환경지리연구소)





GP-01

## Operation of LMO risk assessment institute by the Ministry of Environment and ecological risk assessment

Kyong-Hee Nam<sup>pc</sup>

LMO Team, National Institute of Ecology, Secheon-gun 33657, Korea

In South Korea, seven government ministries are responsible for the management of living modified organism (LMOs) based on their intended use. Among these, the Ministry of Environment (MOE) is tasked with risk assessment and safety management of LMOs for environmental remediation, as well as the ecological risk assessment of LMOs intended for other purposes. To standardize the assessment criteria for these LMOs and promote scientific and systematic safety management, the MOE operates designated LMO risk assessment institution. Consequently, safety management regulations and operational standards have been established for LMO facilities under its jurisdiction. Additionally, in preparation for the commercialization of LMOs used for environmental remediation, the MOE has conducted various risk assessment studies to develop assessment and review guidelines. These studies include evaluations of potential ecological impacts, such as the effects on soil microorganisms and insect populations, overwintering potential of seeds, and the likelihood of becoming invasive weeds if LMOs for environmental remediation are released into domestic ecosystems. To further refine the risk assessment of LMOs for environmental remediation, research has been conducted in standardized contaminated environments, including surveys of plant and microbial communities in polluted sites like abandoned mines in South Korea. Simulated contaminated environments were also created within LMO confined field, where trait characteristics and metabolic changes of the LMOs were monitored. Furthermore, a database of environmental data, including climate conditions and resident biota in the confined field where ecological risk assessments are conducted, was established to enhance the reliability of risk assessments.

\*\* This research was supported by the National Institute of Ecology (NIE) funded by the Ministry of Environment (MOE) of the South Korea (Grant Number: NIE-A-2024-04; NIE-A-2024-10; NIE-A-2024-11).

**Corresponding author E-mail:** khnam@nie.re.kr

GP-02

## A study on the possibility of drug delivery biomaterials using porous structures of diatom

Daeryul Kwon<sup>PC1</sup>, Sangdeuk Lee<sup>1</sup>, Sukmin Yun<sup>1</sup>, Yoseph Seo<sup>2</sup>, Hyunjun Park<sup>2</sup>,  
and Taek Lee<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Protist Research Team, Microbial Research Department, Nakdonggang National Institute of Biological Resources (NNIBR), Sangjul 37242, Korea

<sup>2</sup>Department of Chemical Engineering, Kwangwoon University, Seoul 01897, Korea

This study investigated the potential of diatom in freshwater as a drug delivery vehicle. Candidate species were selected by focusing on the porous structural characteristics of the outer valve of diatom, and the sampling site was collected in the upstream of the Nakdong River, and single cell separation and stepwise proliferation of diatom were performed for uniform biosilica production. Two types were selected in consideration of the search and growth of the diatom structure for drug delivery biomaterials. The selected species was *Staurosira constructuens* var. *venter* and *Asterionella formosa*. Optimization of growth and pretreatment conditions was identified to maintain the shape of diatom, and DM medium was used as a medium. The cultured diatom recover the biosilica, which is a diatom cell shell, through pretreatment, which plays an important role in drug delivery system. Internal organic matter was removed for the biosilica collection, and it was confirmed as amorphous in which the diffraction pattern of diatom was not confirmed through a transmission electron microscope. Biosilica raw materials were produced through durability verification and diversification of pretreatment techniques. Thereafter, the lipid nanoparticles were loaded with a drug (strontium renelate), a treatment for osteoporosis, and then chitosan was coated to cause electrostatic interactions, and purified biosilica was combined with the drug whose outer membrane was positively charged to produce a biosilica-based drug delivery vehicle (BS-NLC). after, through drug capture analysis and durability verification, the tendency of the drug to release the sustained release was confirmed, and it was confirmed that the drug has stability despite various pH conditions and physicochemical treatment. In this study, the possibility of drug delivery support was confirmed, and from 2024, the production of a biosilica-based drug delivery vehicle is being carried out in earnest.

**Corresponding author E-mail:** kdyrevive@nnibr.re.kr

GP-03

## Seasonal dynamics of phytoplankton in Korean coastal waters: Influence of hydrography factors

Chung Hyeon Lee<sup>p</sup> and Seung Ho Baek<sup>c</sup>

Ecological Risk Research Department, Korea Institute of Ocean Science and Technology

Coastal ecosystems are significantly influenced by diverse oceanographic conditions and anthropogenic activities. However, the complex interaction between these factors and phytoplankton dynamics in Korean Coastal Waters (KCWs) remains poorly understood. Here, we conducted a comprehensive analysis of phytoplankton communities across 23 stations in the Yellow Sea, South Sea, and East Sea from 2020 to 2021. Our findings reveal distinct regional patterns in hydrography and phytoplankton composition, driven by unique oceanographic features. The East Sea exhibited an unexpected thermal regime, with higher winter temperatures due to warm currents but lower summer temperatures compared to other regions. In contrast, the Yellow Sea showed markedly reduced salinity resulting from substantial freshwater influx, markedly differing from the high-salinity East Sea. These hydrographic variations significantly impacted regional productivity, with the Yellow Sea recording peak chlorophyll *a* concentrations of  $6.05 \mu\text{g L}^{-1}$  during summer, substantially exceeding the consistently lower levels in the East Sea. Principal component analysis (PCA) revealed a strong positive correlation between diatom abundance and chlorophyll *a*, which was not observed in cryptophytes. Diatoms dominated the phytoplankton community (80-100%) in the nutrient-rich Yellow Sea across most seasons, while cryptophytes and dinoflagellates displayed distinct seasonal and spatial patterns, indicating opportunistic adaptation to nutrient-limited conditions. Our results highlight the critical role of region-specific hydrography in shaping phytoplankton dynamics within KCWs. This study provides essential insights into the mechanisms regulating phytoplankton bloom timing and intensity, contributing to our understanding of coastal ecosystem functioning and resilience in response to environmental change.

\*\* This research was supported by grant (20163MFDS641) from the Ministry of Food and Drug Safety, Republic of Korea. This research was also supported by a project on the sustainable research and development of Dokdo (PG54141), which is funded by the Ministry of Oceans and Fisheries, Republic of Korea.

**Corresponding author E-mail:** baeksh@kiost.ac.kr

GP-04

## 비번식기 멸종위기 야생생물 I급 수원청개구리(*Dryophytes suweonensis*)의 미소 서식지 선택

구교성<sup>pc1,2</sup>, 박은진<sup>2</sup>, 윤광성<sup>1</sup>, 진승남<sup>1</sup>, 강하경<sup>2</sup>

<sup>1</sup>한국환경지리연구소

<sup>2</sup>이화여자대학교

1980년 신종으로 기록된 수원청개구리 (*Dryophytes suweonensis*)는 제한된 서식 범위와 교란에 따른 영향 등으로 멸종위기 야생생물 I급에 지정되었다. 이후 수원청개구리에 대한 수많은 연구가 진행되었으나 대부분이 번식지인 논에 한정된 연구만 이루어졌다. 이에 따라 논을 관리하는 것 외에 수원청개구리를 보존할 뚜렷한 방안이 없는 실정이다. 한편, 한국에서는 물을 대는 논농사가 약 4,000년 전부터 시작된 것으로 알려져 있기에 논을 한 생물의 주 서식지로 보는 것에는 논란이 있다. 따라서, 본 연구에서는 수원청개구리의 미소서식지(micro-habitat)를 파악하기 위해 비번식기에 이들이 서식하는 환경을 조사하였다. 조사지는 경기도 평택 지역이었으며, 연구 시기는 해당 지역 논에 물대기가 막 시작된 2024년 5월 23-24일이었다. 조사 결과, 총 706개체의 수원청개구리가 2목 2과 4종의 식물에서 발견되었다. 반면, 논에서는 수원청개구리가 발견되지 않았다. 수원청개구리가 가장 높은 빈도로 이용한 식물은 벼목 (Poales) 벼과 (Poaceae)에 속하는 갈대 (*Phragmites australis*)로 전체 97.0%였으며, 소리쟁이 (*Rumex crispus*, 2.7%), 달뿌리풀 (*Phragmites japonica*, 0.1%), 줄 (*Zizania latifolia*, 0.1%) 순이었다. 수원청개구리는 식물의 잎 (93.2%)에서 가장 높은 빈도로 발견되었으며, 줄기에서는 6.8%만이 발견되었다. 수원청개구리가 가장 선호했던 갈대는 습지 및 하구뿐만 아니라 논 주변 하천이나 수로에서도 흔하게 볼 수 있다. 아마도 수원청개구리는 비번식기 동안 갈대가 자라는 환경에서 활동하다가 논에는 번식을 위해 이동하는 것으로 추정된다. 한편, 국외에서는 갈대와 같은 정수식물 (emergent plants)을 주 서식지로 활용하는 개구리를 통칭해 “갈대 개구리 (Reed frog)”라 한다. 즉, 수원청개구리는 한국에서는 알려지지 않았던 “갈대 개구리”의 특성을 보이기 때문에 추후에는 이를 고려한 접근을 해야 할 것이다.

교신저자 E-mail: flqpfj@hanmail.net



## 일반 & 신진연구자 구두 발표

일 시: 2024년 10월 16일(수) 17:00 - 18:20

장 소: 그랜드볼룸Ⅱ(Grand Ballroom Ⅱ)

좌장: 박재연/차세대융합기술연구원

17:00 - 17:15	YS-01	Enhancement of ketocarotenoid production using heterologous orange protein from <i>Ipomoea batatas</i> in indigenous microalga <i>Ettlia</i> sp. Jun-Woo Lee (National Institute of Ecology)
17:15 - 17:30	YS-02	유해 남세균, <i>Microcystis aeruginosa</i> 제거를 위한 고성능, 선택성 흡착제 개발 박윤환 (고려대학교)
17:30 - 17:45	YS-03	Causal inference for interaction networks between freshwater plankton and environmental drivers using graph-based approaches Hyo Gyeom Kim (Korea University)
17:45 - 18:00	YS-04	Estimating the global spatial distribution of Cogon grass ( <i>Imperata cylindrica</i> ), one of the 100 worst invasive weeds using machine learning algorithm Pradeep Adhikari (Hankyong National University)
18:00 - 18:20	GP-05	Shrimp ( <i>Neocaridina denticulata</i> ) introduction improved submerged macrophyte growth and water quality in a filamentous microalgae-dominated eutrophic pond: A study from microcosm to field Seong-Jun Chun (National Institute of Ecology)



YS-01

## Enhancement of ketocarotenoid production using heterologous orange protein from *Ipomoea batatas* in indigenous microalga *Ettlia* sp.

Jun-Woo Lee<sup>P1</sup>, Min-Woo Lee<sup>2</sup>, Kyong-Hee Nam<sup>1</sup>, Seong-Jun Chun<sup>1</sup>,  
Hee-Mock Oh<sup>2</sup>, EonSeon Jin<sup>3</sup>, and Hyung-Gwan Lee<sup>C2</sup>

<sup>1</sup>LMO Team, National Institute of Ecology (NIE), Seocheon 33657, Republic of Korea

<sup>2</sup>Cell Factory Research Center, Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), Daejeon, 34141, Republic of Korea

<sup>3</sup>Department of Life Science and Research Institute for Natural Sciences, Hanyang University, Seoul 04763, Republic of Korea

Astaxanthin, one of the most powerful natural antioxidants, is used in high-value industries such as cosmetics, nutraceuticals, and food products derived from microalgae. In this study, *Ettlia* sp. mutants were generated by expressing two types of heterologous orange proteins, IbOr and IbOr-R96H where the 96th arginine of IbOr was substituted with histidine, derived from *Ipomoea batatas* to enhance astaxanthin production. The *Ett-IbOr-R96H* mutant demonstrated a 2.4-fold increase in  $\beta$ -carotene content compared to the wild type (4.59 mg/g DCW), reaching 10.82 mg/g under high-light condition via two-phase cultivation. Under dual-stress conditions combining high-light and nitrogen deprivation, the total carotenoid content increased to 17.24 mg/L and 21.94 mg/L in *Ett-IbOr* and *Ett-IbOr-R96H*, respectively. The astaxanthin and canthaxanthin content in *Ett-IbOr-R96H* was 4.89 mg/L and 0.47 mg/L, respectively, which were 1.8-fold and 1.5-fold higher than those in *Ett-IbOr*. Additionally, photosynthetic efficiency (Fv/Fm) recovered in *Ett-IbOr-R96H* under dual-stress conditions compared to the wild type and reactive oxygen species levels decreased throughout the cultivation period. This study suggests that the heterologous *IbOr* expression in *Ettlia* sp. could be an effective approach for enhancing the production of ketocarotenoids and improving stress resistance for industrial applications.

\*\* This research was supported by the National Institute of Ecology (NIE) funded by the Ministry of Environment (MOE) of the South Korea (Grant Number: NIE-A-2024-04; NIE-A-2024-10; NIE-A-2024-11).

**Corresponding author E-mail:** trustin@kribb.re.kr

YS-02

유해 남세균, *Microcystis aeruginosa* 제거를 위한 고성능, 선택성 흡착제 개발박윤환<sup>1,2</sup>, 오세훈<sup>1</sup>, 윤성호<sup>3</sup>, 최윤이<sup>1</sup><sup>1</sup>고려대학교 환경생태공학과<sup>2</sup>고려대학교 공과대학 녹색생산기술연구소<sup>3</sup>(주)광림정공 기업부설연구소

녹조현상은 기후변화, 영양염류의 유입 등으로 전 세계적으로 발생하는 자연적 재난현상으로 수생태계 생물 외에도 인간에게도 피해를 유발하고 있다. 녹조현상에 대응하기 위하여, 다양한 기법이 개발되었으나, 이러한 방법은 세포의 사멸을 유도하여 남세균 유래 독소로 의한 2차 오염을 유발할 수 있다는 단점을 지니고 있다. 본 연구는 기존의 제어기법의 단점을 보완하여 녹조현상을 유발 유해 남세균 세포를 직접적으로 제어하는 방법을 제시하였다. *M. aeruginosa* 균주의 세포벽의 특성에 따라 음전하를 띠는 특징을 가지고 있다는 점을 활용하여 양전하의 표면 특성을 가진 흡착 소재를 이용하여 정전기적 상호작용에 의한 제어를 진행하였다. 우선 합성 고분자인 PVC와 양이온성 고분자 PEI를 혼합한 PEI-PVC 소재를 개발하였으며, 혼합을 통해 양이온성 작용기가 다수 포함된 소재를 성공적으로 개발하였다. 이외에도, 분자 구조 내 다량의 아민기를 포함하고 있는 키토산 기반의 소재의 제어 성능을 향상시키기 위하여 양이온성 고분자의 추가 표면 개질을 진행한 소재를 개발하였다. 또한, 잠재적인 환경 영향을 배제하기 위하여 상대적으로 환경 친화적인 기반의 흡착 소재를 개발하였다. Cellulose가 중점성분인 cotton을 활용하여 양이온성 바이오 폴리머 Chitosan의 표면 개질을 진행하여 CS-m-cotton을 개발하였다. 마지막으로 선택적 제어 문제를 해결하기 위하여 제어 특이성을 가진 박테리아(T4)의 배양액을 활용하여 흡착 소재에 추가적인 선택성 도입을 진행하였다. 그 결과, 박테리아 배양액의 추가 표면 개질 시 다른 미세조류에 비하여 *M. aeruginosa*에 대한 제어 특이성이 확보됨을 확인할 수 있었다. 흡착 기반 제어 기술이 가진 문제를 해결하였지만, 실제 환경에서 다양한 미생물과 군집을 이루면서 존재하기 때문에 군집 별 특이성, 바이오 폴리머 기반의 흡착 소재에 선택성 부여, test-bed가 아닌 실제 환경에서의 적용 가능성의 문제가 아직 해결되지 않았다. 따라서 추후 연구를 통하여 해당 문제를 입증하고 해결해 나갈 계획이다.

\*\* 본 결과물은 환경부 (MOE)의 재원으로 한국환경산업기술원 (KEITI)의 야생생물유래친환경신소재및공정기술개발사업 (2021003280004, 2021003280006)의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: yechoi@korea.ac.kr

YS-03

## Causal inference for interaction networks between freshwater plankton and environmental drivers using graph-based approaches

Hyo Gyeom Kim<sup>p1</sup>, Hannah Joo<sup>2</sup>, Eun-Young Jung<sup>3</sup>, Heejong Son<sup>3</sup>,  
and Kyung Hwa Cho<sup>c,2</sup>

<sup>1</sup>Future and Fusion Lab of Architectural, Civil and Environmental Engineering, Korea University

<sup>2</sup>School of Civil, Environmental, and Architectural Engineering, Korea University

<sup>3</sup>Busan Water Quality Institute

Plankton in freshwater ecosystems form the foundation of the aquatic biological community and play a critical role in determining the stability and productivity of water bodies. In particular, cyanobacteria contribute to harmful algal blooms, leading to water pollution and ecosystem degradation. Plankton dynamics are shaped by multiple factors, including water temperature, solar radiation, eutrophication, and water circulation, making their interpretation and prediction complex. To tackle these challenges, we aim to infer the interaction structure between plankton and environmental drivers using machine learning and network-based methods. Leveraging water quality, meteorological, and plankton community data from the lower Nakdong River, we predicted the densities of bacillariophyceae, cyanobacteria, chlorophyceae, and zooplankton using the XGBoost algorithm and structural equation models. In addition to these models, random edge indices and random edge weights were used to explore potential interaction structures. These structures were then evaluated using a graph convolutional network. This modeling framework provides a more nuanced interpretation of complex environmental systems by analyzing both random and data-driven interaction patterns among key environmental and biological variables.

**Corresponding author E-mail:** khcho80@korea.ac.kr

YS-04

## Estimating the global spatial distribution of Cogon grass (*Imperata cylindrica*), one of the 100 worst invasive weeds using machine learning algorithm

Pradeep Adhikari<sup>p1</sup>, Eun Seo Lee<sup>2</sup>, Sun Hee Hong<sup>1</sup>, and Changwon Seo<sup>c2</sup>

<sup>1</sup>Hankyong National University, Anseong-si 17579, Gyeonggi-do, Republic of Korea

<sup>2</sup>National Institute of Ecology, 33657, Seocheon-gun, Chungcheongnam-do, Republic of Korea

*Imperata cylindrica*, one of the world's 100 worst invasive weeds, has been introduced globally as forage and for soil erosion control. In this study, five machine learning algorithms—Generalized Additive Model, Maximum Entropy (MaxEnt), Random Forest, Boosted Regression Trees, and XGBoost—were used to estimate the invasion risk of *I. cylindrica* under climate change scenarios based on Shared Socioeconomic Pathways (SSP), specifically SSP2-4.5 and SSP5-8.5. Based on the highest predictive performance, the Random Forest model was selected for global invasion risk assessment. The model indicates that the invasion risk of *I. cylindrica* will increase by 27.97% and 43.67% during 2061-2080. Habitat suitability was estimated in 195 countries, with each country classified into five categories: unsuitable, low, moderate, high, and very high suitability. Currently, 41 countries, including Burundi, Nigeria, Cuba, and New Caledonia, have very high suitability for this weed. However, under SSP2-4.5, 65 countries, and under SSP5-8.5, 70 countries would have very high suitability. Similarly, invasion risk was assessed based on average invasion risk, which revealed that at least 6 countries will transition from no risk to low risk, 17 countries from low to moderate risk, and 14 countries from moderate to high habitat suitability under SSP5-8.5. This study assessed the spatial invasion risk of *I. cylindrica* by selecting the best-performing machine learning algorithm (Random Forest) and identifying high-risk countries, offering valuable insights into the global invasion status of *I. cylindrica* under changing climate conditions. The results are expected to significantly aid invasive weed management, helping to develop control and sustainable management strategies for this notorious weed on a global scale.

\*\* This research is supported by the National Research Foundation of Korea (RS 2023-00247840) and Korea Environment Industry & Technology Institute (RS-2022-KE002369). Therefore, authors are grateful to both projects for providing research fund.

**Corresponding author E-mail:** dharmascw@nie.re.kr

GP-05

## Shrimp (*Neocaridina denticulata*) introduction improved submerged macrophyte growth and water quality in a filamentous microalgae-dominated eutrophic pond: A study from microcosm to field

Seong-Jun Chun<sup>PC</sup>

LMO Team, National Institute of Ecology, 1210 Geumgang-ro,  
Maseo-myeon, Seochon 33657, Korea

The balance between submerged macrophytes and microalgae is essential for maintaining a stable aquatic ecosystem. However, eutrophication and imbalances in the food chain are recognized as major issues leading to algal blooms and perturbations in aquatic ecosystems. In this study, we conducted a comprehensive investigation into the combined effects of freshwater shrimp *Neocaridina denticulata* predation on the balance between submerged macrophytes and microalgae and their influence on the aquatic microbiome. We conducted feeding experiments targeting three different microalgal complexes occurring seasonally and carried out field experiments using ponds within the National Institute of Ecology. The biomass of periphyton attached to aquatic plants *Potamogeton cristatus* decreased by over tenfold compared to the control pond. As a result, the area covered by submerged macrophytes increased by approximately elevenfold in the treatment group compared to the control group, while the area occupied by filamentous algae decreased by about ninefold. With the introduction of shrimp into the ecosystem, the balance between submerged macrophytes and algae was restored, leading to improvements in water quality, including reduced turbidity. Moreover, network analysis incorporating both prokaryotes and eukaryotes indicated a reduction in microbial interactions between microalgae and other microorganisms within the treatment pond. These results underscore the value of small shrimp in restoring eutrophied and imbalanced lake ecosystems, demonstrating specific mechanisms in the process.

\*\* This research was supported by the National Institute of Ecology (NIE) funded by the Ministry of Environment (MOE) of the South Korea (Grant Number: NIE-A-2024-10; NIE-A-2024-04; NIE-A-2024-11).

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





## 학생 구두 발표 1

일 시: 2024년 10월 16일(수) 13:30 - 15:20

장 소: 그랜드볼룸 I (Grand Ballroom I)

좌장: 이윤식/부산대학교

13:30 - 13:42	ST-01	산림 벌채지 형태가 중대형포유류 다양도에 미치는 영향 기작 파악 김미현 (경북대학교)
13:42 - 13:54	ST-02	Maximizing biomass, carbon sequestration, and long chain fatty acid yields in microalgae under elevated CO <sub>2</sub> conditions Sungmo Kang (Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology)
13:54 - 14:06	ST-03	국외 문헌 기반의 어류 기후변화 취약성 평가법 분석 최혜지 (충남대학교)
14:06 - 14:18	ST-04	Study on the bioluminescence of <i>Aliivibrio fischeri</i> after lyophilization and reactivation according to the growth curve Chul Woo Park (Hanyang University)
14:18 - 14:30	ST-05	Ecological health assessments in a temperate monsoon river on longitudinal gradients and seasonal variability using multimetric index approaches Thet Thet Khaing (Chungnam national University)
14:30 - 14:42	ST-06	Unveiling patterns of wildlife conservation attitudes in Gilgit-Baltistan, Pakistan using unsupervised machine learning algorithms Shahab Ud Din (Kyungpook National University)
14:42 - 14:54	ST-07	Applying deep learning models for management of invasive turtles through automated early detection Jong-Won Baek (Sangmyung University)
14:54 - 15:06	ST-08	Microbial generalists as keystone species: constructing core network modules in the anthosphere of twelve diverse wildflowers and the role of pollinators in gene flow for environmental risk assessment Jihoon Kim (National Institute of Ecology)
15:06 - 15:18	ST-09	Genotypic diversity and growth responses to temperature and salinity variations of <i>Coolia malayensis</i> (Gonyaulacales, Dinophyceae) in Chinese coastal waters Xu-Dong Lian (Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology)



ST-01

## 산림 벌채지 형태가 중대형포유류 다양도에 미치는 영향 기작 파악

김미현<sup>P</sup>, 박중열, Shahab Ud Din, 홍성원<sup>C</sup>

경북대학교 축산BT학과

인위적으로 벌채된 산림의 서식지의 공간 형태(예. 벌채지의 개수, 비벌채지의 크기 등)는 중대형포유류의 다양성에 영향을 미치는 주요한 요소이다. 포유류는 먹이 획득, 안정적인 번식처의 유무, 포식자 회피 등의 요소들에 따라 서식지 선호도가 종별로 다르며, 종 간 상호작용 유형(포식-피식, 먹이경쟁, 공간경쟁)에 따른 선호도의 차이도 보일 수 있다. 그러나 중대형포유류의 다양성에 영향을 미치는 벌채지 형태가 종별 서식지 선호도와 종 간 상호작용에 의한 선호도 중 어느 측면과 더 밀접하게 연관되어 있는지를 파악한 연구는 거의 없다. 본 연구에서는 벌채 산림 내 중대형포유류 다양성에 영향을 미치는 벌채지 형태를 식별하고 개별 종 또는 종 간 상호작용에 영향을 미치는 환경요인이 종 다양성에 영향을 미치는 환경요인과 동일한지 확인하였다. 벌채지 형태와 관계를 확인하기 위해 카메라 지점으로부터 반경 50m, 500m, 1km 내에서 추출한 벌채지 형태지수를 포함한 다양한 환경요인(식생요인, 인위적 및 지리적 요인)을 수집하였다. 선형혼합모델(Liner mixed model, LMM) 분석을 통해 다양도가 증가할 수 있는 벌채지 형태를 파악하였다. 종별 서식지 선호도는 단일 종 점유 모델(single-species occupancy model)을 이용해 분석하였고, 종 간 상호작용에 영향을 미치는 서식지 선호도는 복합 종 점유 모델(multi-species occupancy model)을 통해 분석하였다. LMM 분석결과, 종 다양도는 비벌채지 간의 연결정도를 대변하는 지수값이 높을수록 증가하였다. 단일 및 복합 종 분포 모델 분석결과, 다양도에 영향을 미치는 벌채지 형태는 개별 종의 서식지 선호요소보다 종 간 상호작용 중 특히 포식-피식 관계에 영향을 미치는 서식지 선호요소와 관련있었다. 벌채 시, 포식자 및 피식자가 공존할 수 있도록 비벌채지 간의 연결성을 고려하는 환경을 조성하는 것은 사람으로 인해 변화된 산림에서의 생물다양성 유지에 기여할 수 있다.

교신저자 E-mail: shong@knu.ac.kr

ST-02

## Maximizing biomass, carbon sequestration, and long chain fatty acid yields in microalgae under elevated CO<sub>2</sub> conditions

Sungmo Kang<sup>1,2</sup>, Ki-Hyun Kim<sup>1</sup>, and Zhun Lic<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Biological Resource Center/Korean Collection for Type Cultures (KCTC), Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology, Jeongseup 56212, Republic of Korea

<sup>2</sup>Department of Biotechnology, College of Life Sciences and Biotechnology, Korea University, Seoul 02841, Republic of Korea

<sup>3</sup>Department of Environmental Biotechnology, University of Science and Technology (UST), 217 Gajeong-ro, Yuseong, Daejeon 34113, Republic of Korea

As industrial carbon dioxide (CO<sub>2</sub>) emissions continue to rise, there is increasing interest in biological methods to capture and utilize it. Microalgae, due to their high photosynthetic efficiency, rapid growth, and ability to thrive in elevated CO<sub>2</sub> environments, are particularly well-suited for this purpose. This study investigates the effects of increased CO<sub>2</sub> levels on the growth and metabolic profile of five microalgal species: *Chlamydomonas* sp. LZ-CHLA004, *Chlorella sorokiniana* LZ-DO005, *Coelastrella thermophila* KCTC AG61291, *Haematococcus lacustris* KCTC AG61289, and *Thermosynechococcus elongatus* KCTC AG61299. The cultures were cultivated in BG-11 medium at 25°C in 2 L bubble column bioreactors, illuminated at 250  $\mu\text{E}/\text{m}^2/\text{s}$ , and aerated with various CO<sub>2</sub> concentrations of (0.04%, 5%, 13%, and 20%). All species showed no growth inhibition at 5%, with *C. thermophila* KCTC AG61291 maintaining sustained growth even at 20%, indicating high tolerance to elevated CO<sub>2</sub> levels. For most strains, excluding *H. lacustris* KCTC AG61289, the optimal balance between biomass production and carbon uptake was observed at 13%, while long chain fatty acid (LCFA) production peaked at both 13% and 20%. *C. thermophila* KCTC AG61291 achieved the highest dried biomass yield (3.81 g/L) and carbon fixation rate (0.43 gCO<sub>2</sub>/L/d) at 20%. *C. sorokiniana* LZ-DO005 showed a significant increase in LCFA production at 13%, with a 4.6-fold increase compared to 5% and a 42.6-fold increase compared to 0.04%. Furthermore, the polyunsaturated to monounsaturated fatty acid ratio was highest at 5%. Principal component analysis revealed a strong positive correlation between increased CO<sub>2</sub> levels and enhancements in biomass production, carbon fixation, and photosynthetic efficiency. These findings highlight the potential of these microalgae for sustainable biomass production and carbon sequestration in high CO<sub>2</sub> environments, supporting the development of renewable biofuels.

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

ST-03

## 국외 문헌 기반의 어류 기후변화 취약성 평가법 분석

최혜지<sup>P</sup>, 조민재, 김지윤, Jargal Namsrai, 안광국<sup>C</sup>

충남대학교 생명과학과

본 연구에서는 기후변화에 따른 어류의 민감도를 평가하고 기후변화 지표를 개발하기 위해, 국외 문헌을 기반으로 전 세계적인 기후변화 취약성 지표(메트릭)를 우리나라 어종에 적용하여 분석하였다. 연구 대상은 수생태계 현황 조사 및 건강성 평가 방법에 관한 지침(하천편)에 기재되어있는 어류 중 기수어종, 내성종, 잡식종, 개체풍부도가 높은 종을 제외한 45종과 붕어, 돌고기, 피라미, 치리, 빙어, 꺾지를 추가로 분석하여 총 51종의 어류를 대상으로 하였다. 미국 중서부 지역 문헌의 기후변화 반응성 지수(Response score) 및 형질기반 다변수 평가지수(Trait score)를 적용하여 환경 내성도 기반의 기후변화 취약성을 평가하기 위해 2019-2021년 동안 4대강 본류 134개 지점에서 수집된 생물측정망 자료를 사용하였다. 분석 결과, 독중개와 한독중개가 기후변화에 가장 취약한 것으로 나타났다. 미국 환경보호국의 기본 취약성 및 기후변화 취약성을 종합적으로 평가한 결과, 꼬치동자개, 산천어, 남방동사리 등 13종이 가장 취약한 것으로 나타났으며, 이 중 10종은 멸종위기종에 속했다. 캐나다 문헌에 근거한 형질 기반 기후변화 취약성 평가에서는 산천어와 열목어가 가장 높은 취약성을 보였으며, 독중개, 한독중개, 꼬치동자개 등의 순서로 평가되었다. 본 연구는 우리나라 어류의 기후변화 취약성 평가 지표를 개발하는 데 중요한 기초 자료로 활용될 것이다.

\*\* 본 연구는 환경부 예산으로 국립생태원이 수행하는 「탄소흡수원의 생물다양성 평가체계 구축 연구(NIE-C-2024-111)」의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: kgan@cnu.ac.kr

ST-04

## Study on the bioluminescence of *Aliivibrio fischeri* after lyophilization and reactivation according to the growth curve

Chul Woo Park<sup>1,2</sup>, Hyun Jung Jo<sup>2</sup>, Goeun Yoon<sup>2</sup>, and Baik-Ho Kim<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Environmental Sciences, Hanyang University, Seoul 04763, Republic of Korea

<sup>2</sup>R&D Center, Dongmoonent Co., Ltd, Seoul 08377, Korea

*Aliivibrio fischeri* (*A. fischeri*) emits bioluminescence through a quorum-sensing mechanism based on cell density. When exposed to toxic chemicals for a certain period, the bioluminescence decreases, and this reduction is used to assess ecological toxicity by measuring the bioluminescence inhibition rate. The bioluminescence of *A. fischeri* is maintained after lyophilization and reactivation, enabling long-term preservation and easy use in ecotoxicity tests, and it plays a crucial role in enhancing the reproducibility of experiments. In this study, we observed the variations in bioluminescence according to the growth curve of *A. fischeri* and the dynamics of bioluminescence after lyophilization and reactivation. *A. fischeri* was obtained from the Korean Collection for Type Cultures (KCTC), and this strain is the same type strain as ATCC 7744 from the American Type Culture Collection (ATCC). The culture medium used was modified ISO medium, and the typical growth curve was observed when cultured at 25°C and 300 RPM in a shaking incubator under various temperature conditions. During the cultivation process, samples were taken, and optical density at 600 nm (OD<sub>600</sub>) was measured using a spectrometer to monitor the growth curve of *A. fischeri*. OD<sub>600</sub> provides an estimate of cell density in the culture. It was observed that the culture entered the stationary phase after 16 hours. Bioluminescence started to appear at an OD<sub>600</sub> value of 0.5 and continued to increase until the stationary phase. However, even though the culture was in the stationary phase, bioluminescence began to decrease after 40 hours of cultivation. *A. fischeri* cultures with an OD<sub>600</sub> value between 0.6 and 1.5 were collected for lyophilization, and skim milk was used as the cryoprotectant. It was confirmed that the bioluminescence of the lyophilized *A. fischeri* was maintained after reactivation. In the future, the stability and reproducibility of the lyophilized strain will be verified through toxicity tests using standard toxicants, and it is expected that this strain can be reliably utilized in ecotoxicity assessments.

**Corresponding author E-mail:** tigerk@hanyang.ac.kr

ST-05

## Ecological health assessments in a temperate monsoon river on longitudinal gradients and seasonal variability using multimetric index approaches

Thet Thet Khaing<sup>P</sup>, Namsrai Jargal, Ji Yoon Kim, and Kwang-Guk An<sup>C</sup>

Department of Bioscience and Biotechnology, Chungnam national University,  
Daejeon, South Korea

Longitudinal and seasonal physico-chemical gradients were evaluated in a temperate monsoon river along with the functional traits and their links to biological health indicators and status. A ten-year dataset of water quality and fish monitoring across five sites was used. We applied multimetric indices of water pollution (mWPI) and fish-based biotic integrity (mIBI-F) to assess chemical and biological river health, with fish ordination analysis as a complementary tool. Results showed increased nutrients, organic matter, ionic contents, and chlorophyll-a at polluted sites, worsening during the summer monsoon. Chemical health slightly improved in autumn but remained poor downstream. Fish health indicators reflected stress: reduced species richness, more tolerant species, and shifts toward omnivorous species. Invasive alien species increased in autumn, reflecting heightened biological stress post-monsoon. mIBI-F showed declining river health downstream, especially in autumn, strongly correlating with chemical health ( $R^2=0.61$ ,  $p<0.001$ ). Regression analyses linked fish composition changes to chemical health, influenced by pollution and monsoon effects. Our findings highlight risks to river health from agricultural and urban runoff and wastewater discharges from industries and cities.

**Corresponding author E-mail:** [kgan@cnu.ac.kr](mailto:kgan@cnu.ac.kr).

ST-06

## Unveiling patterns of wildlife conservation attitudes in Gilgit-Baltistan, Pakistan using unsupervised machine learning algorithms

Shahab Ud Din<sup>p1</sup> and Sungwon Hong<sup>c1, 2</sup>

<sup>1</sup>Department of Animal Biotechnology Science, Kyungpook National University, Sangju 37224, Republic of Korea

<sup>2</sup>Department of Horse/Companion, and Wild Animal Science, Kyungpook National University, Sangju 37224, Republic of Korea

Understanding public attitudes towards wildlife conservation is crucial for effective management and policy-making, especially in biodiverse, developing regions like Gilgit-Baltistan (GB). This study surveyed 500 respondents across ten districts from March to June 2023 using interviews and semi-structured questionnaires to explore local conservation attitudes. A robust methodology was employed, combining Self-Organizing Maps (SOM) to identify patterns, Non-Metric Multidimensional Scaling (NMDS) to visualize these patterns, and further analyses with ANOSIM, PERMANOVA, and SIMPER to elucidate group differences and key factors influencing attitudes. The SOM analysis identified four distinct attitude clusters, and NMDS illustrated association of clusters with factors. Socio-economic factors, including education level and income sources were differently associated with species conservation awareness, and conservation participation experience. ANOSIM and PERMANOVA confirmed the significance of these factors in shaping attitudes. This study reveals diverse attitudes toward conservation in Gilgit-Baltistan, highlighting the need for tailored strategies that resonate with each group's values and effectively engage them in conservation efforts.

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



ST-07

## Applying deep learning models for management of invasive turtles through automated early detection

Jong-Won Baek<sup>p</sup>, Jung-Il Kim, Geon-Hwan Kim, Min-Ho Mun, Seung-Min Han,  
and Chang-Bae Kim<sup>c</sup>

Biotechnology Major, Sangmyung University, Seoul 03016, Korea

Invasive species contribute significantly to negatively impacting native species, spreading pathogens, and altering ecosystem functions. In particular, invasive turtles can have a greater impact than other animals because they are long-lived animals that can survive in suboptimal habitats. Therefore, Early Detection and Rapid Response (EDRR) is essential to manage invasive turtles through effective monitoring. Management efforts for invasive turtles typically involve field monitoring methods such as visual survey, taking photos, and camera traps. Although these approaches have proven effective in surveying the distribution of invasive species, it can be challenging to cover a broad survey area. Therefore, a accurate and rapid method is needed to early detect and classify invasive turtles *in situ*. Recently, a deep learning-based object detection model, such as the You Only Look Once (YOLO) series, has been applied to the early detection of invasive species and has proven its potential. In addition, this model has been advantageous in that it is mounted on mobile devices or drones. In this preliminary study, the object detection model was employed to detect and classify invasive turtles, particularly six ecosystem disturbing species designated by the Ministry of Environment of the Republic of Korea. The outcomes of this study may help monitor invasive turtles through early detection.

\*\* 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 (NIBRE202411).

**Corresponding author E-mail:** evodevo@smu.ac.kr

ST-08

## Microbial generalists as keystone species: constructing core network modules in the anthosphere of twelve diverse wildflowers and the role of pollinators in gene flow for environmental risk assessment

Jihoon Kim<sup>p1,2</sup>, Jong-Geol Kim<sup>2</sup>, and Seong-Jun Chun<sup>c1,2</sup>

<sup>1</sup>LMO Team, National Institute of Ecology, Seocheon 33657, Korea

<sup>2</sup>Department of Biological Sciences, Wonkwang University, Iksan 54538, Korea

The anthosphere plays a vital role in the reproductive system of plants. Thus, investigating the microbiome within the anthosphere is essential for exploring the diversity, interactions, and functional roles of wildflowers cohabitating in natural settings. Our study aimed to explore the mechanisms of microbial interactions and the primary drivers influencing the structures of microbial communities, using 144 samples collected from 12 distinct wildflower species within the same natural habitat in South Korea. Furthermore, we investigated the unintended release of Living Modified Organisms (LMOs) and collected pollinators carrying pollen to explore the interactions between pollinators and the anthosphere. The microbial diversity within the anthosphere demonstrated plant-specific variations, with *Forsythia koreana* exhibiting the highest diversity, highlighting microbial dynamics relative to different plant species. Anthosphere generalists such as *Caulobacter*, *Sphingomonas*, *Achromobacter*, *Epicoccum*, *Cladosporium*, and *Alternaria* suggested a consistent microbial composition across the local plant anthosphere. Functions linked to parasites and pathogens were prevalent in *Capsella bursa-pastoris* and *Brassica juncea*, with this prevalence partly influenced by human activities. The microbiomes of pollen and pollinators demonstrated both gene flow between LMOs and wild relative species, as well as the transfer of specific microbes by the pollinators. Overall, microbial generalists function as keystone species, supporting and connecting the anthospheric microbiome in natural habitats. Pollinators can reshape the anthosphere by transferring specific microbes and contributing to gene flow between LMOs and wild relative species. This results could be used to elucidate changes in microbial ecosystems caused by LMOs released into natural ecosystems in the future.

\*\* We would like to thank the National Institute of Ecology (NIE) funded by the Ministry of Environment (MOE) of the South Korea (Grant Number: NIE-A-2024-10; NIE-A-2024-04; NIE-A-2024-11).

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

ST-09

## Genotypic diversity and growth responses to temperature and salinity variations of *Coolia malayensis* (Gonyaulacales, Dinophyceae) in Chinese coastal waters

Xu-Dong Lian<sup>p</sup> and Zhun Li<sup>c</sup>

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

As a key component of tropical and subtropical marine benthic ecosystems, *Coolia malayensis* significantly contributes to the formation of harmful benthic algal blooms. This study investigates the genetic diversity and environmental adaptability of this dinoflagellate species by identifying three distinct genotypes-DF553, DF630, and a cluster comprising DF307, DF316, and DF364-through a combination of scanning electron microscopy (SEM), internal transcribed spacer (ITS) phylogenetic analysis, and matrix-assisted laser desorption/ionization-time of flight (MALDI-TOF) mass spectrometry. Phylogenetic analysis of ITS sequences, supported by MALDI-TOF protein profiling, revealed pronounced genetic differentiation among the genotypes. Furthermore, growth experiments conducted under varying temperature (15°C to 30°C) and salinity (15‰ to 35‰) conditions demonstrated genotype-specific environmental preferences: DF553 exhibited optimal growth at 25°C and 30‰ salinity, DF630 at 30°C and 30‰, while the DF307, DF316, and DF364 cluster displayed a wider range of adaptive capacities. These results emphasize the ecological flexibility and adaptive potential of *C. malayensis*, indicating its ability to thrive in diverse marine environments. Additionally, the study underscores the importance of genotypic variation in predicting the species' responses to environmental fluctuations, offering valuable insights for the management of marine ecosystems and the mitigation of harmful algal blooms.

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



## 학생 구두 발표 2

일 시: 2024년 10월 16일(수) 13:45 - 15:20

장 소: 그랜드볼룸 II(Grand Ballroom II)

좌장: 홍성원/경북대학교

13:45 - 13:57	ST-10	Preliminary study on the composition and density of benthic invertebrates from a <i>Phyllospadix</i> sp. and <i>Sargassum</i> sp. inhabited community at Gijang, Busan (Korea) Dana Wynona Tigarea (Hanyang University)
13:57 - 14:09	ST-11	Effects of bacterial co-cultivation on <i>Nannochloropsis oceanica</i> : Growth response and fatty acid contents Kyong Ha Han (Korea Institute of Ocean Science and Technology)
14:09 - 14:21	ST-12	제주 연안에 출현하는 규조류 미기록종 <i>Pseudo-nitzschia lundholmiae</i> 와 신종 후보종 <i>Pseudo-nitzschia</i> sp.의 보고 왕욱 (제주대학교)
14:21 - 14:33	ST-13	Prediction of potential distribution of <i>Hyphantria cunea</i> in Korea under climate change Ji-won Jeong (Gyeongsang National University)
14:33 - 14:45	ST-14	Adaptation of <i>Allonychiurus kimi</i> to new microbial sources: Food switching from fungi to soil cyanobacteria Jeongwon Choi (Pusan National University)
14:45 - 14:57	ST-15	A machine learning approach for integrating data from specimen collection and environmental DNA metabarcoding to monitor biodiversity Min-Ho Mun (Sangmyung University)
14:57 - 15:09	ST-16	Integrative multivariate analysis of water quality parameters and fish trait indicators for ecological river health assessment Namsrai Jargal (Chungnam National University)
15:09 - 15:21	ST-17	어류 유영능력에 기반한 하천 종적 연결성 분석 및 보 개선 방안 조민재 (충남대학교)



ST-10

## Preliminary study on the composition and density of benthic invertebrates from a *Phyllospadix* sp. and *Sargassum* sp. inhabited community at Gijang, Busan (Korea)

Dana Wynona Tigarea<sup>p1</sup>, Jaehyun Kim<sup>3,4</sup>, Somin Lee<sup>2</sup>, and Wonchoel Lee<sup>c1,2</sup>

<sup>1</sup>Department of Environmental Sciences, Hanyang University, Seoul 04763, South Korea

<sup>2</sup>Department of Life Science, Hanyang University, Seoul 04763, South Korea

<sup>3</sup>Biodiversity Research Division, National Institute of Biological Resources, Incheon 22689, South Korea

<sup>4</sup>Research Institute of EcoScience, Ewha Womans University, Seoul 03760, South Korea

Benthic invertebrates are organisms without a backbone that live on the bottom of a water body or within the sediment. They are known to be the most abundant and diverse metazoans on Earth and are distributed in all types of aquatic environments from marine, freshwater, brackish and even terrestrial waters. Benthic invertebrates are an integral part of aquatic ecosystems as they link trophic levels in the marine food web and can also be used as indicators of changing environmental conditions. This study will discuss the preliminary findings on the benthic invertebrate samples collected from a *Phyllospadix* sp. and *Sargassum* sp. inhabited community at Gijang, Busan on 11 April 2024. Samples were taken from the seagrass and seaweed sites separately using the random quadrat method, and their respective benthic invertebrate composition (at major taxa levels) and densities were calculated and compared. Other factors studied include ecological parameters, identification of seagrass and seaweed host species, and production of image data. The results of this pilot study provide baseline information on the type of benthic invertebrates present at this particular site, however further research is recommended to better understand the structure and distribution of the community.

**Corresponding author E-mail:** wlee@hanyang.ac.kr

ST-11

## Effects of bacterial co-cultivation on *Nannochloropsis oceanica*: Growth response and fatty acid contents

Kyong Ha Han<sup>1,2</sup>, Bum Soo Park<sup>2</sup>, Minjae Kim<sup>1</sup>, and Hyeon Ho Shin<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Library of Marine Samples, Korea Institute of Ocean Science & Technology, Geoje 53201, Korea

<sup>2</sup>Department of Environmental Science, Hanyang University, Seoul 04763, Korea

<sup>3</sup>Division of Fisheries Life Science, Pukyong University, Busan 48574, Korea

Co-cultivation with bacteria is one of the proposed strategies for industrial applications of microalgae. In this study, we aimed to evaluate the effects of bacteria on the growth and lipid production of oleaginous microalga *Nannochloropsis oceanica*. Two bacterial strains (*Tritonibacter* sp. and *Alteromonas* sp.) isolated from microalgal culture were inoculated respectively into the xenic culture of *N. oceanica*. The lipid analysis was performed for the samples harvested in the stationary phase. *N. oceanica* in the *Tritonibacter* sp. inoculated group grew faster than the control group (without bacteria inoculation) and reached the stationary phase on day 18, the maximum cell density ( $986 \pm 349$  cells mL<sup>-1</sup>) was similar to the control group ( $1,310 \pm 201$  cells mL<sup>-1</sup>). The dry weight was  $31.33 \pm 11.5$  mg L<sup>-1</sup>, which was not significantly different from that of the control group ( $30.56 \pm 7.2$  mg L<sup>-1</sup>). In terms of fatty acids, the total fatty acid content was  $27.83 \pm 23.4$  mg g<sup>-1</sup>, which was similar to the control group, and the eicosapentaenoic acid (EPA, C20:5) content was twice as high, which is noteworthy. On the other hand, *N. oceanica* in the *Alteromonas* sp. inoculation group grew more slowly than the control group, and the maximum cell density on day 54 ( $1,197 \pm 115$  cells mL<sup>-1</sup>) was not significantly different from the control group. Although the dry weight ( $14.26 \pm 1.4$  mg L<sup>-1</sup>) was 46~47 % smaller than the other groups, the palmitic acid (C16:0) content ( $17.21 \pm 0.9$  mg g<sup>-1</sup>) was particularly higher. Our results suggest that the addition of *Tritonibacter* sp. can contribute to increase a lipid productivity by advancing the harvest time of *N. oceanica* cells and it increases the production of EPA content, indicating that *Tritonibacter* sp. can be a promising candidate strain for the microalgae-bacteria co-cultivation strategy.

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



ST-12

## 제주 연안에 출현하는 규조류 미기록종 *Pseudo-nitzschia lundholmiae* 와 신종 후보종 *Pseudo-nitzschia* sp.의 보고

왕욱<sup>p1</sup>, 장지연<sup>1</sup>, 정도윤<sup>1</sup>, 강수민<sup>2</sup>, 김진호<sup>c2</sup>

<sup>1</sup>제주대학교 지구해양융합학부 지구해양과학전공

<sup>2</sup>제주대학교 지구해양과학과

해양 규조류 *Pseudo-nitzschia* 속은 신경 독소인 Domoic Acid (DA)를 생성하는 유해 적조 (Harmful Algal Blooms; HABs) 원인 생물로 전 세계 해역에 분포한다. 본 연구에서는 제주 연안에서 발견된 국내 미기록종, *P. lundholmiae*와 신종 후보종, *Pseudo-nitzschia* sp. 의 형태적/분자계통학적 분석 결과를 보고한다. *Pseudo-nitzschia* 배양주 확보를 위해 2022년 3월부터 2023년 11월까지 제주도 연안의 12개 정점에서 채집을 진행하였다. 연구기간 동안 총 8종 64개의 *Pseudo-nitzschia* 배양주를 확보하였으며, 광학현미경과 주사전자현미경(SEM; Scanning Electron Microscope)사진을 촬영 및 ITS2 rDNA 염기서열 정보를 이용한 ML 계통분석을 진행하였다. 확보한 *Pseudo-nitzschia* 종들의 DA 독소 생성 여부를 알아보기 위해 배양 중 각 성장곡선 단계에서 샘플을 채취하여, 세포 내부 및 배양액의 DA 농도를 분석하였다. 분석 결과, *P. lundholmiae*로 밝혀진 종은 국내 미기록 종이었으며 과거 발표된 연구의 배양주들과 형태적/분자계통학적 특징이 일치하였다. *Pseudo-nitzschia* sp. 종은 기존에 알려진 어느 *Pseudo-nitzschia*종과도 ITS2 rDNA 염기서열 정보가 일치하지 않았으며, 계통수 분석 결과 다른 종들과 분기군을 형성하지 않았다. 독성 분석 결과, 두 종 모두 지수성장기 이후 독소를 생성하는 것으로 나타났으며, *P. lundholmiae* 종은 지수성장 초기에 세포 당 1.89 fg, *Pseudo-nitzschia* sp. 종은 지수성장 후기에 세포 당 3.84 fg의 DA를 생산하였다. 본 연구를 통해 현재까지 미보고된 *Pseudo-nitzschia* 종들의 분류학적 정보를 제공하며, 독소 생산 결과를 통해 *Pseudo-nitzschia* 종들의 적조 경보 및 관리를 위한 과학적 근거를 제공하고자 한다.

교신저자 E-mail: kimj@jejunu.ac.kr

ST-13

## Prediction of potential distribution of *Hyphantria cunea* in Korea under climate change

Ji-won Jeong<sup>p1</sup>, Taechul Park<sup>1</sup>, SoEun Eom<sup>1</sup>, and Jung-Joon Park<sup>c1,2</sup>

<sup>1</sup>Department of Plant Medicine, Gyeongsang National University, Jinju, Republic of Korea

<sup>2</sup>Institute of Agriculture and Life Science, Gyeongsang National University, Jinju, Republic of Korea

The increase in international travel and trade due to globalization, along with the acceleration of climate change, has led to more frequent occurrences of damage caused by invasive alien species. Therefore, predicting the potential distribution of invasive pests before their occurrence is crucial for future pest control decisions and is essential for the effective management and conservation of biodiversity. This study utilized MaxEnt to predict the potential suitable habitats for fall webworm(*Hyphantria cunea*) in Korea under the current climate and the climate change scenarios of SSP1-2.6, SSP3-7.0, and SSP5-8.5. The results of the study indicated that land cover was the most influential environmental variable for *H. cunea*. Under the current climate, the potential suitable habitats for *H. cunea* were predicted to be widely distributed across Korea, including central and southern regions, as well as coastal and inland areas. The future potential distribution of *H. cunea* showed a decreasing trend in high-risk areas as climate change progresses. Our findings provide a theoretical basis for developing management and control strategies for this pest in South Korea.

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

ST-14

## Adaptation of *Allonychiurus kimi* to new microbial sources: Food switching from fungi to soil cyanobacteria

Jeongwon Choi<sup>1</sup>, Jimin Shin<sup>1</sup>, Dohyeon Jeong<sup>1</sup>, Seong hyeok Kim<sup>1</sup>, Nakyeong Lee<sup>2</sup>,  
and Yun-Sik Lee<sup>c1,3</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology Education, Pusan National University, Pusan 46241, Korea

<sup>2</sup>Division of Environmental Materials, Honam National Institute of Biological Resources(HNIBR),  
Mokpo 58762, Republic of Korea

<sup>3</sup>Institute of Future Earth, Pusan National University, Pusan, 46241, Korea

In ecosystems, environmental changes are increasingly alter the food conditions in a habitat. In response, certain species undergo food switching to maintain population densities, a process that is influenced by their food preference. *Allonychiurus kimi* has been reared under laboratory conditions and has been fed exclusively on the fungus *Saccharomyces cerevisiae* for more than 20 years. This study investigates the potential for food switching and it's time from fungus to cyanobacteria in *A. kimi*. Positive and negative controls were fed *S. cerevisiae* and nothing, respectively; treated groups were fed with three types of soil cyanobacteria (*Nostoc neudorfense*, *Pseudoaliinostoc sp*, *Nostoc sp.*) were fed. The time of the food switch was calculated as the time from the introduction of the new food until the first egg was laid by the collembola. We also analyzed significant differences in egg production between the control and treatment groups to determine whether the three cyanobacteria were likely to use *A. kimi* as a food source. In all cases of the three cyanobacteria, *A. kimi* required at least one week to produce eggs after the change in diet. These results suggest that *A. kimi*, which has been experimentally fed only fungi for about 20 years, can convert soil cyanobacteria to a food source and that the conversion takes about one week. This result indicates that a certain amount of time is required for successful food switching; therefore, understanding the food switching time of soil microbial predators such as Collembola could be an important factor in maintaining Collembola populations in environments with decreasing microbial diversity

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

ST-15

## A machine learning approach for integrating data from specimen collection and environmental DNA metabarcoding to monitor biodiversity

Min-Ho Mun<sup>p</sup>, Hyung-Eun An, Jin-Ju Yang, Jong-Won Baek, Seung-Min Han,  
and Chang-Bae Kim<sup>c</sup>

Biotechnology Major, Sangmyung University, Seoul 03016, Korea

Climate change is one of the biggest threats to global biodiversity, therefore biodiversity monitoring is essential to conserve it in response. One of the monitoring methods is based on specimen collection, which can be used to identify species and assess the condition of organisms in the survey site. Another monitoring method, environmental DNA (eDNA) metabarcoding, detects DNA released from organisms into the environment, providing data on species presence, relative abundance and diversity indices. The accumulation of specimen collection-based monitoring data, that obtained over long periods of time and the recent introduction of eDNA metabarcoding data, biodiversity data is being gathered. However, these two data have disparate spatial and temporal resolutions and scales, rendering a consistent analysis of biodiversity challenging. The necessity for accurate integrated analytical method for biomonitoring is thus evident. One effective approach for integrated analyses is machine learning (ML), which can be utilized to integrate data from disparate methods. In this study, we built ML models with XGBoost and random forest algorithms to estimate biodiversity using eDNA metabarcoding data and traditional sampling data. Then, the models were evaluated based on accuracy and Matthews correlation coefficient (MCC) scores to select the best-performing model. This study represents a preliminary investigation into a novel approach to integrated biodiversity analysis, employing specimen collection-based monitoring data and eDNA metabarcoding data. The findings of this study have the potential to offer new insights into the advancement of consistent biodiversity conservation and assessment practices.

\*\* 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 (NIBRE202411).

**Corresponding author E-mail:** evodevo@smu.ac.kr

ST-16

## Integrative multivariate analysis of water quality parameters and fish trait indicators for ecological river health assessment

Namsrai Jargal<sup>P</sup> and Kwang-Guk An<sup>C</sup>

Department of Bioscience and Biotechnology, Chungnam National University,  
Daejeon 34134, Korea

This study investigated spatial and seasonal fluctuations in water quality parameters and their potential impacts on fish community dynamics in the Nakdong River. We found that increased algal biomass and organic matter levels were negatively associated with functional diversity, endemic species richness, and native species abundance. RLQ and fourth-corner analyses revealed significant patterns in trait-based community structure related to chemical parameters. High electrical conductivity and ammonium nitrogen levels, primarily from point pollution sources, altered fish community composition, favoring invasive alien species (IAS) over native species. Habitat generalists for spawning showed positive correlations with ionic content and inorganic nitrogen, primarily driven by the abundance of large-mouth bass. In contrast, the riffle-associated habitat guild and native species were negatively correlated with organic matter indicators. Regression analysis confirmed these significant findings. Overall, our study shows the multifaceted links between fish communities and water quality indicators through functional diversity and trait-based models based on ecological guilds and the status of regional species. The results underscore the potential impacts of changes in stream water chemistry and trophic status on fish assemblage structures and ecological river health.

**Corresponding author E-mail:** [kgan@cnu.ac.kr](mailto:kgan@cnu.ac.kr)

ST-17

## 어류 유영능력에 기반한 하천 종적 연결성 분석 및 보 개선 방안

조민재<sup>p</sup>, 김지윤, 최혜지, 안광국<sup>c</sup>

충남대학교 생명과학과

본 연구에서는 보의 물리적인 특성과 수리학적 특성에 기반하여 낙동강 지류의 총 6개 하천, 122개의 보를 대상으로 종적연결성 평가를 실시하였다. 각각의 보를 대상으로 봄과 가을에 한 번씩 하류에서의 어류조사, 구조물 단위 평가 및 하천 단위 평가를 진행하였다. 어류 기반 생태건강도(FAI) 평가 결과 평균 67.7점으로 좋음으로 나타났으며, 법정보호종의 경우 얼룩새코미꾸리(*Koreocobitis naktongensis*) 1종이 출현하였으며, 회유성 어종은 은어(*Plecoglossus altivelis*) 1종이 출현하였다. 수리학적 지표인 유속(U), 하단수심(Hd), 상단수심(Hu) 및 낙차(DH)를 측정하였으며, 수리학적 특성에 기반한 어류 이동성 평가를 수행하였다. 구조물 단위 연속성 평가 결과, 16개 보에서 연속, 10개 보에서 훼손, 96개의 보에서 단절로 나타났으며, 하천 단위 연속성 평가 결과 연속 1개, 훼손 2개, 단절 3개 보로 나타났다. 이러한 보의 종적 연결성 개선을 구조물 안정성 지표, 생물적 요소 등 7개 메트릭을 이용하여 보를 평가한 결과, 4개 보에서 건전성 확보를 위한 개선 최우선 순위로 나타났다.

교신저자 E-mail: kgan@cnu.ac.kr



2024 한국환경생물학회 정기학술대회

**포스터 발표**







## 포스터발표

### 1. 유해생물 (Harmful organisms)

- P1-01 Effect of bacterial co-cultivation on the growth of *Akashiwo sanguinea* (K. Hirasaka) Hansen & Moestrup (Dinophyceae)  
Ji Yeon Kim, Zhun Li, Kyong Ha Han, Minjae Kim, Minseok Jeong, and Hyeon Ho Shin (Korea Institute of Ocean Science and Technology)
- P1-02 바닷물을 이용한 항만내 잡초 살초 및 개미서식지 제거  
오민혁, 모형호, 이호기, 박형곤, 유동훈, 박상구, 이동엽, 이춘환 (농림축산검역본부)
- P1-03 해양 유해 와편모조류 *Alexandrium catenella*의 삭시톡신 합성과 독소 유전자 프로모터의 역할 규명  
김한솔, 김태희, 홍진주, 부이티뉴구인, 기장서 (상명대학교)
- P1-04 Adaptive responses of the harmful cyanobacterium *Microcystis aeruginosa* to nutrient variations and their effects on growth and toxin production  
Hyun-Sun Baek and Zhun Li (Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology)

### 2. 바이오에너지 (Bioenergy)

- P2-01 미세조류(*Chlamydomonas* sp.) 단일 세포 내 N : P 비율 기반 돈폐수 처리 최적화 공정 및 바이오디젤 원료 생합성 평가 연구  
좌은빈, 이상아 (제주대학교)

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

- P3-01 바다거북 등갑의 이끼벌레  
유철, 노건우, 김일훈 (국립해양생물자원관)
- P3-02 Description of six *Polypedilum* (Chironominae) species larvae from Korea with morphological analysis  
Hyunsu Yoo, Jae-won Park, and Ihn-sil Kwak (Chonnam National University)
- P3-03 Development and application of novel microsatellite markers for the shining leaf chafer *Anomala corpulenta* (Coleoptera: Scarabaeidae) in South Korea  
Wooseong Kim, Changseob Lim, Jeong Mi Hwang, Sun-Jae Park, Min Jeong Baek, Yeon Jae Bae, and Ji Hyoun Kang (Korea University)
- P3-04 Genetic diversity of the genus *Hydrillodes* (Lepidoptera, Erebidae) in Korea  
Bora Shin, Da Hee Jin, and Sei Woong Choi (Mokpo National University)

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

- P4-01 **서해 격렬비열도의 해조상**  
정승욱, 이창호, 조인영 (국립해양생물자원관)
- P4-02 **Analysis of leaf color changes in succulent plants using a colorimeter**  
Yooran Lee and Haejin Bae (National Institute of Ecology)

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

- P5-01 **Environmental adaptation strategy of an ammonia-oxidizing archaeon isolated from oil-contaminated soil**  
Seongwook Kim and Man-Young Jung (Jeju National University)
- P5-02 ***B. Subtilis* inoculation on Korean pepper enhances resistance to *X. Euvesicatoria* by upregulating PR cascades**  
Woohyun Tak and Myeongjin Nam (Hankuk Academy of Foreign Studies)
- P5-03 **토양 양분유출 억제제가 토양세균의 탄소원 이용에 미치는 영향**  
어진우, 전상민, 최순군, 이종문, 정구복, 이병모 (국립농업과학원)
- P5-04 ***Vampirovibrio chlorellavorus* 분리 및 배양 방법 연구**  
최원석, 고소라, 안치용 (한국생명공학연구원)
- P5-05 **Taxonomic reassessment of *Zhongshania* and *Marortus* strain: Phylogenetic and genomic insights with the proposal of *Zhongshania aquatica* sp. nov., and the reclassification of *Marortus luteolus* as *Zhongshania luteolus* comb. nov.**  
Jae-Young Lee and Mi-Kyung Lee (Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology)
- P5-06 **Polyurethane biodegradation by *Aspergillus* and *Trichoderma* through hydrolytic and oxidative processes**  
Yong Guan and Mi-Kyung Lee (Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology)
- P5-07 **Distinct bacterial communities associated with *Microcystis* and *Dolichospermum* blooms: Insights from sequential and spatial analysis**  
Ve Van Le, So-Ra Ko, Jay Jung Lee, In-Chan Choi, Chi-Yong Ahn, and Sang-Ah Lee (Jeju National University)
- P5-08 **Genomic analysis of haloarchaea that can grow under low-salinity conditions**  
Hye Seon Song, Nakyeong Lee, Sangdon Ryu, Kira Moon, Jina Lee, Sung Moon Lee, Seunghui Song, Yun Ji Kim, Se Won Chun, and Aslan Hwanhwi Lee (Honam National Institute of Biological Resources)
- P5-09 **Taxonomic investigation and molecular phylogeny of two new *Gogorevia* species from freshwater habitats in South Korea**  
Weihan Wang, Yuyao Li, Byeong-Hun Han, Jianghan Song, Su-Ok Hwang, and Baik-Ho Kim (Hanyang University)
- P5-10 **Discovery and phylogenetic analysis of five new benthic diatom species from freshwater systems across South Korea**  
Weihan Wang, Yuyao Li, Liyao Jiang, Byeong-Hun Han, Jianghan Song, Su-Ok Hwang, and Baik-Ho Kim (Hanyang University)

- P5-11 **Morphological and molecular phylogenetic characterization of three new *Pinnularia* species from South Korea**  
Yuyao Li, Weihan Wang, Byeong-Hun Han, Jianghan Song, and Baik-Ho Kim (Hanyang University)

## 6. 생물다양성 및 생물모니터링 (Biodiversity and Biomonitoring)

- P6-01 **조하대 산호류의 분포변화 및 위협요인 연구**  
조인영, 김일훈, 정승욱, 이창호, 김혜선, 이승현, 김치현, 황성진 (국립해양생물자원관)
- P6-02 **서천과 서산 조간대 갯벌에서의 해양생물 탄소 저장량 연구**  
이창호, 조나은, 김지민, 양동우, 김혜선 (국립해양생물자원관)
- P6-03 **해양 플라스틱 쓰레기에 부착하는 저서성 외편모조류의 부착 특성**  
백승호, 이충현, 임영균 (한국해양과학기술원)
- P6-04 **Distribution of Chironomidae (Diptera) larvae from drinking water treatment plants in Han River and Jeju of South Korea using DNA barcoding and morphogenetic analysis**  
Kiyun Park, Jae-Won Park, and Ihn-Sil Kwak (Chonnam National University)
- P6-05 **2024년 제주 연안에서 분리한 중온성 박테리아의 효소 활성 탐색**  
김하은, 강수민, 최윤형, 정도윤, 이진아, 김진호 (제주대학교)
- P6-06 **온도조건 별 배나무 화상병 감염 앞의 발병양상**  
황예빈, 엄태선, 유성영, 최종윤, 김태완 (한경국립대학교)
- P6-07 **기후변화(기온)에 의한 알프스 Piz Corvatsch 지역 식생의 분광 반사율 지수 변화 분석**  
이성주, 유성영, 엄태선, 윤택진, 서지영, 김태완 (한경국립대학교)
- P6-08 **A potential method of controlling harmful algal bloom: Interaction between *Microcystis*, microbiome, and aquatic plants**  
Hayoung Lee, Seonah Jeong, Min-Seong Kim, So-Ra Ko, and Chi-Yong Ahn (Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology)
- P6-09 **Seaweed-associated diatoms voucher flora in Dokdo of South Korea: 1. Subphyla Melosirophytina, Coscinodiscophytina and Class Mediophyceae**  
Joon Sang Park, Kyun-Woo Lee, Seung Won Jung, Han Jun Kim, Hyun Ju Ha, and Jin Hwan Lee (Korea Institute of Ocean Science and Technology)
- P6-10 **한국 담수환경에서 확보한 균류 및 세균의 기능성 정보 탐색**  
이창수, 문혜연, 황혜진, 박상규, 천원수, 오유선, 한길, 이상희, 김정태, 허윤정, 석여울 (국립낙동강생물자원관)
- P6-11 **국내 정수장의 취수원 및 인근 수계에 서식하는 깔따구류 유충의 분포 (2023년)**  
박재원, 유현수, 곽인실 (전남대학교)
- P6-12 **eDNA metabarcoding을 통한 저서성 대형무척추동물의 공간 분포와 증금속 상관성 분석**  
김용준, 김원석, 곽인실 (전남대학교)
- P6-13 **Distribution of bacteria using NGS in wastewater from major sewage treatment plants in Gyeongsangbuk-do**  
YH Sohn, SK Cha, YJ Park, and HJ Jung (Gyeongsangbuk-do Institute of Health and Environment)
- P6-14 **Temporal dynamics of antarctic intertidal macroalgal assemblages: a novel approach using contour plots**  
Young Wook Ko, Sanghee Kim, and Han-Gu Choi (Korea Polar Research Institute)

- P6-15 **Adsorption isotherm, kinetic modeling of surface-modified adsorbent based on info-chemicals derived from cyanobacteria-predator interaction**  
Sehoon Oh and Yoon-E Choi (Korea University)
- P6-16 **용암천의 수질, 어류 다변수 모델 기반의 수생태 건전성 분석 및 하천 종적연결성 평가**  
최혜지, 김지윤, 조민재, 안광국 (충남대학교)
- P6-17 **Phytoplankton dynamic in the Han River, Korea: Differences in the upper, middle, and lower reaches**  
Taehee Kim, Han-Sol Kim, Thi Nhu Quynh Bui, Buhari Lawan Muhammad, and Jang-Seu Ki (Sangmyung University)
- P6-18 **Population genetics and ecological niche modeling of massively emerging burrowing mayfly species, *Ephemera orientalis* (Ephemeroptera: Ephemeridae), in South Korea**  
Changseob Lim, Ji Hyoun Kang, Jeong Mi Hwang, and Yeon Jae Bae (Korea University)
- P6-19 **수변 공간내 농업과 비농업 지역에 서식하는 나비 군집 다양성 비교**  
조서윤, 최세웅 (목포대학교)
- P6-20 **Assessment of distribution change under climate change using sensitive index based on slope**  
Ji Yeon Yun, Yong Ho Lee, Jeon Woo Chan, Koo In Gyeong, Pradeep Adhikari, Anil Poudel, Prabhat Adhikari, and Sun Hee Hong (Hankyung National University)
- P6-21 **Fish ordination analyses for assessing ecological stream health in relation to chemical water quality and land use patterns**  
Namsrai Jargal and Kwang-Guk An (Chungnam National University)
- P6-22 **조림지(Plantation)와 자연림(Natural forest)에 서식하는 나방의 과(Family)별 다양성 비교 연구**  
박창규, 최세웅 (목포대학교)
- P6-23 **인공 보 기반의 종적연결성 및 생태건강도 평가**  
조민재, 김지윤, 최혜지, 안광국 (충남대학교)
- P6-24 **Quantifying diatom community dynamics to unveil the pollution-disturbance nexus in Korean streams**  
Byeong-Hun Han, In-Hwan Cho, Hyo-Gyeom Kim, and Baik-Ho Kim (Hanyang University)
- P6-25 **Comparative study on astaxanthin synthesis between two variants of *Haematococcus lacustris***  
Gueeda Kim and EonSeon Jin (Hanyang University)
- P6-26 **The impact of environmental factors on stream food web recovery in the short and long term**  
Minyoung Lee, Dougu Nam, and Kijong Cho (Ulsan National Institutes of Science and Technology)
- P6-27 **Bacterial communities in three true bug species across different habitat types**  
Jae Yeon Kang and Soyeon Park (National Institute of Ecology)

## 7. 생태독성 및 환경호르몬 (Ecotoxicity and environmental hormones)

- P7-01 **김어리톡토기 이용 독성평가 내 인공지능기반 통합 계수법 개발**  
전이현, 김민경, 최대진, 조아정, 김정우, 배현빈, 이윤식 (부산대학교)
- P7-02 **Influence of arsenic and imidacloprid on *Allonychiurus kimi* (Collembola) microbiota through interactions with soil microbiota**  
Taewoo Kim, June Wee, Yun-Sik Lee, Jinsol Hong, and Kijong Cho (Korea University)

## 8. 재난분석과학 (Disaster Analysis Science)

- P8-01 **Preclinical and clinical trial evaluation support the anti-obesity effects of nectandrin B-enriched nutmeg seed extract**  
Hea-Jong Chung, Bongjin Jeong, Kun Cho, Je-Ho Lee, and Jong-Soon Choi (Korea Basic Science Institute)
- P8-02 **Prussian blue nanoparticle-based colorimetric sensor for early detection of solid tumor biomarkers**  
GyuRi Kim, Bongjin Jeong, MinA Shin, and Jong-Soon Choi (Korea Basic Science Institute )

## 9. 기타 (Others in Environmental Biology)

- P9-01 **Biomimicry research on boring mechanism in *Barnea manilensis***  
Ji Yeong Kim and Baek-Jun Kim (National Institute of Ecology)
- P9-02 **The filter development of environmental pollution reduction inspired on gill property**  
Won Jun Lee (National Institute of Ecology)
- P9-03 **엽록소 형광반응(OJIP)과 다분광 드론 이미지를 활용한 시화 간척지 내 케나프(*Hibiscus cannabinus* L.) 재배 적응성 연구**  
윤택진, 황예빈, 서지영, 유성영, 김태완 (한경국립대학교)
- P9-04 **Development of a growth accelerating bioprocess strategy in *Melosira nummuloides* to promote the production of intracellular functional materials (silicon and fucoxanthin)**  
Nam-Ho Lee, Gyung-Min Go, and Sang-Ah Lee (Jeju National University)
- P9-05 **Dynamic bacterial community shifts in response to *Haematococcus lacustris* growth during the red mature cyst stage**  
Mehwish Taj, Ve Van Le, Ji Eun Jeong, Man-Young Jung, and Sang-Ah Lee (Jeju National University)
- P9-06 **Screening of PHA(polyhydroxyalkanoates)-producing freshwater microalgae and development of cultivation techniques**  
Suk Min Yun, Seung Hwan Lee, Young Hoon Cho, Seong-Joo Hong, Huisoo Jang, Hyun-Jin Jang, Seonghyeon Gim, Daeryul Kwon, Su-Bin Park, and Chang Soo Lee (Nakdonggang National Institute of Biological Resources)
- P9-07 **Seasonal dynamics of blue-green algal taxa in relation to nutrients, nutrient (TN: TP) ratio, and light availability in an intake tower**  
Thet Thet Khaing and Kwang-Guk-An (Chungnam national University)
- P9-08 **Heterotrophic production of poly-3-hydroxybutyrate using newly screened cyanobacteria**  
Young Hoon Cho, Suk Min Yun, Chang Soo Lee, Su-Bin Park, and Seung Hwan Lee (Chonnam National University)
- P9-09 **QGIS를 이용한 영산강 제8하중도의 물리적 변화 분석**  
박범석 (㈜한국미세플라스틱연구원)
- P9-10 **Phase shift in the sustainability of rice cropping systems in South Korea: An emergy analysis from 2003 to 2021**  
Yongun Kim and Kijong Cho (Korea University)



P1-01

## Effect of bacterial co-cultivation on the growth of *Akashiwo sanguinea* (K. Hirasaka) Hansen & Moestrup (Dinophyceae)

Ji Yeon Kim<sup>p1,2</sup>, Zhun Li<sup>3</sup>, Kyong Ha Han<sup>2,4</sup>, Minjae Kim<sup>2</sup>, Minseok Jeong<sup>5</sup>, and Hyeon Ho Shin<sup>c5</sup>

<sup>1</sup>Department of Ocean Science, University of Science and Technology

<sup>2</sup>Library of Marine Samples, Korea Institute of Ocean Science & Technology, Geoje 53201, Korea

<sup>3</sup>Biological Resource Center/Korean Collection for Type Culture (KCTC), Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology, Jeongeup, 56212, Korea

<sup>4</sup>Department of Environmental Science, Hanyang University, Seoul 04763, Korea

<sup>5</sup>Division of Fisheries Life Science, Pukyong National University, Busan 48574, Korea

The bacterial microbiome is thought to have a significant impact on the growth of microalgae, but the key players and their interactions are not yet clearly understood. In this study, we focused to investigate bacterial community found in cultures of *Akashiwo sanguinea* which is a blooming species in seawaters of Tongyeong (LMBE-V2503) and Geoje Island (LIMS-PS-2587). The bacterial community was analyzed from cultures of *A. sanguinea* that maximum cell density was observed, using a next generation sequencing. Four bacterial strains were successfully isolated from culture medium of *A. sanguinea*; two *Alteromonas* sp. *Marinobacter* sp., and *Halomonas* sp. The effects of those bacteria was investigated by a co-cultivation with *A. sanguinea* isolated from Busan (LIMS-PS-1550) which is expected to have different bacterial communities due to antibiotic treatments. In particular, *Alteromonas abrolhosensis* isolated from the LMBE-V2503 culture seemed to promote the growth of *A. sanguinea* under nutrient-depleted conditions. These results indicate that specific bacterial species can stimulate the growth of *A. sanguinea*, and further studies are needed to elucidate their interactions.

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

P1-02

## 바닷물을 이용한 항만내 잡초 살초 및 개미서식지 제거

오민혁<sup>pc1</sup>, 모형호<sup>2</sup>, 이호기<sup>3</sup>, 박형곤<sup>4</sup>, 유동훈<sup>5</sup>, 박상구<sup>6</sup>, 이동엽<sup>1</sup>, 이춘환<sup>4</sup>

<sup>1</sup>농림축산검역본부 영남지역본부 식물병해충예찰방제센터

<sup>2</sup>농림축산검역본부 식물검역부 식물검역기술개발센터

<sup>3</sup>국제식물검역인증원 공항·항만 외래병해충 분포조사사업단

<sup>4</sup>부산대학교 분자생물학과

<sup>5</sup>동아대학교 응용생물공학과

<sup>6</sup>식품의약품안전처 서울지방식품의약품안전청 식품안전관리과

국제적 물류가 활발히 이루어지고 있는 항만지역에서 붉은불개미(*Solenopsis invicta*)와 같은 외래해충의 발견이 급증하였다. 항만은 잡초, 음식물 쓰레기, 갈라진 콘크리트 틈새 등 먹이원과 잠재서식지가 있어 이들 해충에게 이상적인 환경을 제공할 뿐만 아니라, 땅속에 서식하는 개미류의 특성상 약제방제가 어렵다. 따라서, 이러한 문제를 해결하기 위하여 본 연구에서는 개미서식지로 제공되는 잡초의 살초 및 지하 개미굴 등 서식지의 기피환경조성에 미치는 바닷물 살포효과를 조사하였다. 부산항 주변의 4개 추정 개미서식지(도로변 인도, 주차장, 잔디밭, 컨테이너야적장)를 대상으로 수행하였고, 조사장소에는 주름개미(*Tetramorium tsushimae*)와 여러 종의 잡초가 발견되었다. 해당지역에서 발견된 잡초는 해수살포후 황화되어 고사하였다. 또한, ① 도로변 인도와 ② 주차장의 경우, 해수살포후 5일차와 19일차에 살포구역에 개미가 발견되지 않아 바닷물을 이용하여 개미서식지를 효과적으로 제거할 수 있음을 보여주었다. 아울러, 개미서식환경 제거효과가 얼마나 지속되는지를 평가하기 위해 ③ 잔디밭을 대상으로 조사를 실시한 결과, 해수살포 후 최소 2.5개월 이상 개미가 제거된 상태로 나타나 해수의 효과가 장기적임을 보여주었다. 다음으로 ④ 항만내 컨테이너야적장에 해수를 살포한 결과, 앞서 조사결과와 같이, 해수 살포후 12일차에 개미가 발견되지 않았다. 또한 컨테이너야적장의 주요 잡초종은 주변에서 흔히 발견되는 잡초 종과 유사했으며, 대부분 잡초가 해수살포 후 8일차에 황변, 고사, 마름 등 다양한 증상을 보였다. 특히 양명아주(*Chenopodium ambrosioides* L.)의 경우, 해수살포 후 약 20일차에 줄기와 기부에서 새순이 재생 또는 싹트는 현상이 관찰되었다. 그러나 2차 추가 해수살포후 42일째에는 재생된 양명아주 모두 고사하였고, 일부구역에는 새로운 개체가 발아하여 자랐다. 이러한 결과들을 종합하면, 해수 살포는 항만에 분포하고 있는 개미서식환경을 제거하는데에 효과적인 방법으로, 이는 외래개미의 서식 기피환경을 조성하여 정착을 방지하는 쉽고 효과적인 방법임을 알 수 있다. 아울러, 해수살포에 의한 잡초의 제거가 실제로 개미서식지를 효과적으로 제거될 수 있음을 시사하며, 해수살포이후 회복 잡초는 추가 해수살포로 살초가 가능하였다.

교신저자 E-mail: minhoh@daum.net



P1-03

## 해양 유해 와편모조류 *Alexandrium catenella*의 삭시톡신 합성과 독소 유전자 프로모터의 역할 규명

김한솔<sup>1</sup>, 김태희<sup>2</sup>, 홍진주<sup>2</sup>, 부이티뉴꾸인<sup>2</sup>, 기장서<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>상명대학교 자연과학연구소

<sup>2</sup>상명대학교 생명공학과

해양 와편모조류 *Alexandrium catenella*는 마비성 패류독소인 삭시톡신(saxitoxin)을 생산할 수 있으며, 국내 수산양식의 피해를 야기한다. 독성 *Alexandrium*은 삭시톡신 생합성 유전자(*sxt*)를 갖는데, 그 중 *sxtA*와 *sxtG*가 독소 합성에 가장 필수적인 것으로 알려져 있다. 유전자의 발현 및 전사 조절에 있어서 프로모터 영역과 3'-비번역 영역(Untranslated region, UTR)이 중요한 역할을 하지만, 두 유전자의 해당 영역은 잘 연구되지 않았다. 따라서, 본 연구는 *A. catenella* (Alex03)의 *sxtA*와 *sxtG*의 프로모터 영역과 3'-UTR의 gDNA 서열을 규명하고 그 특징을 조사하였다. 공통적으로, 프로모터 영역에서 cis-regulatory elements (CREs), CpG islands, 그리고 TTTT-모티프 (TATA-box와 유사)를 발견하였다. 특히, 빛-반응 관련 CREs(G-box, SORLIP1AT/2AT, Sp1)가 많았고, 이는 *sxtA* 및 *sxtG* 유전자 발현이 광합성 효율과 유사한 패턴을 보인 결과를 설명할 수 있다. 추가적으로, MiSeq 시퀀싱을 수행하여 *sxtA*가 불연속적인 단일 엑손 구조(> 5k bp)로 인코딩된 것을 확인하였다. 또한, *sxtG* mRNA에서 두 가지 유형의 3'-UTR이 확인되었고, 그 길이와 서열의 특징은 *Alexandrium* 종과 배양주에 따라 높은 다양성을 보였다. 이는 *sxt*가 전사 후에도 조절될 수 있음을 시사한다.

교신저자 E-mail: kijs@smu.ac.kr

P1-04

## Adaptive responses of the harmful cyanobacterium *Microcystis aeruginosa* to nutrient variations and their effects on growth and toxin production

Hyun-Sun Baek<sup>p</sup> and Zhun Li<sup>c</sup>

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

The harmful cyanobacterium *Microcystis* blooms represent significant threats to agriculture, industry, and water supply systems, with detrimental impacts on aquatic ecosystems and human health. This study examined the growth of four *Microcystis aeruginosa* strains (BC4, M29, M30, M31) isolated from the Nakdong and Yeongsan Rivers in South Korea, focusing specifically on the effects of nitrogen (N) and phosphorus (P) ratios. Controlled laboratory experiments were performed at 25°C with a light intensity of 86.17  $\mu\text{E}/\text{m}^2/\text{s}$  in a 1-liter bubble column. The BG-11 medium (770 mL) maintained a constant nitrogen concentration of 2 mg/L, while phosphorus concentrations were adjusted to 0.01, 0.06, 0.14, and 0.24 mg/L. Cell growth was measured using a hemocytometer, and nutrient concentrations inside and outside the cells were analyzed using an automatic water quality analyzer for total nitrogen (TN) and total phosphorus (TP). Microcystin presence was confirmed through MALDI-TOF analysis, and toxin levels were quantified using an Algal Toxin ELISA Plate Kit. The results showed a gradual decrease in both internal and external phosphorus concentrations over time, coupled with an increase in cell density. The M29, M30, and M31 strains, isolated from the Nakdong River, exhibited stable growth at a phosphorus concentration of 0.14 mg/L, while BC4 demonstrated growth at all phosphorus levels. Variations in growth rates at different phosphorus concentrations revealed physiological differences among the strains. Strains from the Nakdong River showed minimal microcystin production, whereas BC4 exhibited high toxin levels in the initial growth stages, which decreased as cell density increased. These findings indicate that *Microcystis* responds differently to nutrient ratio variations, highlighting a complex relationship between cell growth and toxin production. Furthermore, as cell proliferation progresses, energy may be directed more toward growth rather than toxin production, leading to a reduction in microcystin levels as cell density increases.

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

P2-01

## 미세조류(*Chlamydomonas* sp.) 단일 세포 내 N : P 비율 기반 돈폐수 처리 최적화 공정 및 바이오디젤 원료 생합성 평가 연구

좌은빈<sup>1</sup>, 이상아<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>제주대학교 생명자원과학대학 생명공학부 바이오소재전공

<sup>2</sup>제주대학교 차세대융복합대학원

인구 수의 증가와 육식 위주의 식단으로 인해 육류 소비가 급격히 증가하고 있으며, 2023년 국내 육류 소비량이 쌀 소비량을 추월했다는 통계 결과 보고가 이를 입증하고 있다. 그 중 본 연구에서 다루고자 하는 돈폐수와 직접 연관이 있는 돈육 생산량은 경제협력개발기구(OECD, Organisation for Economic Co-operation and Development) 기준으로, 2030년 세계 돼지고기 생산량이 기준연도(2018-20) 대비 13% 증가한 1억 2,700만 톤이 될 것으로 전망된다. 이는 자연스럽게 돼지 사육 두수 및 돈분 배출량의 증가로 이어진다. 그러나, 대부분의 돈폐수 처리시설이 열악하며, 완벽하게 처리되지 않은 돈폐수의 환경 유출은 자연정화 능 이상의 점 또는 비점오염원으로 작용할 수 있고, 악취와 부영양화 등 지속적 환경 문제를 야기하고 있다. 따라서 본 연구에서는 광합성 미생물인 미세조류(*Chlamydomonas* sp.)를 활용한 효율적인 돈폐수 처리 생물공정 개발 및 고품질 (better quality) 바이오디젤 원료의 생합성을 연구 목표로 설정하였다. 연구 목적의 효과적 달성을 위해 *Chlamydomonas*의 단위 세포당 N : P 비율과 돈폐수 내 N : P 비율을 *Chlamydomonas*의 최저 유해 효과 수준 (LOAEL, Lowest Observed Adverse Effect Level)을 기준으로 조정하여 최적 생물공정을 개발하였다. 그 결과, 배양 초반 제한 성장을 보인 대조군 (BG11-ammonia nitrogen)과 다르게 동일 암모니아 농도의 돈폐수에서는 초반 제한 성장이 관찰되지 않았으며, 폐수 내 영양염의 제거 효율이 월등히 높음을 확인하였다. 또한, 암모니아 스트레스 조건에서 *Chlamydomonas*의 지질 축적 능력과 지방산 조성을 분석하여 바이오디젤의 원료 적합성을 평가하였다. 따라서 미세조류 세포와 돈폐수의 N : P 비율을 조정한 돈폐수 처리 최적 공정 개발과 이에 따른 바이오디젤 원료의 생합성 능력 평가를 통해, 본 연구에서는 환경친화적인 돈폐수 처리 생물공정에 그치지 않고, 더 나아가 공정에 활용된 *Chlamydomonas* 기반 바이오디젤 원료로서의 활용성을 검증하였다.

교신저자 E-mail: leesa@jejunu.ac.kr

P3-01

## 바다거북 등갑의 이끼벌레

유철<sup>p1,2</sup>, 노건우<sup>3</sup>, 김일훈<sup>d1</sup>

<sup>1</sup>국립해양생물자원관 생태보전실

<sup>2</sup>충남대학교 해양환경과학과

<sup>3</sup>우석대학교 생명과학과

바다거북은 열대에서 온대 바다에서 서식하며, 우리나라 바다에서 5종이 발견된다. 바다거북의 등갑을 포함한 체표면에서 해조류, 따개비, 소형 갑각류, 이끼벌레 등 다양한 해양생물이 발견된다. 그중 이끼벌레 12종이 바다거북 체표면에 서식한다고 알려져 있다. 2023년 11월 22일 강원도 삼척 장호항 인근에서 좌초된 붉은바다거북 사체를 발견하였고, 해당 사체의 등갑에서 이끼벌레 군체를 확인하여 이에 대해 보고한다. 흰색의 이끼벌레 군체는 등갑의 왼쪽 말부를 덮고 있었다. 군체 중 일부분을 갑각과 함께 떼어내 실체현미경 및 주사전자현미경을 이용해 종 수준까지 동정하였다. 이 종은 관막이끼벌레(*Jellyella tuberculata* (Bosc, 1802))로 바다거북류 표면에서 발견된 이끼벌레 중 한 종이다. 군체가 성장하며 유합되는 부분에서 개충의 형태 변형이 나타났지만, 그 외는 다른 기재와 같은 일반적인 형태를 보였다. 국내에서는 바다거북에서 발견된 따개비에 관한 보고만 있었으며, 이끼벌레는 처음으로 보고한다. 관막이끼벌레 외에 바다거북에서 발견되는 11종 중에는 국내에도 서식하는 종이 있어 새롭게 발견된 가능성이 있어 보인다.

교신저자 E-mail: ihkim@mabik.re.kr

P3-02

## Description of six *Polypedilum* (Chironominae) species larvae from Korea with morphological analysis

Hyunsu Yoo<sup>P1</sup>, Jae-won Park<sup>2</sup>, and Ihn-sil Kwak<sup>C1,2</sup>

<sup>1</sup>NRF Research Center, Fisheries Science Institute, Chonnam National University, Yeosu, 59626, Republic of Korea

<sup>2</sup>Department of Ocean Integrated Science, Chonnam National University, Yeosu, 550-749, Republic of Korea

*Polypedilum* is one of the largest genera in the tribe Chironomini, with the larvae occurring in all kinds of aquatic environment. Almost 500 species described from worldwide. In Korea 50 species (five subgenus) are recorded (NIBR species list 2024). Previous studies comparing *Polypedilum* larvae summarized the characteristics of specific subgenus and represent species characteristics. At the species level, differences were found in the antennae, mentum, and mandible morphology, and similar species were distinguished through morphological cladistic analysis (Vardal et al 2001). In this study, we performed a morphological analysis of six species of *Polypedilum* larvae in Korea to find characteristics that can distinguish the species. The six species of *Polypedilum* are divided into three subgenera as follows: *Polypedilum* (*Uresipedilum*) *cultellatum*, *Polypedilum* (*Tripodura*) *japonicum*, *Polypedilum* (*Polypedilum*) *nubeculosum*, *Polypedilum* (*Polypedilum*) *pedestre*, *Polypedilum* (*Tripodura*) *scalaenum*, and *Polypedilum* (*Polypedilum*) *asakawaense*. The analysis showed that the differences in appendages were sufficient to distinguish the subgenus level, but the species within the same subgenus did not have any particularly different morphological characteristics. Although there were differences in size, it is difficult to distinguish them based on size information because it is generally difficult to determine whether the collected larvae are in the fourth instar. It is important to find characteristics that can distinguish them at the species level through continuous morphological analysis in the future.

**Corresponding author E-mail:** inkwak@hotmail.com

P3-03

## Development and application of novel microsatellite markers for the shining leaf chafer *Anomala corpulenta* (Coleoptera: Scarabaeidae) in South Korea

Wooseong Kim<sup>1</sup>, Changseob Lim<sup>2</sup>, Jeong Mi Hwang<sup>3</sup>, Sun-Jae Park<sup>4</sup>, Min Jeong Baek<sup>4</sup>,  
Yeon Jae Bae<sup>1,3</sup>, and Ji Hyoun Kang<sup>c3</sup>

<sup>1</sup>Department of Environmental Science and Ecological Engineering, Korea University, Seoul 02841, Korea

<sup>2</sup>Ojeong Resilience Institute, Korea University, Seoul 02841, Korea

<sup>3</sup>Korean Entomological Institute, Korea University, Seoul 02841, Korea

<sup>4</sup>Climate Change and Environmental Biology Research Division, National Institute of Biological Resources, Incheon 22689, Korea

The sporadic mass emergence and rapid spread of pest insect species have been shown to negatively impact local communities across various ecosystems. In South Korea, recent reports highlight the population growth and widespread distribution of the shining leaf chafer *Anomala corpulenta* (Coleoptera: Scarabaeidae) in agricultural and horticultural areas. This study presents the development and characterization of novel functional microsatellite markers for *A. corpulenta* using high-throughput genomic sequencing. A total of 71,488 microsatellite loci, with motif lengths ranging from 2 to 6 base pairs, were identified. These highly polymorphic markers will be instrumental in long-term population monitoring, regional assessments, and understanding the dispersal patterns of this pest species.

\*\* 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 (NIBR202405104).

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

P3-04

## Genetic diversity of the genus *Hydrillodes* (Lepidoptera, Erebidae) in Korea

Bora Shin<sup>p1</sup>, Da Hee Jin<sup>2</sup>, and Sei Woong Choi<sup>c2</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, Mokpo National University, Muan 58554, Korea

<sup>2</sup>Department of Environmental Education, Mokpo National University, Muan 58554, Korea

The genus *Hydrillodes* Guenée, 1854 (type species *H. lentalis* Guenée, 1854) belongs to the family Erebidae and is widely distributed from the subtropics and tropics of the Old World to the Asian and Oceanian continents. Members of this genus, also known as litter moths, feed on dead leaves and inhabit environments with fallen leaves. Currently, over 60 species are known worldwide, with three species recorded in Korea: *Hydrillodes morosa* (Butler, 1879), *H. lentalis*, and *H. pacifica* Owada, 1982. The genus *Hydrillodes* exhibits distinctive morphological characters in the genitalia: the broad and deeply bifid valva with slender, tapering arms, and the aedeagus with several robust cornuti near the base of the vesica in the male genitalia, and the coiling of the ductus seminalis and two prominent signa in the female genitalia. However, the species within the genus are morphologically very similar, posing challenges for identification. This study aimed to confirm their species composition and phylogenetic relationships of the Korean *Hydrillodes* species through genetic diversity analysis of COI gene. We collected 100 individuals of the genus *Hydrillodes* from Korea. Community structure and phylogenetic analyses revealed four groups within the Korean *Hydrillodes*, suggesting another species in Korea and needs a further taxonomic study.

**Corresponding author E-mail:** choisw@mokpo.ac.kr

P4-01

## 서해 격렬비열도의 해조상

정승욱<sup>PC</sup>, 이창호, 조인영

국립해양생물자원관

본 연구는 우리나라 서해안 최외곽 지역인 충청남도 태안군 근흥면 격렬비열도 해역의 해조상 및 해조군집 특성을 파악하고자 실시하였다. 연구는 2021년 8월 격렬비열도의 주요 3개 섬인 북격렬비열도, 동격렬비열도, 서격렬비열도에서 각 1개의 정점을 선정 후 SCUBA Diving을 이용하여 수심별로 조하대 군집조사를 수행하였다. 시료는 50 × 50 cm의 방형구를 이용하여 사진 촬영 후 전량 채집하였으며, 채집된 샘플은 실험실로 옮겨 종 동정, 군집특성 분석 등을 수행하였다. 연구 결과 격렬비열도 해역에서 출현한 해조류는 녹조류 8종(8.51%), 갈조류 9종(9.57%), 홍조류 77종(81.91%) 등 전체 94종이 출현하였다. 정점별로는 동격렬비도 57종, 서격렬비도 53종, 북격렬비도 69종으로 동격렬비도와 북격렬비도는 상부, 서격렬비열도는 중부에서 출현종수가 가장 높았다. 모든 정점에서 공통적으로 출현한 해조류는 녹조류 *Bryopsis foliosa* 1종, 홍조류 *Erythrotrichia carnea* 외 23종 등 전체 25종이며, *E. carnea*, *Heterosiphonia pulchra*, *Hypoglossum barbatum*, *Symphyocladia marchantioides*, *S. pumila*, *Gelidium elegans*, *Chondracanthus cincinnus*, *Gracilaria textorii*, *Peyssonnelia japonica*, *Stylonema alsidii*, Crustose coralline algae (CCA) 등 홍조류 10종은 전 수심대에 분포하였다. 해조 군집의 평균 생물량은 녹조류 59.39 g/m<sup>2</sup>, 갈조류 78.41 g/m<sup>2</sup>, 홍조류 269.92 g/m<sup>2</sup> 등 전체 407.71 g/m<sup>2</sup>이며, 정점별로는 동격렬비도 788.19 g/m<sup>2</sup>, 서격렬비도 324.92 g/m<sup>2</sup>, 북격렬비도 517.74 g/m<sup>2</sup>이고, 세 정점 모두 상부에서 평균 생물량이 가장 높으나 하부로 갈수록 급감하였다. 본 연구와 이전 연구들을 종합한 결과 격렬비열도는 녹조류 23종, 갈조류 32종, 홍조류 121종 등 전체 176종이 서식하는 것으로 확인되었으며, 서해안 주변 도서 백령도(125종), 어청도(86종), 외연도(112종) 등과 비교하였을 때 해조류 종다양성이 매우 높았다. 또한 해조류 생물량 분석 결과 다년생 대형 갈조류가 드물고, 단년생 기회종이 우점하는 해조 군집을 형성하고 있어 물리적 환경이나 계절 변화에 따른 해조 군집의 변동이 큰 것으로 판단되며, 보다 명확한 해조 군집 특성을 밝히기 위해 지속적인 모니터링 연구가 필요하다.

교신저자 E-mail: swjung@mabik.re.kr



P4-02

## Analysis of leaf color changes in succulent plants using a colorimeter

Yooran Lee<sup>P</sup> and Haejin Bae<sup>C</sup>

Ecological Technology Research Team, Division of Ecological Applications Research, National Institute of Ecology, Seocheon, 33657, Republic of Korea

Succulent plants exhibit a variety of leaf colors, such as green, pink, and yellow, influenced by external environmental conditions. The demand for these plants as ornamental species has been rising due to their dynamic color changes, which occur in response to variations in light intensity and temperature. This study investigated how external environmental factors affect changes in leaf color. This study aimed to examine the relationship between external environmental conditions and leaf surface color changes in the succulents *Echeveria* spp. and *Adromischus maculatus*. Observing the leaf color changes in outdoor sunlight, the *Echeveria* spp showed a transition from dark red to bright green in its overall leaf color, while the *Adromischus maculatus* developed reddish spots that intensified over time. Measurements of leaf surface color using a colorimeter revealed significant color changes in the *Echeveria* spp, with increases of 42.31% in red, 49.32% in green, and 21.58% in blue. In contrast, the *Adromischus maculatus* exhibited a 0.15% decrease in red and a 10.44% decrease in green, leading to a deepening of the spotted areas as green diminished more than red, expanding the spot-covered surface area. It is expected that this study will serve as fundamental data for future research on leaf color changes in succulents caused by variations in light intensity and temperature.

**Corresponding author E-mail:** [hjbae@nie.re.kr](mailto:hjbae@nie.re.kr)

P5-01

## Environmental adaptation strategy of an ammonia-oxidizing archaeon isolated from oil-contaminated soil

Seongwook Kim<sup>P1</sup> and Man-Young Jung<sup>C1,2</sup>

<sup>1</sup>Interdisciplinary Graduate Program in Advance Convergence Technology and Science, Jeju National University, 102 Jejudaehak-ro, Jeju 63243, Korea

<sup>2</sup>Department of Biology Education, Jeju National University, 102 Jejudaehak-ro, Jeju 63243, Korea

In the global nitrogen (N) cycle, ammonia-oxidizing microorganisms, especially ammonia-oxidizing archaea (AOA), play a crucial role. While much is known about the abundance and diversity of AOA in various environments, the genetic drivers behind their ecophysiological adaptations are less well understood. *Nitrosocosmicus* within AOA, in particular, exhibits unique physiological traits, such as high substrate tolerance, low substrate affinity, and large cell size. To better understand the factors that determine the physiology of *Nitrosocosmicus* AOA, a comparative genomic analysis of 39 cultured AOAs, including five *Nitrosocosmicus* strains, was conducted. This study revealed the absence of canonical high-affinity ammonium transporters and typical S-layer structural genes across all *Nitrosocosmicus* strains. The lack of an outermost visible S-layer structure was confirmed through cryo-electron tomography, which suggested that *Nitrosocosmicus* AOA may possess a glycoprotein or glycolipid-based glycocalyx as an outer cell layer with thick periplasmic space. Altogether, this study provides insights into the niche adaptation mechanisms and the overall ecophysiology of *Nitrosocosmicus* members in diverse terrestrial ecosystems.

**Corresponding author E-mail:** myjung@jejunu.ac.kr

P5-02

## ***B. Subtilis* inoculation on Korean pepper enhances resistance to *X. Euvesicatoria* by upregulating PR cascades**

Woohyun Tak<sup>p1,2</sup> and Myeongjin Nam<sup>c2</sup>

<sup>1</sup>Hankuk Academy of Foreign Studies, Yongin, 17035, Republic of Korea

<sup>2</sup>Proteomics Lab, Department of Biological Sciences, Gachon University, Seongnam, 13120, Republic of Korea

*B. Subtilis* is known for plant growth promoting bacteria enhancing plant resistance to biotic stress factors. This study examined the effect of *B. Subtilis* inoculation and foilar spray at  $1.0 \times 10^8$  CFU/ml as an effective biological control against *X. Euvesicatoria*, which causes blights on *Capsicum annuum. L.* The experimental group showed slower progression of the blights and improvement in severity index, AUDPC, and wet shoot/root weight. Subsequently, DPPH assay and Follin-ciocalteu assay implied increased release of phenol and other phytochemicals removing ROS. Third, antagonistic assay and DAS-ELISA showed that bacterial proliferation was inhibited by  $24.79 \pm 2.53\%$  (Group 2) and  $34.26 \pm 1.58\%$  (Group 3), although there needs further research on antagonistic interactions between two species. Lastly, we identified that the expressions of PR-1 (Pathogenesis Related-1), APX (Ascorbate Peroxidase), and JAR1 (Jasmonic Acid Receptor 1) were enhanced in a significant level through western blotting. This implies that *B. subtilis* inoculation can upregulate the plant defense cascades mediated by PR proteins. Therefore, we conclude that *B. Subtilis* could be an organic microbial agent against *X. Euvesicatoria*.

**Corresponding author E-mail:** protein@gachon.ac.kr

P5-03

## 토양 양분유출 억제제가 토양세균의 탄소원 이용에 미치는 영향

어진우<sup>PC</sup>, 전상민, 최순균, 이종문, 정구복, 이병모

국립농업과학원 기후변화평가과

본 연구에서는 토양의 양분유출을 억제하는데 활용할 수 있는 starch, cationic starch, guar gum, xanthan gum, PAM(polyacrylamide) 등 5가지 물질이 토양세균의 탄소원 이용 특성에 미치는 영향을 알아보려고 하였다. 토양세균 양분이용은 Biolog사의 Ecoplate를 사용하여 amino acid, amine, carbohydrate, carboxylic acid, complex carbon, phosphate-carbon 등의 분해 정도와 AWCD(average well color development)를 측정하였다. 각 물질을 토양에 0.1, 0.5, 1.0%로 처리하여 1주 간격으로 3주간 조사하였다. starch는 3주차에서만 0.5, 1.0% 처리에서 AWCD가 증가하였다. cationic starch는 조사시기에 따라 효과가 달랐으며 3주차에 증가효과가 감소하였다. guar gum은 모든 농도에서 AWCD가 높아졌으며 탄소원의 종류에 따라 반응이 달랐다. xanthan gum은 모든 농도에서 AWCD가 증가하였으나 amino acid의 분해는 차이가 없었다. 한편 PAM은 모든 농도에서 AWCD가 낮아졌지만 complex carbon에는 영향이 없었다. 이러한 결과는 토양처리제가 토양의 물리적 성질뿐만 아니라 토양세균의 물질순환 기능에 이차적인 영향을 미칠 수 있음을 보여준다.

\*\* 본 연구는 농촌진흥청 농업과학기술 연구개발사업(과제번호:PJ01674003)의 지원에 의해 이루어진 것임

교신저자 E-mail: eojiny@korea.kr

P5-04

*Vampirovibrio chlorellavorus* 분리 및 배양 방법 연구최원석<sup>p1,2</sup>, 고소라<sup>1</sup>, 안치용<sup>c1,2</sup><sup>1</sup>한국생명공학연구원 세포공장연구센터<sup>2</sup>과학기술연합대학원대학교(UST), KRIBB School, 환경바이오공학과

*Vampirovibrio chlorellavorus*는 *Chlorella*에 기생하는 포식성 박테리아로, 국내에선 분리된 적이 없는 것으로 알려져 있는데, 대청호의 녹조 시기에 형성되는 미생물 상호작용 네트워크 상에서는 이들이 *Microcystis*의 사멸에 기여하는 것으로 제안되었다. 본 연구를 통해, 대전의 갑천, 유성천, 탄동천과 대청호의 추소, 추동, 장계의 토양 및 물시료를 채취하고, 이로부터 *V.V. chlorellavorus*를 분리, 배양하여 *Microcystis*에의 감염 여부를 확인하고자 하였다. *V. chlorellavorus*의 크기는 0.6  $\mu\text{m}$ 로 알려져 있으므로, 채취한 물시료 또는 BG11배지에 현탁한 토양시료를 1.2  $\mu\text{m}$  여과지로 여과한 여액을 0.22  $\mu\text{m}$  여과지에 재여과하여 여과지에 *V. chlorellavorus*가 농축되도록 하였다. *Chlorella* 배양액 5 ml에 여과지를 넣고 25도, 30도에 배양하였다. 3일간 육안으로 변색 여부를 관찰한 결과, 25도에서 배양한 토양 시료에서 더 확실하게 *Chlorella*가 사멸하였다. 변색이 확인된 샘플들은 상등액을 분리하여 상등액과 같은 양의 *Chlorella*를 접종하고 사멸 여부를 재확인했다. *V. chlorellavorus*의 specific primer를 제작하여 PCR을 수행하고, product의 sequence를 확인한 결과, 추소 지역의 시료는 96.15%의 유사성을 보인 반면, 다른 지역은 99-100%로 더 높은 유사성을 보였다. *V. chlorellavorus*가 포함된 시료를 *Chlorella* 배양액에 접종하면 3일째부터 대조군 대비 90% 가량 세포수가 감소하는 것을 반복적으로 관찰하였고, 이후에는 *Microcystis*에의 감염 여부를 확인할 예정이다.

교신저자 E-mail: cyahn@kribb.re.kr

P5-05

**Taxonomic reassessment of *Zhongshania* and *Marortus* strain:  
Phylogenetic and genomic insights with the proposal of *Zhongshania  
aquatica* sp. nov., and the reclassification of *Marortus luteolus* as  
*Zhongshania luteolus* comb. nov.**

Jae-Young Lee<sup>d1,2</sup> and Mi-Kyung Lee<sup>c1,3</sup>

<sup>1</sup>Biological Resource Center, Korean Collection for Type Cultures (KCTC), Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), Jeongeup 56212, Republic of Korea

<sup>2</sup>Department of Integrative Food, Bioscience and Biotechnology, Chonnam National University, Gwangju 61186, Republic of Korea

<sup>3</sup>Department of Environmental Biotechnology, KRIBB School of Biotechnology, University of Science and Technology (UST), Daejeon 34113, Republic of Korea

Advancing our understanding of microbial diversity and taxonomy in Korean coast, this study focuses on two intriguing bacterial genera, *Marortus* and *Zhongshania*, revealing significant insights through morphological and genomic analyses. We isolated a novel Gram-stain-negative, aerobic strain, designated as BJYM1<sup>T</sup>. Based on 16S rRNA gene sequence analysis, strain BJYM1<sup>T</sup> formed a clade with *Z. aquimaris* CAU 1632<sup>T</sup>, followed by *M. luteolus* ZX-21<sup>T</sup> and *Z. marina* DSW25-10<sup>T</sup>. The phylogenetic relationships of these four strains were also confirmed by genome-based and MARDI-TOF analyses. DNA-DNA hybridization values between reference strains were notably lower than 70%. However, *Z. marina* and *M. luteolus* exhibited dDDH values greater than 70%, as well as ANI and AAI values exceeding 95%. KEGG analysis revealed distinct metabolic pathways between two groups: Group 1 (*Z. antarctica* DSM 25701<sup>T</sup>, *Z. aliphaticivorans* SM-2<sup>T</sup>) and Group 2 (*Z. marina* KCCM 43273<sup>T</sup>, *Z. aquimaris* CAU 1632<sup>T</sup>, *M. luteolus* ZX-21<sup>T</sup>, *M. aquatica* BJYM1<sup>T</sup>). Through comprehensive physiological, phenotypic, and phylogenetic analyses, strain BJYM1<sup>T</sup> was identified as a new species within the genus *Zhongshania*, named *Zhongshania aquatica* sp. nov. Additionally, this study proposes the reclassification of *Marortus luteolus* as *Zhongshania* species, specifically *Zhongshania luteolus* comb. nov.

**Corresponding author E-mail:** miklee1010@kribb.re.kr

P5-06

## Polyurethane biodegradation by *Aspergillus* and *Trichoderma* through hydrolytic and oxidative processes

Yong Guan<sup>P1,2</sup> and Mi-Kyung Lee<sup>C1,3</sup>

<sup>1</sup>Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), Biological Resource Center, Korean Collection for Type Cultures (KCTC)

<sup>2</sup>Chonnam National University, Department of Integrative Food, Bioscience and Biotechnology

<sup>3</sup>Department of Environmental Biotechnology, KRIBB School of Biotechnology, University of Science and Technology (UST), Daejeon, 34113, Republic of Korea

Polyurethane (PU), a synthetic polymer extensively used across industries, presents serious environmental concerns due to its persistence in ecosystems. Microbial degradation has emerged as a potential solution to mitigate PU pollution. In this study, the biodegradation of PU by fungal strains from the genera *Aspergillus* and *Trichoderma*, isolated from soil and plastic waste, was investigated. Optical microscopy and scanning electron microscopy revealed structural degradation, including cracks and pores, indicative of physical breakdown. Fourier transform infrared spectroscopy identified hydroxyl (-OH) group formation, a marker of oxidative degradation, while gas chromatography-mass spectrometry detected polyols and isocyanates as key intermediates, suggesting the cleavage of ester and urethane bonds. These results demonstrate that *Aspergillus* and *Trichoderma* degrade PU through both hydrolytic and oxidative mechanisms. This research highlights the potential application of these fungi in plastic waste bioremediation, contributing to environmentally sustainable waste management strategies.

**Corresponding author E-mail:** miklee1010@kribb.re.kr

P5-07

## Distinct bacterial communities associated with *Microcystis* and *Dolichospermum* blooms: Insights from sequential and spatial analysis

Ve Van Le<sup>P1,2</sup>, So-Ra Ko<sup>1</sup>, Jay Jung Lee<sup>3</sup>, In-Chan Choi<sup>3</sup>, Chi-Yong Ahn<sup>C1,4</sup>,  
and Sang-Ah Lee<sup>C2</sup>

<sup>1</sup>Cell factory Research Centre, Korea Research Institute of Bioscience & Biotechnology, 125 Gwahak-ro, Yuseong-gu, Daejeon 34141, Republic of Korea

<sup>2</sup>Faculty of Biotechnology, College of Applied Life Sciences, Jeju National University, 102 Jejudaehak-Ro, Jeju, 63243, Republic of Korea

<sup>3</sup>Geum River Environment Research Center, National Institute of Environmental Research, Chungbuk 29027, Republic of Korea

<sup>4</sup>Department of Environmental Biotechnology, KRIBB School of Biotechnology, University of Science and Technology, Daejeon 34113, Republic of Korea

The bacterial community plays a key role in determining the formation of cyanobacterial blooms. Most studies investigating the bacterial communities associated with cyanobacterial blooms have focused on *Microcystis*, with less attention given to other cyanobacterial genera. Therefore, very little is known about whether different cyanobacterial blooms harbor different bacterial communities. This study presents the first sequential and spatial analyses of bacterial communities associated with *Microcystis* and *Dolichospermum* blooms using high-throughput sequencing. Sequential and spatial analyses revealed that *Dolichospermum* and *Microcystis* had distinct bacterial communities. At the genus level, *Terrimicrobium*, *Fluviicola*, *Solitalea*, *Rhizorhapis*, *Limnobacter*, and the alpha I cluster are more closely associated with *Dolichospermum* blooms than with *Microcystis* blooms. Conversely, *Ahniella*, *Tabrizicola*, *Bryobacter*, and *Lacibacter* were more related to *Microcystis* blooms. *Dolichospermum* blooms were divided into summer and autumn blooms with different dominant genotypes. Network analysis revealed negative correlations between *Dolichospermum*-related bacteria and *Microcystis*-related bacteria. The functional profiling of bacterial communities associated with *Microcystis* blooms differed from those associated with *Dolichospermum* blooms, implying that cyanobacterial genera not only alter the community composition but also influence the functional potential of the bacterial communities. In summary, our findings highlight that the competitive interaction between *Microcystis* and *Dolichospermum* in nature is influenced not only by abiotic factors but possibly also by their associated microbial communities.

**Corresponding author E-mail:** cyahn@kribb.re.kr; leesa@jejunu.ac.kr



P5-08

## Genomic analysis of haloarchaea that can grow under low-salinity conditions

Hye Seon Song<sup>p</sup>, Nakyeong Lee, Sangdon Ryu, Kira Moon, Jina Lee, Sung Moon Lee, Seunghui Song, Yun Ji Kim, Se Won Chun, and Aslan Hwanhwi Lee<sup>c</sup>

Division of Environmental Materials, Honam National Institute of Biological Resources (HNIBR), 99 Gohadoan-gil, Mokpo 58762, Republic of Korea

*Halorubrum* and *Halopenitus* species are typically known as extremely halophilic archaea that thrive in high-salinity environments. However, in this study, they were isolated from a relatively low salinity condition of 7.5% NaCl. We report the complete genome sequences of *Halorubrum* sp. CBA1232 and *Halopenitus persicus* CBA1233, each of which possesses one chromosome and a plasmid. The genomic analysis of *Halorubrum* sp. CBA1232 revealed genes associated with hydrolytic enzymes, resistance to antimicrobial and toxic compounds, and others were identified. These genetic traits also indicate the potential for enzyme production in both high and low-salinity conditions. Moreover, comparative genomic analysis of *Halopenitus persicus* CBA1233 identified 442 unique pan-genome orthologous groups, which may provide insights into its specific adaptations to low-salinity environments. This unique genetic makeup suggests that strain CBA1233 has distinct strategies for survival under varying salinity levels. In conclusion, this study provides new genomic information about haloarchaea capable of growing in low-salinity environments, highlighting their potential for biotechnological applications, particularly in enzyme production under diverse salinity conditions.

**Corresponding author E-mail:** aslan.lee@hnibr.re.kr

P5-09

## Taxonomic investigation and molecular phylogeny of two new *Gogorevia* species from freshwater habitats in South Korea

Wei-han Wang<sup>p1</sup>, Yuyao Li<sup>1</sup>, Byeong-Hun Han<sup>1</sup>, Jianghan Song<sup>1</sup>, Su-Ok Hwang<sup>2</sup>,  
and Baik-Ho Kim<sup>c1,2</sup>

<sup>1</sup>Department of Environmental Science, Hanyang University, Seoul 04763, South Korea

<sup>2</sup>Research Institute for Natural Sciences, Hanyang University, Seoul, 04763, South Korea

*Gogorevia*, a diatom genus first described by Maxim Kulikovskiy *et al.* in 2020, is morphologically distinct from related genera like *Achnantheidium* and *Lemnicola* by its valve shape, uniseriate striae, raphe morphology, and prominent sternum. Since the description of *Gogorevia* is relatively recent, there is not yet sufficient genetic data on its species. In this study, we describe two novel *Gogorevia* species, *G. constricta* sp. nov. and *G. recticentralis* sp. nov., from South Korea using a combination of morphological and molecular analyses. Detailed morphological characteristics of each species were documented using light microscopy (LM) and scanning electron microscopy (SEM). Molecular analyses, including SSU rRNA and *rbcL* genes, were conducted to determine phylogenetic relationships within the Bacillariophyta phylum. Phylogenetic trees were inferred using the maximum likelihood method, confirming the distinctiveness of the newly identified species. All previously reported *Gogorevia* species from South Korea, including *G. uniseriata*, have been found in urban stream systems, which suggests a potential habitat preference for this genus. This study demonstrated that urban stream systems, directly influenced by human activities, can also serve as valuable sources of biological resources, providing motivation for further studies on biodiversity in urban aquatic environments.

**Corresponding author E-mail:** tigerk@hanyang.ac.kr

P5-10

## Discovery and phylogenetic analysis of five new benthic diatom species from freshwater systems across South Korea

Weihan Wang<sup>p1</sup>, Yuyao Li<sup>1</sup>, Liyao Jiang<sup>1</sup>, Byeong-Hun Han<sup>1</sup>, Jianghan Song<sup>1</sup>,  
Su-Ok Hwang<sup>2</sup>, and Baik-Ho Kim<sup>c1,2</sup>

<sup>1</sup>Department of Environmental Science, Hanyang University, Seoul 04763, South Korea

<sup>2</sup>Research Institute for Natural Sciences, Hanyang University, Seoul, 04763, South Korea

This study reports the discovery and detailed characterization of five novel benthic diatom species isolated from diverse aquatic environments within South Korea. By integrating morphological assessments via light and scanning electron microscopy with molecular phylogenetic analyses, these species were taxonomically assigned to the genera *Fragilaria*, *Nitzschia*, *Fistulifera*, *Mayamaea*, and *Tryblionella*, respectively. The morphological investigations revealed distinct structural traits, while phylogenetic analyses based on SSU rRNA and rbcL gene sequences provided robust support for the delineation of these new species. Noteworthy among them, *Fistulifera minima* sp. nov. is characterized by its diminutive, elliptical valves with distinctive striae and areolae patterns. This study contributes significantly to the understanding of diatom biodiversity, offering a foundation for the development of more refined classification criteria through the accumulation of detailed genetic data. Additionally, it provides valuable insights for ecological monitoring in rapidly changing environments.

**Corresponding author E-mail:** tigerk@hanyang.ac.kr

P5-11

## Morphological and molecular phylogenetic characterization of three new *Pinnularia* species from South Korea

Yuyao Li<sup>P1</sup>, Weihan Wang<sup>1</sup>, Byeong-Hun Han<sup>1</sup>, Jianghan Song<sup>1</sup>, and Baik-Ho Kim<sup>C1,2</sup>

<sup>1</sup>Department of Environmental Science, Hanyang University, Seoul 04763, South Korea

<sup>2</sup>Department of Life Science, Hanyang University, Seoul, 04763, South Korea

The genus *Pinnularia* is widely distributed and has significant biodiversity. There are over 800 identified species worldwide, of which about 150 have been recorded in South Korea. This study reports the discovery and characterization of three novel *Pinnularia* species from South Korean freshwater ecosystems. The newly discovered species were identified through an integrative approach combining morphological observations and molecular phylogenetic analyses. Morphological features were documented using light microscopy (LM) and scanning electron microscopy (SEM), allowing us to see the presence of alveolus that forms the whole stria. Molecular studies involved sequencing nuclear small subunit (SSU) rRNA and ribulose-bisphosphate carboxylase (*rbcL*) genes to elucidate the phylogenetic relationships among the species. Subsequent phylogenetic analysis using the maximum likelihood method confirmed the distinctiveness of these new taxa within the genus *Pinnularia*. These findings not only refine the classification of *Pinnularia* but also inspire a commitment to further research in this area.

**Corresponding author E-mail:** tigerk@hanyang.ac.kr

P6-01

## 조하대 산호류의 분포변화 및 위협요인 연구

조인영<sup>pc1</sup>, 김일훈<sup>1</sup>, 정승욱<sup>1</sup>, 이창호<sup>1</sup>, 김혜선<sup>1</sup>, 이승현<sup>1</sup>, 김치현<sup>2</sup>, 황성진<sup>3</sup>

<sup>1</sup>국립해양생물자원관 생태보전실

<sup>2</sup>국립해양생물자원관 생물분류실

<sup>3</sup>우석대학교 생명과학과

본 연구에서는 우리나라 해역의 조하대에 서식하는 산호류의 분포현황을 파악하고 과거의 기록과 비교하여 분포의 변화를 알아보았다. 이를 통해 20종의 분포변화가 뚜렷한 종을 구분하였다. 이 중 열대성 종은 서식지를 확장하고 신규로 가입되는 종이 확인되었고, 기존의 서식 종은 서식지가 현저하게 감소하는 경향을 확인하였다. 이와 더불어 산호의 분포와 생존에 영향을 주는 위협요인을 조사하여 원인별로 분석하였다. 개별 군체에는 물리적인 위협요인이 생존에 영향을 미쳤으나 전체 군락 및 회복할 수 없는 피해는 환경적 위협요인으로 인한 것을 확인하였다. 열대 산호초는 기후변화 등 환경 영향에 매우 취약한 것으로 입증되었지만 온대 산호군락 지역의 분포변화와 위협요인 등에 대해서는 알려진 바가 없다. 본 연구를 통해 온대 산호군락의 분포변화를 종합적으로 분석하고 향후 온도상승과 같은 조건에서 해양생물의 변화상을 이해하기 좋은 기초 자료가 될 것이다.

교신저자 E-mail: coral@mabik.re.kr

P6-02

## 서천과 서산 조간대 갯벌에서의 해양생물 탄소 저장량 연구

이창호<sup>P1</sup>, 조나은<sup>2</sup>, 김지민<sup>1</sup>, 양동우<sup>1</sup>, 김혜선<sup>C1</sup><sup>1</sup>국립해양생물자원관 해양생물다양성본부<sup>2</sup>한국화학융합시험연구원 조선해양센터

해양수산 부문 탄소중립 실현을 위한 해양보호구역 확대 및 신규 탄소흡수원 발굴을 위해 국내 서해안 서천과 서산 갯벌의 해양생물 탄소 저장량을 도출 비교하였다. 현재 서천 갯벌에서는 동죽, 가무락, 바지락 등 다양한 양식이 이루어지고 있으며, 서산 가로림만 갯벌에서는 바지락 양식이 대규모로 이루어지고 있지만, 두 지역은 각각 습지보호구역 및 해양보호구역(해양생물보호구역)으로 지정되어 있다. 조사는 지역별로 설정된 30개 정점에 대해 춘계 시기(23년 5월~6월)에 이루어졌으며, 조사 지역 내 서식하고 있는 해양생물의 탄소 전환계수 도출과 탄소 저장량, 그리고 기초 환경요인 및 해양생물의 탄소순환을 재구성하였다. 조사 지역 내 출현한 전체 해양생물 중 단위면적당 탄소량은 높은 서식밀도와 생물량을 나타낸 염생식물이 가장 높았으며(서천 3036.7 g C/m<sup>2</sup>, 서산 1422.4 g C/m<sup>2</sup>), 다음으로는 저서무척추동물 중 연체동물(서천 448.4 g C/m<sup>2</sup>, 서산 1866.9 g C/m<sup>2</sup>)과 환형동물(서천 11.7 g C/m<sup>2</sup>, 서산 25.8 g C/m<sup>2</sup>) 순으로 높았다. 연체동물의 높은 탄소량은 무기탄소 형태의 탄산칼슘 패각을 가진 이매패류의 기여도 때문으로 판단된다. 해양생태계 탄소저장은 탄소 순환 메커니즘과 관계가 있다. 본 연구는 앞으로 해양생물을 통한 탄소저장 및 탄소중립 연구의 기초자료로 활용될 수 있을 것이다.

\*\* 본 연구는 국립해양생물자원관 기관고유사업인 ‘해양수산생명자원 보전 및 복원 방안 연구’ (2024M00300)로 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: hskim99@mabik.re.kr

## P6-03

## 해양 플라스틱 쓰레기에 부착하는 저서성 와편모조류의 부착 특성

백승호<sup>pc1</sup>, 이충현<sup>1</sup>, 임영균<sup>2</sup><sup>1</sup>한국해양과학기술원 남해연구소 생태위해성연구부<sup>2</sup>한국해양과학기술원 본원 기후대응생태연구부

해양 플라스틱 쓰레기(Marine Plastic Debris, MPD)는 다양한 해양 생물의 이동 매개체로 작용할 수 있으며, 특히 아열대 기원의 유독성 미세조류를 운반하는 매개체로서 잠재적인 확산 압력원으로 작용할 수 있다. 본 연구에서는 다양한 경로를 통해 유입되는 플라스틱 재질에 부착하는 미세조류 군집의 부착 특성을 두 차례에 걸쳐 평가하였다. 첫 번째로, 여섯 가지 플라스틱 재질(폴리프로필렌 [PP], 저밀도 폴리에틸렌 [LDPE], 고밀도 폴리에틸렌 [HDPE], 폴리염화비닐 [PVC], 폴리에틸렌 테레프탈레이트 [PET], 폴리스타이렌 [PS])로 제작된 부착판을 마이크로코즘 내에 설치하여 부유성 및 부착성 미세조류 군집의 시계열 변화를 관찰하였다. 두 번째로, 비닐 재질과 노끈에서 아열대 기원의 부착성 와편모조류의 부착 및 정착 가능성을 평가하였다. 플라스틱 재질에 따른 부유성 및 부착성 미세조류의 생물량과 종 조성은 유의미한 차이가 없었으나( $p > 0.05$ ; Bray-Curtis 유사도 = 94%), 플라스틱 부착판에서 아열대 기원의 유독성 와편모조류인 *Amphidinium operculatum*과 *Coolia monotis*의 생물량이 지속적으로 증가하는 것을 확인하였다( $p < 0.05$ ). 초기 유입 생물량 농도를 높게 설정한 실험군에서는 *A. operculatum*이 부착판에서 수중으로 방출되는 특성을 확인하였고, 이는 유독성 부착 와편모조류가 MPD에 부착하고 탈리되는 과정을 통해 다양한 해역으로 확산될 수 있음을 시사한다. MPD를 통해 수송된 유독성 부착 와편모조류의 전체 생물량 기여도를 정확히 분석하기 위해 ASVs, 개체수, 세포 체적을 비교한 결과, 유독성 와편모조류의 ASVs 기반 생물량이 76%, 세포 체적 기반 생물량이 67%로 나타나 MPD에 유독성 와편모조류가 높은 밀도로 출현 및 정착할 수 있음을 시사하였다. 두 번째 실험에서는 MPD가 유해 부착성 와편모조류인 *Fukuyoa koreansis*의 확산 매개체로 작용할 가능성을 평가하기 위해 여섯 가지 실험을 수행하였다(교반 유무에 따른 MPD 없는 상태(대조군), 폴리에틸렌(PE) 필름(시트 형태의 MPD; 교반 유무에 따라), 폴리프로필렌(PP) 로프(원통형 MPD; 교반 유무에 따라)). 교반이 없는 상태에서는 실험군 간 유의미한 차이가 없었으나( $p > 0.05$ ,  $\chi^2 = 0.228$ ), 15일 후 MPD 없이 교반되지 않은 상태에서의 성장은 교반된 상태보다 25배 더 많았다( $150 \pm 42$  cells mL<sup>-1</sup> vs.  $6 \pm 1$  cells mL<sup>-1</sup>). 반면, 교반 및 부유성 MPD와 함께 성장한 경우 세포의  $78 \pm 1\%$ 가 MPD에 부착되었으며, 이는 교반되지 않은 상태보다 4배 더 많았다. 이러한 결과는 불안정한 수괴에서 *F. koreansis*의 성장을 위해 MPD 또는 다른 부착 기질이 필수적일 수 있음을 시사하며, MPD가 *F. koreansis*에게 서식처나 피난처를 제공하여 유해 부착성 와편모조류의 확산 매개체로 기능할 수 있음을 보여준다. 결과적으로 해양에 노출된 MPD는 해양의 미소생물군집의 서식처를 제공하여 확산매개체로 중요한 역할을 할 것으로 생각된다.

\*\* 본 연구는 한국해양과학기술원의 “해양 생태계에 미치는 플라스틱 쓰레기의 영향평가 기술 개발” 과제 (PM0204)의 지원을 받아 수행됨.

교신저자 E-mail: baeksh@kiost.ac.kr

P6-04

## Distribution of Chironomidae (Diptera) larvae from drinking water treatment plants in Han River and Jeju of South Korea using DNA barcoding and morphogenetic analysis

Kiyun Park<sup>P1</sup>, Jae-Won Park<sup>2</sup>, and Ihn-Sil Kwak<sup>c1,2</sup>

<sup>1</sup>Fisheries Science Institute, Chonnam National University

<sup>2</sup>Department of Ocean Integrated Science, Chonnam National University

Water plays a pivotal role in human growth, physiology, development, and immunity, as well as in the survival of all living organisms. Drinking water treatment plants (DWTPs) are intended to provide safe water to the municipality, typically by treating surface waters from rivers, lakes, and streams. Chironomids (Diptera: Chironomidae), non-biting midges, are the most abundant aquatic midge in these freshwater ecosystems. Distribution of chironomid larvae in DWTPs is an important data because their presence may be indicative of the clean water quality in the supply of tap water for human consumption. The aim of the present study was to identify the chironomid larvae distribution that reflect the water quality of DWTPs. We investigated the distribution of chironomid larvae in Gongchon & Bupyeong and Gangjeong DWTP areas using morphological identification and DNA barcoding. The chironomids found in the Gongchon and Bupyeong DWTPs included five species (four Chironominae and one Tanypodinae). The most common chironomids belonged to the genus *Chironomus*, with *Chironomus flaviplumus* and *Chironomus dorsalis* in particular dominating at sites within the Gongchon and Bupyeong DWTPs. In the Gangjeong DWTP, five chironomid species (two Chironominae, two Orthoclaadiinae, and one Tanypodinae) were found. A *Microtendipes* sp. and *Ablabesmyia longistyla*, of the genus *Ablabesmyia*, were the most common species in streams and water intake areas of the Gangjeong DWTP. These data provide useful morphological and DNA information regarding chironomid larvae that can be used for the water quality biomonitoring of DWTPs to support the supply of clean drinking water.

**Corresponding author E-mail:** iskwak@chonnam.ac.kr



P6-05

## 2024년 제주 연안에서 분리한 중온성 박테리아의 효소 활성 탐색

김하은<sup>p1</sup>, 강수민<sup>1</sup>, 최윤형<sup>2</sup>, 정도윤<sup>2</sup>, 이진아<sup>3</sup>, 김진호<sup>c1</sup><sup>1</sup>제주대학교 지구해양학과<sup>2</sup>지구해양융합학부 지구해양과학전공<sup>3</sup>국립호남권생물자원관 환경소재연구부

해양 박테리아는 식품, 섬유, 세제 등 다양한 바이오산업에서 널리 활용되는 유용성 가수분해 효소를 생성한다. 제주 연안은 온난한 환경인 중위도 해역에 위치하여 다양한 중온성 박테리아가 서식하고, 대마 난류, 황해 난류 등 다양한 해류와 지하수 유출의 영향 및 최근 기후변화로 인한 수온의 상승으로 다양한 박테리아가 서식할 수 있는 환경을 제공한다. 하지만 제주 연안에 서식하는 박테리아 군집에 대한 정보 및 이들의 유용 효소에 관한 연구는 거의 이루어지고 있지 않다. 본 연구는 제주 연안에 서식하는 박테리아를 분리 및 배양하고, 생물 자원으로서의 잠재적 가치를 지닌 미생물을 발굴하고자 하였다. 이를 위해 단백질을 분해하는 protease, 탄수화물을 분해하는 amylase 그리고 지질을 분해하는 lipase, esterase 총 4종의 효소에 대한 활성도를 평가하였다. 2024년 3월부터 8월까지 제주의 다양한 자연환경 및 연안 12개 정점에서 시료를 채취하였으며, 3종류의 배지(LB, R2A, MA)를 사용하여 얻어진 박테리아 군체(colony)로부터 순수배양 및 균주를 확보하였다. 확보한 균주는 16S rRNA gene sequencing을 통해 동정하였고, 이들 중 균주를 선별하여 효소 활성 평가를 진행하였다. 연구 기간 동안, 총 42속 94종, 281개의 박테리아 균주를 확보하였으며, 그중 연안 해수 시료로부터 17속 29종, 39개의 박테리아 균주를 확보하였다. 동정 결과, 확보된 전체 균주 중 가장 많이 확보된 균주는 *Bacillus altitudinis*, *Priestia aryabhatai*, *Priestia megaterium* 순이었으며, 특히, *Bacillus* 속은 제주 동쪽 연안에서 높은 확보율을 나타내었다. 효소 활성 분석을 진행한 균주들 중 lipase, esterase에 활성을 나타내는 균주는 58.9%였으며, protease에는 35.8%, amylase에는 20.5%의 활성을 보였다. 그중, *Alteromonas abrolhosensis*은 모든 가수분해 효소에 대해 높은 활성을 나타내었다. 본 연구 결과는 제주 연안의 박테리아 종 다양성과 종의 분포에 대한 정보를 제공하며, 이들의 효소 활성 결과는 향후 관련 산업에서 활용 가능한 기초자료를 제공할 수 있을 것으로 기대된다.

교신저자 E-mail: kimj@jejunu.ac.kr

P6-06

## 온도조건 별 배나무 화상병 감염 잎의 발병양상

황예빈<sup>1</sup>, 엄태선<sup>1</sup>, 유성영<sup>2</sup>, 최종윤<sup>3</sup>, 김태완<sup>c1,2</sup><sup>1</sup>한경국립대학교 식물자원조경학과<sup>2</sup>한경국립대학교 식물생태화학연구소<sup>3</sup>경기도농업기술원 환경농업연구과

과수 화상병(Fire blight)은 *Erwinia amylovora* 병원균에 의해 사과, 배 등 장미과 과수 나무에서 발생하는 세균병이며 병원균의 위험도가 높아 과수 농가에서 피해가 크게 발생하고 있다. 식물에서의 발병 양상은 기주, 병원균, 환경에 따라 다르며 기온은 식물병 감염 과정에서 식물 병원성 미생물과 식물체간의 상호작용에 영향을 미친다. 지구온난화에 따른 기온변화로 과수 화상병의 피해가 극대화되고 있지만, 기온 변화에 의한 병원균과 식물체 간의 상호작용 연구는 부족한 실정이다. 따라서 본 연구는 다양한 온도 조건 별 배나무 화상병 감염 잎의 발병양상 분석을 목적으로 비파괴적 모니터링을 실시하였다. 본 연구는 경기도 안성시 한경국립대학교 격리시설에서 건전한 배나무 잎을 샘플링한 후, leaf disk로 제작하여  $1 \times 10^8$  CFU/ml 농도로 *E.amylovora* 병원균을 인공접종하였다. 인공접종 후 15°C, 25°C, 30°C, 35°C의 온도조건에서 디지털 카메라 및 엽록소 형광분석기를 활용하여 시계열 분석을 실시하였다. 잎의 화상병 병반면적은 24시간 간격으로 디지털카메라를 활용하여 RGB 이미지를 획득한 후, R Studio를 통해 AUDPC(Area Under Disease Progress Curve)를 산출하였다. 엽록소 형광 분석은 30분간 암처리 후 Quenching kinetics analysis 모드에서 24시간 간격으로 측정하여 형광 매개변수와 AUDPC 간 상관분석을 실시하여 병원균 활성에 의한 배나무 잎의 광합성능을 평가하였다. AUDPC값은 25°C > 30°C > 15°C > 35°C 순으로 높았으며, 병원균의 생육적온(28°C)과 가까운 온도조건에서 병반면적이 높은 것으로 확인되었다. AUDPC와 가장 높은 상관성을 가진 Fv 매개변수는 온도 증가에 따라 감소하였으며(-0.86<sup>\*\*\*</sup>), 연속광에서의 광계 II 최대양자수득률(Fv/Fm\_Lss)은 시간경과에 따라 낮아졌다(-0.66<sup>\*\*</sup>). 따라서 배나무 잎에서 온도 증가에 따라 병반이 증가하여 빛에너지를 받아들이는 엽록소 및 광화학 기구의 활성이 감소한 것으로 판단되었다.

\*\* 본 결과물은 농촌진흥청 연구개발사업(RS-2021-RD012471)의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: taewkim@hknu.ac.kr

P6-07

## 기후변화(기온)에 의한 알프스 Piz Corvatsch 지역 식생의 분광 반사율 지수 변화 분석

이성주<sup>1</sup>, 유성영<sup>2</sup>, 엄태선<sup>1</sup>, 윤택진<sup>1</sup>, 서지영<sup>1</sup>, 김태완<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>한경국립대학교 식물자원조경학과

<sup>2</sup>한경국립대학교 식물생태화학연구소

IPCC 보고에 의하면 1990년 이후 지구 평균 온도가 2100년까지 2°C 이상 상승할 것으로 추정하고 있으며, 기후변화로 인한 기상 이변은 홍수, 가뭄, 폭염 등의 문제를 야기하며 생태계를 파괴하고 있다. 특히 알프스 산맥은 최근 10년(2011~2020)의 평균 온도가 0.3°C 이상 상승하며 전 세계 평균기온 상승 속도의 2배 이상인 것으로 나타났다. 따라서 본 연구는 알프스 Piz Corvatsch 지역을 대상으로 기후변화에 의한 식생 영향 평가를 목적으로 분광 반사율 지수 변화를 분석하였다. 식물의 분광 반사율은 바이오매스 축적, 광합성 효율 및 비생물학적 스트레스에 노출된 식물의 상태를 빠르고 비파괴적으로 평가할 수 있다. 알프스 Piz Corvatsch 지역 식생의 분광 반사율 지수(NDVI, OSAVI, MCARI, TVI, RDVI)변화를 분석하기 위해 Polypen(RP 410, PSI)을 활용하여 2023년 8월 *Trifolium aureum* 등 6종과 2024년 8월 *Adenostyles alpina* 등 8종을 측정하였다. 조사지역의 기상자료는 'MeteoSwiss'를 이용해 알프스 Piz Corvatsch 지역의 기온 데이터를 수집하였다. 수집된 데이터는 'R' 프로그램을 사용하여 ANOVA, 상관분석 등 통계분석을 실시하였다. 대상 지역의 30년(1991~2020)간 연 평균기온은 -5.0°C이었으나 최근 기후변화에 의한 이상고온 현상으로 점차 상승하여 2023년에는 -3.8°C까지 상승하였다. 또한, 8월의 평균기온은 2.0°C(1991~2020)에서 2.9°C(2023), 그리고 5.1°C(2024)로 예년 대비 최대 3.1°C 증가한 것으로 확인되었다. 2024년의 Piz Corvatsch 지역 식생의 분광지수도 2023년에 비해 최소 3%(NDVI) ~ 최대 34%(MCARI) 감소하였다( $p < 0.05$ ). 조사 지역의 기온과 식생분광지수에 대해 상관분석을 실시한 결과 NDVI를 제외한 식생지수(특히 RDVI, TVI)에서 상관성이 높은 것으로 확인되었다. 따라서 조사지역 내 환경 스트레스에 의해 온도 및 토양수분과 상관성이 높은 MCARI, TVI, RDVI 등의 분광식생지수가 감소한 것으로 예측되었으며, 향후 지속적인 모니터링을 통해 기후 변화에 따른 정밀한 식생 영향 평가가 필요하다.

\*\* 본 결과물은 농림축산식품부의 재원으로 농림식품기술기획평가원의 농식품과학기술융합형연구인력양성사업(RS-2024-00400922)의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: taewkim@hknu.ac.kr

P6-08

## A potential method of controlling harmful algal bloom: Interaction between *Microcystis*, microbiome, and aquatic plants

Hayoung Lee<sup>P1,2</sup>, Seonah Jeong<sup>1</sup>, Min-Seong Kim<sup>1,2</sup>, So-Ra Ko<sup>1</sup>, and Chi-Yong Ahn<sup>C1,2</sup>

<sup>1</sup>Cell Factory Research Center, Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology (KRIBB), Daejeon 34141, Republic of Korea

<sup>2</sup>Department of Environmental Biotechnology, KRIBB School of Biotechnology, Korea University of Science and Technology (UST), Daejeon 34113, Republic of Korea

Harmful algal blooms, driven by the proliferation of cyanobacteria such as *Microcystis*, have negative effects on both aquatic ecosystems and human health. Some native aquatic plants commonly found in domestic water systems are known to have the ability to control cyanobacteria, and aquatic plants provide habitats for bacterial communities. In this study, various aquatic plants (*Hydrilla*, *Vallisneria*, *Potamogeton*, *Trapa*, *Nymphoides*, *Myriophyllum*) were collected in spring and co-cultured with *Microcystis* KW at the under laboratory conditions for 7 days. Microbiome samples were collected on days 3, 5, and 7 during the experiment, and 16S rRNA sequencing was used to analyze changes and differences in microbial communities between aquatic plant species. All aquatic plants showed algicidal effects. Additionally, the  $\alpha$ -diversity in the experimental groups increased over time, contrasting with the decreasing control group. According to NMDS analysis, microbial community clusters exhibited a more distinct pattern based on time than aquatic plant species. This study demonstrates that *Microcystis* KW influences the microbial community associated with aquatic plants, and suggests that using aquatic plants to control algal blooms could enhance water quality. However, further research is needed to determine whether the algicidal effects on *Microcystis* KW are primarily attributable to the chemicals secreted by aquatic plants or to the microbial community.

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

P6-09

## Seaweed-associated diatoms voucher flora in Dokdo of South Korea: 1. Subphyla Melosirophytina, Coscinodiscophytina and Class Mediophyceae

Joon Sang Park<sup>c1</sup>, Kyun-Woo Lee<sup>2</sup>, Seung Won Jung<sup>1</sup>, Han Jun Kim<sup>2</sup>,  
Hyun Ju Ha<sup>p1</sup>, and Jin Hwan Lee<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Library of Marine Samples, Korea Institute of Ocean Science & Technology, Geoje 53201, Republic of Korea

<sup>2</sup>Marine Ecosystem and Biological Research Center, Korea Institute of Ocean Science & Technology, Busan 49111, Republic of Korea

<sup>3</sup>Department of Life Science, Sangmyung University, Seoul 03016, Republic of Korea

Dokdo is an island located in the easternmost of Korea, which has been of concern because of its economic and scientific merits. The biodiversity on microalgae, especially diatoms is relatively unknown, despite their ecological importance as primary producers of the marine food web and bioindicators of environmental conditions for climate change. To understand the biodiversity of seaweed-associated diatoms from Dokdo, we collected macroalgae present at a depth 5 - 15 m by SCUBA diving on October 17, 2017. There were a large number of diatoms (over 130 species), which was surprisingly high, even though it was a one-time survey. As it includes too many taxa to cover at once, voucher flora for other taxonomic groups will be provided through the continuous serial papers. This is the first series of seaweed-associated diatoms, with 26 species belonging to the subphyla Melosirophytina and Coscinodiscophytina, and the class Mediophyceae. Among these, eight species including two new taxa were reported for the first time in Korea, which, along with the geopolitical characteristics of the survey area, proved that there is no domestic interest in seaweeds-related diatoms. In particular, the appearance of species that have been reported in subtropical waters, such as big-stick diatoms, requires continuous monitoring of marine seaweed-associated diatoms to confirm whether their colonization in Dokdo waters was due to climate change or species-specific water temperature tolerance.

**Corresponding author E-mail:** jspark1101@kiost.ac.kr

P6-10

## 한국 담수환경에서 확보한 균류 및 세균의 기능성 정보 탐색

이창수<sup>PC</sup>, 문혜연, 황혜진, 박상규, 천원수, 오유선, 한길, 이상희, 김정태, 허윤정, 석여울

국립낙동강생물자원관 생물자원연구실 균류연구부

균류와 세균은 눈에 보이지 않을 정도로 미세하고 단순한 형태를 지녔지만, 생태계와 환경을 유지하는 데 중요한 역할을 한다. 균류와 세균은 효소, 살충제, 식물 성장 촉진제 및 정화제로 널리 활용되고 있으며 토양과 수환경 개선에 중요한 역할을 할 수 있다. 합성 살충제의 과도한 사용으로 인해 수질 오염, 토양 산성화, 생태계 오염이 발생해 왔으며, 이에 대한 대안으로 균류와 세균이 생산하는 다양한 소재가 주목받고 있다. 균류와 세균이 생산하는 유기산은 중금속과 유해 물질을 분해하여 오염된 환경을 정화하고 복원하는 데 활용될 수 있다. 균류와 세균이 다양한 효능을 갖고 있음에도 불구하고, 관련된 기능에 대한 포괄적인 정보는 아직 부족한 편이다. 국립낙동강생물자원관(NNIBR)은 한국의 담수 환경에서 발견된 균류와 세균의 효능과 기능을 분석하여, 수요자에게 필요한 정보를 제공하고, 우리나라의 생물자원 가치를 높이기 위한 연구를 수행하고 있다. 2024년에는 국립낙동강생물자원관에서 보유한 균류와 세균을 대상으로, 항균 활성, 효소 활성, 식물 성장 촉진, 색소 생산 등 17가지 이상의 기능성 항목을 표준화된 방법으로 분석하여 6,500건 이상의 정보를 확보했다. 체계적으로 생산된 균류와 세균의 기능성 정보는 향후 산업계, 학계, 연구기관에 제공되어 한국 생물자원의 지속 가능한 활용에 기여할 것이다.

교신저자 E-mail: cslee@nnibr.re.kr

P6-11

## 국내 정수장의 취수원 및 인근 수계에 서식하는 깔따구류 유충의 분포 (2023년)

박재원<sup>1</sup>, 유현수<sup>2</sup>, 곽인실<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>전남대학교 환경해양학과

<sup>2</sup>전남대학교 수산과학연구소

깔따구류 유충은 강, 하천, 저수지 등 다양한 담수생태계에 서식하는 저서성 대형무척추동물이다. 짧은 생활사를 가지고 있고, 서식 환경의 영향을 받아 개체수, 형태변이, 종 다양성 등이 달라져 생태 모니터링 관찰에 중요한 환경 오염 지표종이다. 전 세계적으로 약 10,000종의 깔따구가 발견되었으며, 국내에서는 국립생물자원관의 “한반도 생물다양성 종리스트”에 약 500종이 등록되어 있을 정도로 널리 분포되어 있다. 최근 식수원을 공급하는 정수 공정 과정시설에서 깔따구류 유충이 발견되는 사례가 있었으며, 정수 공정 과정을 거쳐 일반 가정에서 발견된 깔따구류 유충의 문제점이 전국적으로 보도되었었다. 이에 본 연구에서는 전국 주요 정수장 10곳을 선정하였고, 2023년 4월, 9월 2차례에 걸쳐 취수원 및 인근 수계에 서식하는 깔따구류 유충의 군집 분포를 확인하고자 시료를 채집하였다. 깔따구류 유충은 형태적으로 유사하여 종 동정에 어려움이 있으므로 DNA 염기서열 분석을 병행하여 종 동정의 정확성을 높였다. 종 동정 결과 4월은 53종, 9월은 51종이 출현하였으며, 총 4아과 35속 76종이 출현하였다. 전체 30개 조사지점 중 취수원 8개 지점에서 출현한 종은 *Polyepdilum cultellatum*, *Conchapelopia* sp. 2종으로 나타났으며 수도시설로 유입될 가능성이 있는 종으로 판단되었다. 제주 지점 정수장은 공사로 인해 취수원에 깔따구류 유충이 다른 지점보다 출현율이 높았으며, 이러한 결과는 주변 환경에 따라 개체수가 증가하는 것을 보여줬다. 이 연구는 정수 공정 과정에서 발생하는 깔따구 모니터링 연구 기초 자료로 활용될 것이다.

교신저자 E-mail: iskwak@chonnam.ac.kr

P6-12

## eDNA metabarcoding을 통한 저서성 대형무척추동물의 공간 분포와 중금속 상관성 분석

김용준<sup>1</sup>, 김원석<sup>2</sup>, 곽인실<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>전남대학교 환경해양학과

<sup>2</sup>전남대학교 수산과학연구소

환경유전자(environmental DNA, eDNA)는 물, 퇴적물 또는 공기와 같은 환경에서 채취한 샘플 내 eDNA를 통해 출현 분류군에 대한 정보를 확보하는 생물다양성 평가 방법이다. 하천 저서생태 건강성을 평가하는 지표생물인 저서성 대형무척추동물을 eDNA와 전통적인 현미경 식별법(Microscope Identification, MSI)을 통해 다양성을 평가하는 연구가 활발히 진행되고 있다. 본 연구는 퇴적물 eDNA를 통해 한강 수계 내 저서성 대형무척추동물의 공간적 분포를 조사하였다. 현장 조사는 2022년 7월부터 10월까지 4개월간 한강의 7개 지점을 조사하였으며, COI을 이용한 메타바코딩 분석을 수행하였다. eDNA와 MSI 분석 비교 결과, Chironomidae와 Tubificidae가 높은 비율로 나타났으며, eDNA 분석시 각각 47.7%와 37.6%, MSI 분석에서는 57.1%와 27.3%의 비율을 보였다. 클러스터 분석을 통한 공간 분포에서는, 조사 지점이 상류와 하류 사이에서 3개의 그룹으로 구분되며 공간적 차이를 보였다. 특히 Chironomidae는 퇴적물의 중금속(Hg, Pb, Cd, As, Zn, Cu, Ni, Cr, Li) 농도와 유의미한 상관관계를 보였다. 하류로 갈수록 *Tanytarsus* (Chironomidae) 비율이 증가하고 퇴적물 중금속(Hg, Cd, Zn)과 양의 상관관계를 보인 반면, *Cladotanytarsus*, *Dicrotendipes*, *Paratendipes*는 상류에서 주로 검출되었고, 중금속(Hg, Cd, Zn, Cu, Ni, Cr, Li) 농도와 음의 상관관계를 나타냈다. 본 연구결과를 통해 eDNA를 활용한 저서성 대형무척추동물 분석은 출현 분류군의 공간적 차이와 퇴적물 중금속 농도에 따른 상관성을 확인할 수 있었으며, 이를 바탕으로 eDNA 모니터링은 하천 저서생물 건강성 분석에서 유용한 도구로서 가능성을 시사한다.

교신저자 E-mail: iskwak@chonnam.ac.kr



P6-13

## Distribution of bacteria using NGS in wastewater from major sewage treatment plants in Gyeongsangbuk-do

YH Sohn<sup>P</sup>, SK Cha, YJ Park, and HJ Jung<sup>C</sup>

Gyeongsangbuk-do Institute of Health and Environment

Influent wastewater, the initial contaminated water entering sewage treatment plants, contains pollutants from human activities and provides a habitat for various bacteria. Recently, Next Generation Sequencing (NGS) has been widely used for bacterial community analysis, allowing a detailed study of bacterial distribution in sewage. This study analyzed the bacterial distribution in influent wastewater from sewage treatment plants in Gyeongsangbuk-do using NGS based 16s rRNA gene analysis. Nucleic acids were extracted from influent wastewater, and base sequencing was performed using the NGS platform. The data analysis identified *Arcobacter*, *Pseudarcobacter*, and *Bacteroides* as major bacterial communities, with *Arcobacter* accounting for over 15.1% on average. A comparison of bacterial communities showed that *Arcobacter* was dominant in Gyeongsan, Gumi, Andong, and Yeongcheon, while *Pseudarcobacter* was more prevalent in Gyeongju, highlighting regional differences. This study provides a comprehensive understanding of bacterial community distribution in influent wastewater in Gyeongsangbuk-do and offers valuable data for future environmental management and public health policies. The findings suggest a need for region specific bacterial removal technologies and highlight the importance of monitoring antibiotic resistant microorganisms to safeguard public health.

**Corresponding author E-mail:** byul1005@korea.kr

P6-14

## Temporal dynamics of antarctic intertidal macroalgal assemblages: a novel approach using contour plots

Young Wook Ko<sup>P</sup>, Sanghee Kim, and Han-Gu Choi<sup>C</sup>

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

This study investigates the temporal and spatial changes in intertidal macroalgal communities along the vertical shoreline of Barton Peninsula, King George Island, Antarctica, over three austral summers from November 2016 to January 2019. A total of 18 macroalgal species were identified, with the red alga *Iridaea cordata* and the endemic brown alga *Phaeurus antarcticus* dominating the assemblage. Using contour plots, a novel approach for visualizing the continuous distribution of macroalgae was introduced, providing a more detailed representation compared to traditional methods. The study reveals significant temporal variation in macroalgal coverage, with assemblages showing 78.35% similarity after one month and 64.61% similarity after two months. Notably, shifts in species dominance were observed during the summer, transitioning from *I. cordata* to *P. antarcticus*. These findings highlight the rich species diversity in the mid- to lower-intertidal zones of Barton Peninsula, offering crucial insights into the dynamics of Antarctic intertidal ecosystems and their responses to environmental variability. This study sets a foundation for further exploration of Antarctic macroalgal assemblage using innovative visualization techniques.

**Corresponding author E-mail:** [hchoi82@kopri.re.kr](mailto:hchoi82@kopri.re.kr)

P6-15

## Adsorption isotherm, kinetic modeling of surface-modified adsorbent based on info-chemicals derived from cyanobacteria-predator interaction

Sehoon Oh<sup>p</sup> and Yoon-E Choi<sup>c</sup>

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

In recent years, the occurrence of algal blooms has been on the rise due to factors such as climate change and nutrient influx. In response, this study aimed to develop and apply an adsorption-based method for controlling the proliferation of harmful cyanobacteria, which frequently occurs during the summer season, contributing to algal blooms. *Microcystis aeruginosa*, a predominant harmful cyanobacterium associated with algal blooms, was selected as the target organism in our research. Harmful cyanobacteria are known to carry a positive surface charge in aquatic environments. In this study, we harnessed positively charged adsorption materials to effectively control these organisms. Additionally, we modified chitosan, a biopolymer, and cellulose from cotton, focusing on compounds such as urea and benzylamine that have a known interaction with cyanobacteria to induce their aggregation on material surfaces, facilitating effective adsorption. We have verified the potential of cyanobacteria adsorption in adsorbents by applying isotherm and kinetic models. By accurately evaluating the adsorption performance of the developed adsorbent, it can be applied in the field to suppress algal blooms, contributing to the resolution of this environmental issue.

**Corresponding author E-mail:** yechoi@korea.ac.kr

P6-16

## 용암천의 수질, 어류 다변수 모델 기반의 수생태 건전성 분석 및 하천 종적연결성 평가

최혜지<sup>P</sup>, 김지윤, 조민재, 안광국<sup>C</sup>

충남대학교 생명과학과

본 연구에서는 용암천의 수생태 건전성을 통합적으로 평가하기 위해 이화학적 수질 분석, 어류 기반의 생태건강성 평가, 종적연결성 평가를 수행하였다. 본 조사 구간에는 인공구조물인 보(weir) 9개가 존재하였으며, 어도는 존재하지 않았다. TOC(총유기탄소), SS(부유물질), TN(총질소), TP(총인)의 농도는 환경부 기준으로 보았을 때 높지 않은 것으로 나타났다. 어류 기반의 생태건강성 평가에 따르면 평균적으로 좋음 등급에 해당되어 비교적 양호한 생태건강성을 나타냈으며, 상류에서는 버들치(*Rhynchocypris oxycephalus*), 하류에서는 피라미(*Zacco platypus*)가 우점하는 것으로 나타났다. 횡구조물 기반의 종적연결성 평가에 따르면, 구조물 단위 평가에서 연속 4개소, 단절 5개소로 분석되었고, 하천 단위 평가에서는 “연속(50.3%)”으로 평가되었다. 인공구조물이 수생태계에 미치는 영향에 대한 지속적인 연구가 필요할 것으로 사료된다.

교신저자 E-mail: kgan@cnu.ac.kr

P6-17

## Phytoplankton dynamic in the Han River, Korea: Differences in the upper, middle, and lower reaches

Taehee Kim<sup>p</sup>, Han-Sol Kim, Thi Nhu Quynh Bui, Buhari Lawan Muhammad,  
and Jang-Seu Ki<sup>c</sup>

Department of Life Science, Sangmyung University, Seoul 03016, Korea

This study examined the dynamics of phytoplankton in the Han River across its upper, middle, and lower reaches. Sampling was conducted at nine sites along the Han River in both June and September. The results of water quality showed a temperature decrease moving upstream, while dissolved oxygen levels increased inversely. Nutrient analysis revealed that total nitrogen and phosphorus concentrations consistently rose toward the downstream areas in both sampling months. NGS analysis indicated that cell concentrations were higher downstream, with diatoms being the dominant group at most locations. A notable increase in dinoflagellates cells was observed across all sites in September. Heatmap analysis showed distinct seasonal and spatial distribution patterns of phytoplankton species. Canonical Correspondence Analysis (CCA) suggested that diatoms were less influenced by environmental variables, while green algae and dinoflagellates exhibited significant associations with temperature and dissolved oxygen, respectively. These results provide insight into the phytoplankton distribution in relation to water quality in the Han River.

**Corresponding author E-mail:** [kijs@smu.ac.kr](mailto:kijs@smu.ac.kr)

P6-18

## Population genetics and ecological niche modeling of massively emerging burrowing mayfly species, *Ephemera orientalis* (Ephemeroptera: Ephemeridae), in South Korea

Changseob Lim<sup>p1,2</sup>, Ji Hyoun Kang<sup>p2</sup>, Jeong Mi Hwang<sup>2</sup>, and Yeon Jae Bae<sup>c2,3</sup>

<sup>1</sup>Ojeong Resilience Institute, Korea University, Seoul 02841, Korea

<sup>2</sup>Korean Entomological Institute, Korea University, Seoul 02841, Korea

<sup>3</sup>Division of Environmental Science & Ecological Engineering, Korea University, Seoul 02841, Korea

The widespread phenomenon of mayflies mass emergence involves the synchronized appearance of a large number of individuals in specific seasons, often triggered by temperature and photoperiod. A notable example is the burrowing mayfly *Ephemera orientalis* (Ephemeroptera: Ephemeridae), which is widely distributed across South Korea and has become a significant nuisance due to repeated mass emergence in urban areas. In the present study, we investigated the level of genetic diversity and population genetic structures of 18 *E. orientalis* populations to better understand the genetic attributes of mass-emerging populations. Additionally, we performed ecological niche modeling (ENM) using data from National Ecosystem Survey to identify the major environmental drivers to these mass emergence patterns. We indicated that a higher level of genetic diversity in mass-emerging populations, suggesting a larger effective population size ( $N_e$ ) compared to other populations. STRUCTURE analysis revealed only two distinct genetic clusters of *E. orientalis* with significant genetic differentiation within Korea. Our ENM analysis identified key environmental attributes influencing the mass emerging populations. These findings offer valuable insights into the genetic, ecological, and environmental factors that influence mass emergence patterns in the mayfly system.

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

P6-19

## 수변 공간내 농업과 비농업 지역에 서식하는 나비 군집 다양성 비교

조서운<sup>p</sup>, 최세웅<sup>c</sup>

목포대학교 환경교육과 환경생태학실험실

댐의 상류지역은 상수원보호구역으로써 농업활동이 금지되어 있다. 이 연구에서는 농업 활동이 이루어지지 않아 사람의 영향을 적게 받는 댐의 상류지역을 비농업지역, 하류에서 이어져 농업활동이 이루어져 사람의 영향을 많이 받는 지역을 농업 지역으로 설정하였다. 본 연구에서는 2024년 전라남도 댐 유역에서 농업이 이루어지는 지역과 농업이 이루어지지 않는 지역에서 지역별, 계절별 나비 군집 구조를 비교하였다. 조사지점은 장성댐, 나주댐, 동복댐 주변 지류에서 농업이 이루어지는 지점과 비교지점을 선정하였다. 조사는 선조사법을 이용하였으며 2024년 4월부터 9월까지 2주 간격으로 실시하였다. 조사결과 총 33종 1332개체 나비를 확인하였고, 이 중 농업 지역은 27종 569개체, 비농업지역은 31종 763개체가 확인되었다. 조사지역별 및 농업지역과 비농업지역의 종 수( $t = 1.9$ ,  $p = 0.13$ ), 개체 수( $t = 0.6$ ,  $p = 0.59$ )는 통계적으로 유의한 차이가 나타나지 않았으며 군집 구조는 cluster 분석 결과 두 유형간 차이를 나타내지 않았다. 비농업지역에서 가장 많이 개체수가 확인된 종은 남방부전나비(*Zizeeria maha*), 물결나비(*Ypthima multistriata*), 배추흰나비(*Pieris rapae*), 흑백알락나비(*Hestina persimilis*) 순이었으며 농업지역에서 가장 많이 개체수가 확인된 종은 배추흰나비, 노랑나비(*Colias erate*), 남방노랑나비(*Eurema mandarina*), 남방부전나비 순이었다. 이 연구를 통하여 수변 구역 내 농업 및 비농업생태계에 서식하는 나비 군집 구조 다양성 양상을 밝힐 수 있었으며 추후 이들 다양성에 영향을 미치는 요인에 대한 연구가 필요하다고 생각한다.

교신저자 E-mail: choisw@mokpo.ac.kr

P6-20

## Assessment of distribution change under climate change using sensitive index based on slope

Ji Yeon Yun<sup>P1</sup>, Yong Ho Lee<sup>1,2</sup>, Jeon Woo Chan<sup>1</sup>, Koo In Gyeong<sup>1</sup>, Pradeep Adhikari<sup>1</sup>, Anil Poudel<sup>1</sup>, Prabhat Adhikari<sup>1</sup>, and Sun Hee Hong<sup>C1</sup>

<sup>1</sup>Department of Plant Resources and Landscape Architecture, Hankyung National University, Korea

<sup>2</sup>OJeong Resilience Institute, Korea University, Korea

This study derived a ‘Sensitive Index based on Slope’ according to climate change and quantified and expressed changes in potential distribution. The climate change scenarios for this study were SSP2-4.5 and SSP5-8.5. The target species were *Sida rhombifolia* and *Arundo donax*. As a result of modeling analysis using Maxent, the AUC values were 0.853 and 0.877. The future potential distribution of the *Sida rhombifolia* under climate change was found to increase by 2.3 times in the SSP5-8.5 scenario in the 2081~2100s, and the future distribution potential of the *Arundo donax* was found to be distribution potential increased by 1.6 times in the SSP5-8.5 scenario in the 2081~2100s. As a result of evaluating the Sensitive Index based on Slope under climate change, the sensitivity index of the target species for each scenario was found to be approximately 1.7 times higher in SSP5-8.5 than in SSP2-4.5. The sensitivity index was found to be low even though the current potential habitat suitability was high. This means that the distribution pattern of target species in the region may not change significantly depending on the climate change pattern. This results are predicted changes in future potential habitat suitability under climate change and used this to calculate a Sensitive Index based on Slope to quantify the changes.

\*\* This work was funded by Rural Development Administration(RS-2024-00428455).

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



P6-21

## Fish ordination analyses for assessing ecological stream health in relation to chemical water quality and land use patterns

Namsrai Jargal<sup>P</sup> and Kwang-Guk An<sup>C</sup>

Department of Bioscience and Biotechnology, Chungnam National University,  
Daejeon 34134, Korea

Pollution-caused changes in water chemistry and physical habitat alterations severely affect the structure of the freshwater communities in wadeable rivers and streams. This research it is shown that fish community attributes ordination can help to assess the ecological health, more specifically water quality of streams and adjoining land use changes. The attributes employed using non-metric two-dimensional scaling encompassed fish ecological entities and biotic integrity index metrics. Clear differences in the community structure of reference site clusters and disturbed clusters derived from instream chemical pollutants were observed. Site ordinations demonstrated the performance of chemical and land use indicators in reflecting changes in community structure. For example, total phosphorus and electrical conductivity appeared strong and moderate predictors ( $R^2 = 0.68$  and  $0.59$ ) of fish community variations. These were in addition explained along with the effect of pollution more broadly in terms of chemical indicators as assessed by the multi-metric water pollution index.

**Corresponding author E-mail:** [kgan@cnu.ac.kr](mailto:kgan@cnu.ac.kr)

P6-22

## 조림지(Plantation)와 자연림(Natural forest)에 서식하는 나방의 과(Family)별 다양성 비교 연구

박창규<sup>p</sup>, 최세웅<sup>c</sup>

목포대학교 환경교육과 환경생태학실험실

조림지(Plantation)는 인간에 의해 인공적으로 관리되는 숲으로 자연림(Natural forest)에 비해 생물다양성이 떨어진다고 알려져 있다. 곤충(나방)은 높은 종 다양성을 가지고 환경 변화에 민감하게 반응하기 때문에, 생물·생태연구 대상으로 자주 사용된다. 본 연구는 대한민국 서남부 지역인 함평과 나주에서 조림지의 생물다양성 변화를 모니터링 하기 위해 10개 장소에서 나방류 채집을 실시하였다. 조사는 2023년 5, 6, 8, 9월에 각 1회씩 이루어졌으며, 조사지점은 조림 경과 1, 2, 3년 차 조림지 6개 지점과 자연림 4개 지점을 선정하였다. 조사 결과 10개 지점에서 총 20과 449종 3710개체의 나방이 확인되었다. 각 산림별로 자연림에서 17과 277종, 조림지에서 19과 326종으로 나타났으며, 제비나방과 (Uraniidae)는 자연림에서, 판날개뿔나방과(Xyloryctidae), 누에나방과(Bombycidae), 산누에나방과(Saturniidae)는 조림지에서만 확인되었다. 산림별 상위 5종의 우점종은 자연림에서 검은점뿔족명나방, 털뿔가지나방, 세줄꼬마갈고리나방, 두점깨다시짚름나방, 노랑배불나방이며, 조림지에서 검은점뿔족명나방, 검은수중다리나방, 앞무늬들명나방, 뒷흰날개담색밤나방, 두점깨다시짚름나방 순이었다. 이러한 결과를 바탕으로 향후 조림지 선정 및 조림지 관리방안과 산림 해충 관리방안에 있어 중요한 역할을 할 것으로 기대된다.

교신저자 E-mail: choisw@mokpo.ac.kr

P6-23

## 인공 보 기반의 종적연결성 및 생태건강도 평가

조민재<sup>p</sup>, 김지윤, 최혜지, 안광국<sup>c</sup>

충남대학교 생명과학과

본 연구에서는 미호강 지류 하천인 무심천을 대상으로 44개 지점에서 어류 조사, 인공구조물 분석 및 3개 지점에서 이화학적 수질 분석을 통해 하천의 종적 연결성을 평가하였다. 봄과 가을에 어류를 채집하여 지점 간 섭식 길드, 생태 길드, 어류 평가지수를 분석한 결과, 총 33종의 어류가 출현하였으며, 우점종은 피라미(*Zacco platypus*)와 긴물개(*Squalidus gracilis majimae*)로 나타났다. 이화학적 수질 분석 결과, 유기물 오염 지표인 생물학적 산소 요구량(BOD)과 화학적 산소 요구량(COD)의 평균 값은 봄철(장마 전)에 가장 높았고, 가을철(장마 후)에 가장 낮았다. 총 인(TP)과 총유기탄소(TOC) 또한 BOD 및 COD와 유사한 경향을 보였다. 지점별 어류 조성을 바탕으로 한 계층적 군집분석에서는 상류, 중류, 하류의 3개 그룹으로 구분되었으며, 어류 상대풍부도 기반 NMDS 분석 결과, S1-S5 지점 간 유사도가 높게 나타나 계층적 군집분석 결과와 일치하였다. 어류 생태 길드 분석결과 상류 지점에서 충식종과 민감종의 비율이 높았으며, 중류와 하류 지점에서는 잡식종과 중간종의 비율이 높게 나타났다. 보의 수리학적 특성을 바탕으로 종적 연결성을 평가한 결과, 봄철 S15 지점을 제외한 모든 보에서 종적 연결성이 단절된 것으로 나타났다. 어류 기반 생태 건강성 평가 지수(FAI)와 인공구조물 특성 간 상관관계 분석에서는 Hu1(Sp)에서 유의한 양의 상관관계가 확인되었다. 본 연구는 보 구조물로 인해 종적 연결성이 단절됨을 보여주었으며, 이는 하천 건강 평가 및 관리 방안 마련에 중요한 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 사료된다.

교신저자 E-mail: kgan@cnu.ac.kr

P6-24

## Quantifying diatom community dynamics to unveil the pollution-disturbance nexus in Korean streams

Byeong-Hun Han<sup>P1</sup>, In-Hwan Cho<sup>2</sup>, Hyo-Gyeom Kim<sup>3</sup>, and Baik-Ho Kim<sup>C1,4</sup>

<sup>1</sup>Department Environmental Sciences, Hanyang University, Seoul 04763, Korea

<sup>2</sup>Migang E&C Co., LTD., Gyeonggi 14057, Korea

<sup>3</sup>Future and Fusion Lab of Architectural, Civil and Environmental Engineering, Korea University, Seoul 02841, Korea

<sup>4</sup>Department of Life Science, Hanyang University, Seoul 04763, Korea

This study analyzed the temporal and spatial dynamics of benthic diatom communities in major streams across Korea from 2013 to 2015 to assess the ecological impacts of environmental variables. Samples were collected from 457 sites in both spring and autumn. Environmental factors, including habitat conditions, land use, and water quality, were measured at each site. To quantify community dynamics, four dimensionality reduction techniques (PCA, NMDS, UMAP, t-SNE) were applied to the biological data. The Community Dynamics Index (CDI) was calculated as the average Euclidean distance between consecutive coordinates for each site on the ordination plot. Diatom biomass-based community composition reveals that Korean streams could be classified into seven subgroups, strongly reflecting regionality. A clear distinction was observed between clean and polluted conditions, with notable differences in species distribution between the lower Han and Yeongsan Rivers, both polluted. CDI values were generally higher in impaired groups, which reflects the interconnected nature of impairment and disturbance in ecological health. These findings offer critical insights for stream ecosystem management and conservation.

**Corresponding author E-mail:** tigerk@hanyang.ac.kr

P6-25

## Comparative study on astaxanthin synthesis between two variants of *Haematococcus lacustris*

Gueeda Kim<sup>1</sup> and EonSeon Jin<sup>pc1,2</sup>

<sup>1</sup>Department of Environmental Science, Hanyang University, Seoul, Korea

<sup>2</sup>Department of Life Science, Hanyang University, Seoul, Korea

A new *Haematococcus* strain, identified as *H. lacustris* HR, was isolated from the Hantan River in South Korea and compared with the existing strain, *H. lacustris* 2505. To distinguish and compare the new strain with the deposited *H. lacustris* 2505, a phylogenetic analysis was conducted along with the examination of physiological characteristics, including photosynthesis, photosynthetic pigments, and astaxanthin levels. Microscopic images of both strains were also compared. Notably, *H. lacustris* HR accumulated more astaxanthin than *H. pluvialis* in various media, even under low light conditions. Optimal growth was achieved when cells were cultured in High Salt Medium (HSM) with 2% CO<sub>2</sub>, leading to a threefold increase in cell numbers within 7 days. In the absence of a carbon source, biomass did not double. This cultivation method resulted in approximately a 30-fold increase in astaxanthin concentration within 7 days. Photosynthetic parameter studies indicated that the HR strain had superior photosynthetic performance under stress conditions. These findings highlight significant physiological differences due to genetic variations, warranting further investigation.

**Corresponding author E-mail:** esjin@hanyang.ac.kr

P6-26

## The impact of environmental factors on stream food web recovery in the short and long term

Minyoung Lee<sup>p1</sup>, Dougu Nam<sup>1</sup>, and Kijong Cho<sup>c2</sup>

<sup>1</sup>Department of Biological Sciences, Ulsan National Institutes of Science and Technology (UNIST), Ulsan, 44919, Republic of Korea

<sup>2</sup>Department of Environmental Science and Ecological Engineering, Korea University, Seoul 02841, Republic of Korea

Understanding the ecological impacts of stream restoration remains challenging. Ecosystem restoration is a gradual process, and the results of stream restoration need to be understood in the long term. This study analyzed the complex effects of physicochemical factors and changes in biological communities in restored streams on food web recovery using 10-year monitoring data of Cheonggyecheon. To test the long-term recovery, we performed time-series analysis on physicochemical factors, biological community indices, and food web indices, respectively, and analyzed correlations among their trends. The short-term fluctuation of food web indices with no trend was analyzed using a generalized additive mixed model. The results showed that changes in benthic macroinvertebrate communities increased the complexity of the food web in the long term while, in the short term, both benthic macroinvertebrate and fish communities, dissolved oxygen, total nitrogen, and total phosphorus had a complex effect on food web complexity, and pH and temperature affected a food web link arrangement. At the community level, no long-term recovery was detected, but some was evident at the food web level. The consequences of restoration can vary in the short and long term. We suggest that the ecological consequences of restoration can be explained by the complex effects of physicochemical and biological factors.

**Corresponding author E-mail:** [kjcho@korea.ac.kr](mailto:kjcho@korea.ac.kr)

P6-27

## Bacterial communities in three true bug species across different habitat types

Jae Yeon Kang<sup>P</sup> and Soyeon Park<sup>C</sup>

Division of Ecological Application Research, National Institute of Ecology,  
Seocheon 33657, Korea

This study investigated the relationship between habitat characteristics and bacterial community diversity and composition in three Korean true bug species: *Pachygrontha antennata*, *Metcalfa pruinosa*, and *Ricania sublimata*. A cluster analysis based on land cover characteristics classified 14 study sites into three distinct habitat types: urban, forest, and agricultural areas. Significant differences in grass, arbor, and canopy cover were observed among these habitat types. Furthermore, *P. antennata* was primarily found in grass, *M. pruinosa* in arbor, and *R. sublimata* in shrub habitats. Bacterial community analysis revealed that *Paraburkholderia* and *Caballeronia* were the dominant genera associated with *P. antennata*, while *Asaia* was prevalent in both *M. pruinosa* and *R. sublimata*. Additionally, each insect species harbored unique bacterial taxa associated with specific habitat types. These results suggest that both insect host and habitat environment play a crucial role in shaping the structure and composition of associated bacterial communities.

**Corresponding author E-mail:** soyeon@nie.re.kr

P7-01

## 김어리톡토기 이용 독성평가 내 인공지능기반 통합 계수법 개발

전이현<sup>1</sup>, 김민경<sup>2</sup>, 최대진<sup>2</sup>, 조아정<sup>1</sup>, 김정우<sup>1</sup>, 배현빈<sup>1</sup>, 이윤식<sup>1</sup>

<sup>1</sup>부산대학교 생물교육과

<sup>2</sup>인천대학교 컴퓨터공학부

톡토기(Collembola)는 토양 생태계에서 중요한 역할을 하며, 토양 독성평가에서 주로 사용되는 표준종이다. 국제 표준화 기구(ISO)의 ISO 11267 가이드라인에 따라 *Allonychiurus kimi*는 성충 생존율과 유충 생산량을 주요 독성평가 종말점(endpoint)으로 사용한다. 기존의 독성평가 방법은 실험 종료 후 현미경을 통해 성충과 유충의 수를 수동으로 계수하는 방식으로, 많은 시간과 인력이 소요되는 단점이 있다. 본 연구는 이러한 한계를 해결하기 위해 YOLO 기반의 객체탐지 모델을 활용하여 성충과 유충을 자동으로 탐지 및 계수하는 방법을 개발하였다. 비소 농도를 0, 15, 53, 120 mg kg<sup>-1</sup>으로 설정하여 28일간 노출 실험을 진행한 후, 일정한 조건에서 촬영한 이미지를 통해 성충과 유충의 개체수를 자동 계수하였다. 그 결과, 성충의 경우 100%의 정확도로 수동 계수와 일치하였으며, 유충은 80% 이상의 정확도를 보였다. 본 연구는 독성평가에서 인공지능 기반 계수법이 기존의 수동 계수법을 대체할 수 있을 만큼 높은 정확도와 효율성을 제공함을 입증하였다. 이를 통해 연구자의 작업 부담을 줄이고 독성평가의 신속성과 일관성을 향상시킬 수 있을 것으로 기대된다.

교신저자 E-mail: yunsiklee@pusan.ac.kr



P7-02

## Influence of arsenic and imidacloprid on *Allonychiurus kimi* (Collembola) microbiota through interactions with soil Microbiota

Taewoo Kim<sup>P1</sup>, June Wee<sup>2</sup>, Yun-Sik Lee<sup>3</sup>, Jinsol Hong<sup>4</sup>, and Kijong Cho<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>Department of Environmental Science & Ecological Engineering, Korea University, Seoul 02841, Korea

<sup>2</sup>Department of Applied Biology, Chungnam National University, Daejeon 34134, Korea

<sup>3</sup>Department of Biology Education, College of Education, Pusan National University, Busan 46241, Korea

<sup>4</sup>O-Jeong Eco-Resilience Institute, Korea University, Seoul 02841, Korea

The microbial community of soil fauna plays a key role in host health and responds sensitively to environmental pollutants. Collembola, soil-dwelling arthropods that act as decomposers, are commonly used as ecotoxicological test animals. Although Collembola are closely associated with soil microbiota, the effects of pollutant on Collembola microbiota through interactions with soil microbiota remain largely unknown. In this study, we examined the relationship between soil and *Allonychiurus kimi* (Collembola) microbiota and investigated how exposure to pollutants affects *A. kimi* microbiota through these interactions. *A. kimi* were exposed to low and high concentrations of arsenic and imidacloprid in autoclaved and non-autoclaved soils. Exposure to pollutants resulted in significant changes in the composition of both soil and *A. kimi* microbiota. Arsenic increased *Sphingomonas* in the *A. kimi* microbiota shared with the soil, while imidacloprid increased *Lysobacter* and Pir4 lineage in the shared microbiota. However, neither pollutant showed significant differences in the non-shared microbiota. Our results suggest that the changes in *A. kimi* microbiota induced by pollutants are significantly influenced by interactions with soil microbiota.

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

P8-01

## Preclinical and clinical trial evaluation support the anti-obesity effects of nectandrin B-enriched nutmeg seed extract

Hea-Jong Chung<sup>1</sup>, Bongjin Jeong<sup>p2</sup>, Kun Cho<sup>2</sup>, Je-Ho Lee<sup>3</sup>, and Jong-Soon Choi<sup>c2</sup>

<sup>1</sup>Gwangju Center, Korea Basic Science Institute (KBSI), Gwangju 61751, Korea

<sup>2</sup>Digital Omics Research Center, Korea Basic Science Institute (KBSI),  
Daejeon 34133, Korea

<sup>3</sup>DAEHAN Cell Pharm INC, Guri 11210, Korea

Lignan-enriched nutmeg extract (NNX) has been reported to inhibit fat synthesis genes and transcription factors in mouse adipocytes. While nectandrin B, a key lignan in nutmeg seeds, is known for its anti-aging, anti-diabetic, and anti-obesity effects, preclinical and clinical results have not been fully explored. In this study, NNX was tested on human adipocytes during differentiation, measuring obesity-related genes and regulators. In obese mice induced by a high-fat diet, NNX significantly reduced weight gain, blood glucose, triglycerides, total cholesterol, and LDL levels, with DEXA body composition analysis confirming its anti-obesity effects. A randomized, double-blind, parallel clinical trial gave participants either 600 mg of NNX or a placebo daily for eight weeks. Results showed significant reductions in fat content, lean mass, and the fat-to-lean mass ratio, especially in those aged 50 and above. Additionally, a notable decrease in maximum heart rate was observed in the NNX group. This study provides strong evidence of NNX's anti-obesity effects, highlighting its potential as a natural anti-obesity agent in both preclinical and clinical contexts.

\*\* This study was financially supported by KBSI grant (A439111) to JS. Choi.

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

P8-02

## Prussian blue nanoparticle-based colorimetric sensor for early detection of solid tumor biomarkers

GyuRi Kim<sup>p1,2</sup>, Bongjin Jeong<sup>1</sup>, MinA Shin<sup>1</sup>, and Jong-Soon Choi<sup>c1,2</sup>

<sup>1</sup>Digital Omics Research Center, Korea Basic Science Institute (KBSI),  
Daejeon 34133, Korea

<sup>2</sup>Graduate School of Analytical Science and Technology, Chungnam  
National University, Daejeon 34131, Korea

Early detection of cancer is crucial for improving treatment outcomes and patient survival rates. To achieve this, diagnostic methods with high sensitivity, specificity, and the ability to detect multiple biomarkers simultaneously are essential. Here, we present the development of a Prussian Blue Nanoparticle (PBNP)-antibody complex-based nanosensor that utilizes colorimetric changes for the detection of early-stage cancer biomarkers. The proposed sensor functions by introducing hydrogen peroxide and 3,3',5,5'-tetramethylbenzidine (TMB), with PBNPs serving as peroxidase mimics to catalyze TMB oxidation. This reaction induces a visible color change, allowing for straightforward and rapid visual detection of target cancer biomarkers. This approach provides a simple and quick visual indication of the presence of cancer biomarkers. The PBNP-based nanosensor demonstrates the capability to detect a variety of biomarkers associated with solid tumors, offering the dual benefit of qualitative optical analysis. Its low cost, portability, and ease of use make the PBNP-based nanosensor a particularly promising tool for early cancer diagnosis in resource-limited settings.

\*\* This study was financially supported by KBSI grant (A439111) to JS. Choi.

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

P9-01

## Biomimicry research on boring mechanism in *Barnea manilensis*

Ji Yeong Kim<sup>p1,2</sup> and Baek-Jun Kim<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>Ecological Technology Research Team, National Institute of Ecology, Seocheon 33657, Korea

<sup>2</sup>Division Department of Biological Sciences, Chonnam National University,  
Gwangju, 61186, Korea

*Barnea manilensis* is a representative species of the Pholadidae family, known for its ability to bore into rocks and live within them. As the organism grows, it burrows deeper and widens the hole, but the exact mechanism by which it bores into rock remains largely unknown. This study analyzed the boring function of *B. manilensis* using specimens collected from Anmyeon-do, Taean, through microscopic structural analysis, 3D modeling, and simulation. The shell of *B. manilensis* is teardrop-shaped, with the anterior part responsible for boring being approximately 360  $\mu\text{m}$  thick, about 100  $\mu\text{m}$  thicker than the posterior part. Additionally, a 380  $\mu\text{m}$  ridge-like protrusion, resembling a plow, was observed exclusively on the front of the shell. The 3D model was created using measurements from microscopic observations, and the simulation was set up to allow the *B. manilensis* model to rotate at a speed of 60° per second, rotating 30° to the left and 60° to the right, achieving a full 360° rotation. The simulation results revealed that stress was concentrated only on the protrusion at the front of the shell, and that by rotating 360°, *B. manilensis* creates a circular borehole, rather than one shaped like its shell. This study on the boring mechanism of *B. manilensis* provides foundational data for designing efficient rock-drilling bits.

**Corresponding author E-mail:** naturalist71@nie.re.kr

P9-02

## The filter development of environmental pollution reduction inspired on gill property

Won Jun Lee<sup>PC</sup>

Department of Ecological Technology Research, National Institute of Ecology, Korea

Fish receive sufficient oxygen to exchanged efficient gas in their gills breathing. The gills did absorb to need ingredients by themselves and block impurities. It regarded to the most important function that impurities filtrated and oxygen and carbon dioxide are exchanged. In this study, we develop more efficient filter techniques inspired by gill characteristics. The subject of analysis was selected as filter-feeding *Carassius auratus*. The structures of the mouth and gills were measured with a stereoscopic microscope, a low vacuum scanning electron microscope, and an optical microscope. 3D modeling of fish gill was used for Fusion 360. Flow analysis was used by FloEFD. In the mouth of a fish, as the impurity / water flows parallel to the hydrophilic membrane surface, water is efficiently passed through between two gill arch, while impurity was filtered on gill raker, transported, and finally collected for storage. The flow of water was controlled by securing a large surface area for effectively dispersing the pressure. It responds flexibly to external factors and secures contact time by transforming the structure into a cage type. The efficient and continuous filtration function of gills is very promising in solving air and water pollution problems.

**Corresponding author E-mail:** [cleanlwj@nie.re.kr](mailto:cleanlwj@nie.re.kr)

P9-03

## 엽록소 형광반응(OJIP)과 다분광 드론 이미지를 활용한 시화 간척지 내 케나프(*Hibiscus cannabinus* L.) 재배 적응성 연구

윤택진<sup>1</sup>, 황예빈<sup>1</sup>, 서지영<sup>1</sup>, 유성영<sup>2</sup>, 김태완<sup>c1,2</sup>

<sup>1</sup>한경국립대학교 식물자원조경학과

<sup>2</sup>한경국립대학교 식물생태화학연구소

최근 각 국가별로 지구 온난화에 대응하기 위해 2050년까지의 온실가스 감축 목표를 제시하고 있으며, 우리나라는 농업분야에서 탄소중립(Net Zero) 달성을 위해 2018년 대비 37.7% 감축을 목표로하고 있다. 케나프(*Hibiscus cannabinus* L.)는 일반작물에 비해 단위 면적당 생산량( $\geq 120$ 톤/ha)이 높고 CO<sub>2</sub> 흡수율이 5배 이상되는 대표적인 탄소중립 식물로서 토양 염농도 4.2 dS/m 이하 조건에서 전작포 수량의 80% 이상 수확이 가능한 내염성 작물이다. 케나프의 경제적 및 환경적 가치가 높아짐에 따라 온실가스 배출량 감축을 목표로하는 국가 및 기업에서 다양한 연구가 진행되고 있다. 본 연구는 간척지에서 케나프 대량 재배시 적합한 재식밀도 선정을 목표로 경기도 화성시 시화 간척지구 내 한경국립대학교 시험 포장에서 생장 및 광합성 특성을 분석하였다. 케나프(EL1)는 대조구60cm×12cm(가로×세로)와 2개의 밀식처리구(30cm×12cm, 20cm×12cm)로 구분하여 2024년 6월에 각각 파종하였으며, 케나프 출현 후 30일 간격으로 엽록소 형광 분석 및 분광 이미지 분석을 실시하였다. 엽록소 형광반응은 Chlorophyll fluorescence meter를 이용하여 완전히 전개된 잎을 대상으로 4반복 측정하여 JIP-Test를 통해 광화학적 에너지 전환효율을 평가하였고, 분광 이미지는 다분광 드론을 사용하여 처리구 별 12m 높이에서 수집하였다. 수집된 이미지는 R Studio 및 QGIS 프로그램을 통해 전처리 후 정규화 식생지수(NDVI)를 산출하였다. 재식밀도에 따른 케나프의 엽록소 형광반응분석 결과 대조구 대비 밀식 처리구에서 광합성계 I의 전자 전달 에너지 효율(RE1o)이 약 32% 증가하였으며 광에너지 전환 효율(PI, DF) 또한 각각 22%, 84% 증가(p>0.05)한 것으로 확인되었다. NDVI의 경우 엽록소형광반응 분석결과와 유사하게 밀식 처리구가 약 12% 이상 높았다. 따라서 간척지 재배 케나프는 밀식재배 시 광이용 효율 및 식생지수가 높아 대량재배를 통해 농업분야 탄소감축 목표 달성에 기여할 수 있을 것으로 사료된다.

\*\* 본 결과물은 농림축산식품부의 재원으로 농림식품기술기획평가원의 농식품과학기술융합형연구인력양성사업(RS-2024-00400922)의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: taewkim@hknu.ac.kr

P9-04

## Development of a growth accelerating bioprocess strategy in *Melosira nummuloides* to promote the production of intracellular functional materials (silicon and fucoxanthin)

Nam-Ho Lee<sup>P1,4</sup>, Gyung-Min Go<sup>4</sup>, and Sang-Ah Lee<sup>c1,2,3</sup>

<sup>1</sup>Faculty of Biotechnology, College of Applied Life Sciences, Jeju National University, 102 Jejudaehak-Ro, Jeju, 63243, Republic of Korea

<sup>2</sup>Interdisciplinary Graduate Program in Advanced Convergence Technology and Science, Jeju National University, Jeju 63243, Korea

<sup>3</sup>Bio-Health Materials Core-Facility Center, Jeju National University, 102 Jejudaehak-ro, Jeju 63243, Republic of Korea

<sup>4</sup>2JDK Bio, Jeju 63296, Republic of Korea

*Melosira nummuloides*, a species of diatom, holds significant potential for antioxidant production and as a raw material source for industrial silicon due to its promising characteristics as a microalga. However, the commercialization of this microalga is often hindered by several factors. First, optimized culture conditions have not been thoroughly studied; second, its growth rate is insufficient for industrial applications. To address these challenges, this study employed a step-by-step approach, integrating connectable bioprocess engineering. The initial step involved developing an optimized medium with an N/P/Si ratio aligned with the algal intracellular N/P/Si ratio. The second step was optimizing the culture process by comparing the yield of intracellular functional substances, including silicon and fucoxanthin, in a standard F/2 medium versus the optimized medium. The findings are expected to positively impact the industrial use of *Melosira nummuloides*.

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

P9-05

## Dynamic bacterial community shifts in response to *Haematococcus lacustris* growth during the red mature cyst stage

Mehwish Taj<sup>p2</sup>, Ve Van Le<sup>1</sup>, Ji Eun Jeong<sup>1</sup>, Man-Young Jung<sup>1,2,3,4</sup>, and Sang-Ah Lee<sup>c1,2,3</sup>

<sup>1</sup>Faculty of Biotechnology, College of Applied Life Sciences, Jeju National University, 102 Jejudaehak-Ro, Jeju, 63243, Republic of Korea

<sup>2</sup>Interdisciplinary Graduate Program in Advanced Convergence Technology and Science, Jeju National University, Jeju 63243, Korea

<sup>3</sup>Bio-Health Materials Core-Facility Center, Jeju National University, 102 Jejudaehak-ro, Jeju 63243, Republic of Korea

<sup>4</sup>Department of Biology Education, Jeju National University, Jeju 63243, Korea

*Haematococcus lacustris* is an important natural source of astaxanthin, attracting interest from the pharmaceutical and nutraceutical industries. However, its slow growth poses challenges for commercial astaxanthin production. The bacterial communities associated with *H. lacustris* can impact its biomass yield and the production of value-added compounds. This study used metagenomic 16S rRNA amplicon sequencing to investigate bacterial community dynamics and explore potential host-microbiome interactions that could enhance *H. lacustris* growth. At the start of the study, significant variations were observed in the composition of microalgae-attached, particle-attached, and free-living bacterial communities associated with *H. lacustris*. During the red mature cyst stage, all bacterial communities experienced shifts. Specifically, the dominant genus in the microalgae-attached and particle-attached communities changed from *Massilia* to *Sphingomonas*, while *Sphingomonas* species consistently dominated the free-living communities. Functional predictions suggested that these bacterial communities might provide auxin, vitamins, and heme to support the growth of *H. lacustris*. Based on network analysis, ASVs belonging to the genus *Sphingomonas* were identified as key players in regulating the growth of *H. lacustris*. Overall, these findings underscore the crucial role of the phycosphere microbiome in supporting the growth of *H. lacustris*.

**Corresponding authors E-mail:** leesa@jejunu.ac.kr



P9-06

## Screening of PHA(polyhydroxyalkanoates)-producing freshwater microalgae and development of cultivation techniques

Suk Min Yun<sup>P1</sup>, Seung Hwan Lee<sup>2</sup>, Young Hoon Cho<sup>2</sup>, Seong-Joo Hong<sup>3</sup>, Huisoo Jang<sup>4</sup>, Hyun-Jin Jang<sup>5</sup>, Seonghyeon Gim<sup>6</sup>, Daeryul Kwon<sup>1</sup>, Su-Bin Park<sup>1</sup>, and Chang Soo Lee<sup>C1</sup>

<sup>1</sup>Biological Resources Research Department, Nakdonggang National Institute of Biological Resources, Sangju-si 37242, Republic of Korea

<sup>2</sup>Department Biotechnology and Bioengineering, Chonnam National University, Gwangju 61186, Republic of Korea

<sup>3</sup>Industry-Academia Interactive R&E Center for Bioprocess Innovation, Inha University, Incheon 22212, Republic of Korea

<sup>4</sup>Industrial Science and Technology Research Institute, Inha University, Incheon, 22212, Republic of Korea

<sup>5</sup>Department of Food Science and Nutrition, Jeju National University, Jeju, Republic of Korea

<sup>6</sup>Ocean Environment Research, Kunsan-si, Jeollabuk-do, 54133, Republic of Korea

Bioplastics are a type of plastic derived from renewable biomass sources such as vegetable oil, corn starch, and pea starch. Bioplastics offer the advantages of conserving fossil resources and reducing CO<sub>2</sub> emissions, and they are considered a promising option for sustainable development. Microalgae are primary producers in aquatic ecosystems that perform photosynthesis. They play ecologically and economically important roles, providing biomass that can be used for food, soil additives, animal feed, and nutritional supplements. This study aims to identify and screen freshwater microalgae for the production of polyhydroxyalkanoates (PHA), which are used in environmentally friendly biodegradable bioplastics. Additionally, the goal is to develop high-density cultivation technology using microalgae that produce PHA. To evaluate the potential for PHA production, biological information such as microalgae species, cultivation conditions, and collection sites was gathered. The size distribution of cells and growth rates under different temperatures and light intensities were compared using eight cultures. Most microalgae had a size of about 3–4 μm. Cell morphology and size varied, even within the same species, highlighting the need to develop optimized cultivation conditions. While the optimal cultivation temperature varied by species, most showed proportional growth up to 25–30°C, but growth rates decreased or cells died at temperatures above 30°C. In light intensity experiments, growth rates increased proportionally up to 300 μE/m<sup>2</sup>/s, but most microalgae experienced inhibited growth at higher light intensities. Based on a comprehensive analysis of these results, the three strains with the best growth performance among the eight cultures were identified as *Tetradesmus bajacaliformicus* KGP-10, KGH-3-2, and *Micractinium* sp.4 KGP-12. Currently, research is being conducted to optimize cultivation conditions and improve productivity using the selected microalgae.

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

**P9-07**

## Seasonal dynamics of blue-green algal taxa in relation to nutrients, nutrient (TN: TP) ratio, and light availability in an intake tower

Thet Thet Khaing<sup>p1</sup> and Kwang-Guk-An<sup>c2</sup>

Department of Bioscience and Biotechnology, Chungnam national University,  
Daejeon, South Korea.

Cyanobacteria blooms pose a significant environmental threat due to their toxicity and impact on drinking water. This study aimed to identify factors contributing to toxic blue-green algae (BGA) blooms in the reservoir and their relationship with the nutrients, nutrients (TN: TP) ratio, light, and algal chlorophyll-a. A 6-year monthly dataset from the reservoir's intake tower was analyzed using seasonal dynamics and non-metric multidimensional scaling (NMDS). Seasonal analysis showed increased BGA taxa and Chl-a during monsoon (July-August) and post-monsoon (September-December). Higher concentration of BGA and Chl-a were linked to increased TP, turbidity, and low TN: TP ratios during the post-monsoon period. NMDS and Kruskal-Wallis tests highlighted the relationships between water quality variables and BGA taxa. Empirical models indicated that TP, turbidity, and the summer monsoon significantly affected algal biomass. These findings emphasize the need for effective water quality management strategies to control BGA proliferation.

**Corresponding author E-mail:** [kgan@cnu.ac.kr](mailto:kgan@cnu.ac.kr)

P9-08

## Heterotrophic production of poly-3-hydroxybutyrate using newly screened cyanobacteria

Young Hoon Cho<sup>P1</sup>, Suk Min Yun<sup>2</sup>, Chang Soo Lee<sup>2</sup>, Su-Bin Park<sup>2</sup>,  
and Seung Hwan Lee<sup>C1</sup>

<sup>1</sup>Department Biotechnology and Bioengineering, Chonnam National University, Gwangju 61186, Republic of Korea

<sup>2</sup>Biological Resources Research Department, Nakdonggang National Institute of Biological Resources, Sangju-si 37242, Republic of Korea

Poly-3-hydroxybutyrate (PHB) is a biopolymer synthesized and stored intracellularly by various microorganisms as a carbon and energy reserve in environments rich in carbon sources. Due to its excellent biodegradability and biocompatibility, PHB has emerged as a promising alternative to conventional plastics in commercial applications. Notably, PHB produced by cyanobacteria exhibits superior properties compared to that produced by heterotrophic microorganisms, including higher melting temperatures, increased crystallinity, and greater elongation at break. However, most cyanobacteria produce only small amounts of PHB when utilizing CO<sub>2</sub> as their sole carbon source. In this study, we aimed to develop heterotrophic strains with high PHB production yields by culturing two species of cyanobacteria, *Microcystis aeruginosa* and *Pseudanabaena amphigranulata*, obtained from the Nakdonggang National Institute of Biological Resources (NNIBR) under conditions utilizing organic carbon sources. Under conditions supplemented with organic carbon sources, these species produced PHB at levels of 25.8% and 28.1% (w/w of dry cells), respectively. In contrast, when grown under natural conditions, PHB production was significantly lower, at 3.3% and 1.5% (w/w of dry cells), respectively. The findings from this study highlight the potential for achieving high PHB production yields by introducing PHA synthesis genes from cyanobacteria into heterotrophic organisms.

**Corresponding author E-mail:** leesh@chonnam.ac.kr

P9-09

## QGIS를 이용한 영산강 제8하중도의 물리적 변화 분석

박범석<sup>PC</sup>

(주)한국미세플라스틱연구원

본 연구에서는 QGIS를 이용하여 2002년부터 2021년까지의 영산강 제8하중도에 대한 물리적 변화를 분석하기 위해 제8하중도의 면적 및 중심점 이동분석을 실시하였다. 국토지리정보원에서 제공하는 항공사진을 이용하여 분석을 실시하였고, 제8하중도의 면적 산출 기준은 광주 제1하수처리장 간이방류수부터 광주 제1하수처리장 방류지점 사이에 존재하는 하중도의 면적으로 산정하였으며, 중심점 이동분석은 QGIS의 폴리곤 벡터-Feature to point 방식을 이용하여 하중도의 중심점을 추출하였다. 제8하중도의 연도별 면적 변화 분석 결과 2002년부터 최근까지 20년간 매년 10~20 % 증가하였으며, 특히 2011년 면적인 38,314 m<sup>2</sup>와 비교하여 2015년은 2.1배 이상 증가한 82,861 m<sup>2</sup>로 확인되었다. 참고로, 2010년도에 없던 광주하수처리장 방류수 방류지점이 2011년도부터 발견된 것을 추가로 확인하였으며, 이로 인해 하중도의 면적이 증가되었음을 유추할 수 있었다. 중심점 이동 분석 결과 제8하중도는 대체로 유수 흐름을 따라, 상류부는 침식이 우세하게 나타나고, 하류부는 침식·퇴적되어 이동하고 있으며, 일부는 성장방향이 하안으로 향하는 것을 확인하였다. 2002년도부터 2011년까지 중심점개수는 평균 19개, 최대 22개, 최소 13개를 형성하였으며, 2012년도부터 2021년도 최근까지는 평균 26개, 최대 26개, 최소 7개의 중심점을 형성하였다. 중심점 개수는 지속적인 증가와 감속을 이어오면서, 2014년도부터는 감소한 것을 볼 수 있었으며, 이는 제8하중도 하류의 유속 감소 등 하천 환경의 변화에 따라 하중도 간에 서로 합쳐지면서 면적은 증가하고 중심점 개수는 줄어든 것으로 판단되었다. 본 연구는 추후 제8하중도의 물리적 변화가 영산강 수질에 미치는 영향을 확인하는 좋은 기초 자료로 사용될 수 있을 것으로 판단된다.

\*\* 본 연구는 영산강·섬진강수계관리위원회 환경기초조사사업의 지원을 받아 수행되었습니다.

교신저자 E-mail: hotduck13@naver.com

P9-10

## Phase shift in the sustainability of rice cropping systems in South Korea: An emergy analysis from 2003 to 2021

Yongeun Kim<sup>p1</sup> and Kijong Cho<sup>c2</sup>

<sup>1</sup>Ojeong Resilience Institute, Korea University, Seoul 02841, Korea

<sup>2</sup>Division of Environmental Science & Ecological Engineering, Korea University, Seoul 02841, Korea

As the negative impacts of excessive material and energy intensification to increase rice yield become more apparent, sustainable intensification has gained attention as a crucial goal for rice agriculture. This study aimed to provide a comprehensive understanding of the changes in the sustainability of South Korea's RCS from 2003 to 2021 through emergy approach. Our results showed that the sustainability of the RCS exhibited a distinct phase shift, with the emergy sustainability index (ESI) increasing from 0.093 to 0.164 during phase I (2003–2013) and then declining to 0.147 during phase II (2014–2021). This phase shift was primarily driven by an increase in the proportion of compound fertilizers within anthropogenic emergy sources (F), which rose from 37.1% in 2003 to 57.9% in 2021. Additionally, phase II demonstrated a strong decoupling between emergy inputs and value-added production, with excessive reliance on F relative to labor identified as a driving factor in the decline of sustainability. These results indicate that the RCS has shifted towards improving economic productivity driven by anthropogenic resource inputs.

**Corresponding author E-mail:** [kjcho@korea.ac.kr](mailto:kjcho@korea.ac.kr)

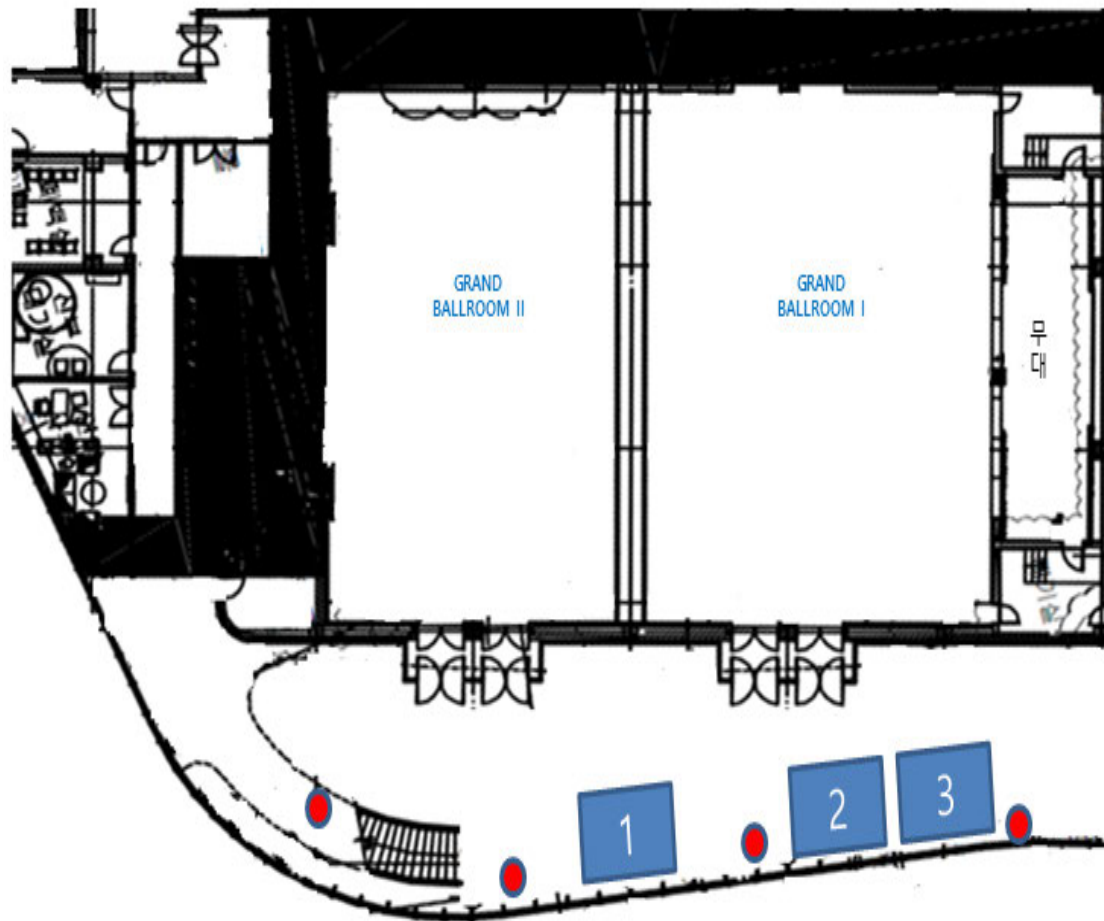
## 전시 부스(Exhibition)

### ■ Exhibition

일 자 : 2024. 10. 16.(수) ~ 10. 18.(금)

장 소 : 소노캄여수 1층 로비

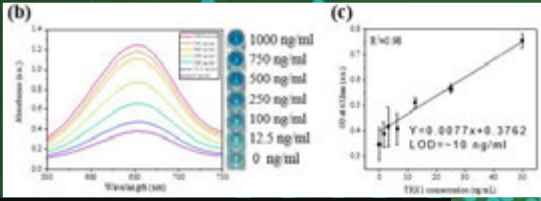
### ■ Booth Layout



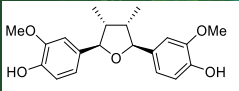
### ■ Booth No. Exhibitors

Booth No.	Exhibitors
1	한국해양과학기술원
2	국립생태원
3	국립해양생물자원관/(주)마린엑트

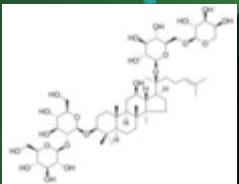
# 생물재난분석기술 개발사업 연구성과 ('22~'24)



**PBNP 광학센서 유방암 Trx1 검출  
Biosensors (ICR 20%) '24 발표**



**리그난 Nec.B의 근감소  
KBSI 학술지 JAST '23 발표**



**사포닌 Rb2의 역노화  
자가포식 기작 규명  
JGR (ICR 2%) '23 발표**

**바이오소재  
활용성 증대**

*Bio-Disaster Analytical Science  
Korea Basic Science Institute*



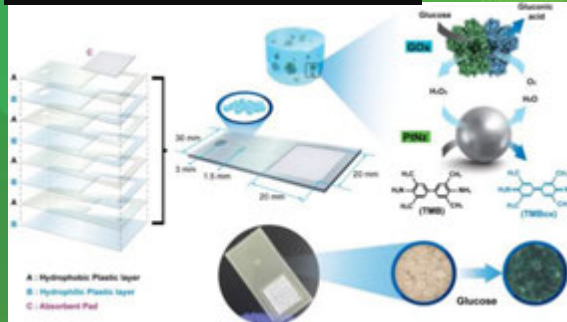
**코로나가글키트(매경 등 137건 보도)  
학술지 Microbiol Spectr (ICR 10%) '22 발표**



**'22 문체부 순수과학  
분야 우수도서 선정**

**'22 국가연구개발 100선 선정**

**당뇨 검출 POC 개발  
유수지 Sens Act-B '22 발표**



생활환경 및 의료현안 해결기술 개발  
과학기술 트렌드 이슈 선제대응형 분석과학  
**'생물재난분석기술'** 개발로 대응분석체계 확립

- 천연물 유래 국민건강 생물소재(사포닌, 리그난) 개발
- 생물재난대응 신속 검출(당뇨, 슈퍼박테리아) POC 개발
- 코로나19 구강 검출법 및 항바이러스 소재 개발
- 산·연 공동개발, 질병(유방암) 고감도진단 센서 개발



**한국환경생물학회**  
Korean Society of Environmental Biology