

The value of pollen morphological characters for taxonomic purpose is also briefly discussed.- (Supported by a grant KRF 2000-041-D00254)

A218 Pollen morphology of the Thymelaeaceae in Korea

Eun-Hee Jung¹ and Suk-Pyo Hong

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

The pollen grains of four Korean genera (*Daphne* L., *Edgeworthia* Meisn., *Wikstroemia* Endl. and *Stellera* L.) in the family Thymelaeaceae were investigated with light and scanning electron microscopy. All studied taxa have monad, spheroidal, pantoporate grains with a typical crontonoid tectum comprising rings of more or less trihedral sexine units. Each triangular subunit is topped by a single microspinule, and the surface pattern is psilate. In *Daphne*, the basic subunit is triangular in shape and forms a separated triangular array, while in the remnant three genera it is continuously formed. The size of grains (11.3-60.0 μ m) are varied from small (*Stellera*) through medium (*Daphne*, *Wikstroemia*) to large (in *Edgeworthia*). The sexine is usually two to four times thicker than that of nexine. Taxonomic implication of the pollen data for the Korean Thymelaeaceae is also shortly discussed. - (Supported by a grant from 'Flora of Korea Project/21C Frontier Program 2001')

A219 Discordance of chloroplast and nuclear ribosomal DNA data in *Osmorhiza* (Apiaceae);

Ki-Oug Yoo¹, Porter P. Lowry II² and Jun Wen¹

1Department of Botany, The Field Museum of Natural History; 2Missouri Botanical Garden

Phylogenetic studies were conducted to evaluate interspecific relationships in

Osmorhiza (Apiaceae: Apioideae) using sequences of the ITS regions of nuclear ribosomal DNA, and the chloroplast *ndhF* gene and two noncoding regions (*trnL* intron, and *trnL*[UAA] 3' exon - *trnF*[GAA] intergenic spacer). All data sets suggest the monophyly of the New World taxa, and showed that *Osmorhiza aristata* from Asia is relatively divergent from other members of the genus, even though it is morphologically similar to the eastern North American *O. claytonii* and *O. longistylis*. The ITS and chloroplast DNA trees differ in the relationships among the New World taxa, especially the phylogenetic position of *O. occidentalis*, *O. glabrata*, and *O. depauperata*. Lack of congruence between the two data sets may be a result of hybridization or introgression. Although there is high discordance between nrITS and two chloroplast DNA data sets, the latter two show similar topologies.

A220 ITS 염기서열에 근거한 홍조 풀가사리속(*Gloiopeltis* 식물)의 계통학적 유연관계

이재완¹, 최한구², 이해복¹, 부성민³

청주대학교 생물학과¹, 서울대학교 생명과학부², 충남대학교³

홍조 풀가사리속 식물은 북태평양 연안의 조간대 중, 상부의 암반에 생육하며, 현재 참풀가사리(*G. tenax*), 불등풀가사리(*G. furcata*) 그리고 애기풀가사리(*G. complatana*)의 3종이 보고되어 있다. 특히 불등풀가사리는 체형에 따라 typical *G. furcata* type, *G. furcata* f. *intricata* type 그리고 *G. furcata* f. *coliformis* type으로 구분되며 이들은 각각 다른 생육지 특성과 생물계절을 보여주고 있다. 본 연구에서는 풀가사리속 3종의 18 지역 집단 (또는 개체군)을 대상으로 핵rDNA의 ITS 염기서열을 분석하여 이들 분류군간, 특히 불등풀가사리의 세가지 형태 및 생태 유형에 주목하여 각 분류군간의 분자계통학적 유연관계를 파악하고자 하였다. ITS1과 ITS2 염기서열에 대한 근린결합분석과 최대절약분석 결과 대상 분류군은 강하게 지지되는 네개의 계통군- 애기풀가사리군, 남해안에 생육하는 참풀가사리와 불등풀가사리의 복합군, 동

해안 중부 이북과 일본 북해도에 생육하는 불등풀가사리군 그리고 동해안 영해와 서해안과도리에 생육하는 불등풀가사리군 -으로 분석되었다. 애기풀가사리군을 제외한 세계의 계통군은 형태 및 생태 유형과는 관계없이 생물지리적 분포와 깊이 연관되어 있음이 주목되었다.

A401 Geographical Pattern of *Microcystis* Using the Partial Sequences of N-methyltransferase Domain of *mcyA*

Jang-Eun Cho*, Sang-Weon Bang** and Myung-Soo Han

National Research Laboratory for Water Environmental Ecology and Restoration, Department of Life Science, Hanyang University; ** Present address : Korea Environment Institute

Microcystis is one of the dominant species of cyanobacteria (blue-green algae) that causes water blooms in eutrophic lakes and reservoirs. A *Microcystis* bloom presents a considerable threat to the health of human and animals due to its toxicity. Therefore, establishment of a rapid and reliable method for the detection and identification of *Microcystis* has been of great importance, especially in the drinking water system. Previously, we reported the potential use of the partial sequences of *mcyA* (microcystin synthase gene) for the determination of phylogenetic relationship of *Microcystis* (Cho *et al.* 2001 Spring. Presented in The Korean Society of Limnology). Upon extensive sequence analysis of twenty three different *Microcystis* strains, a geographical pattern was found, although the sequences were highly conserved and only about 350 bp in length. The pattern was generally divided into two groups: indigineous (or domestic) and non-indigineous groups (foreign). This result suggest that the partial sequence may be useful for the objective typing of *Microcystis* species.

A501 한국산 우산이끼무리 연구

최두문
공주대학교 생물학과

한국산 우산이끼에 대한 첫 연구는 Stephani, F.(1910-1917)의 *Anthoceros koreanum*, *Plagioclasma koreanum* 등에 대한 신종 발표로 시작되었으며 Horikawa, Y.(1934-1955), Hattori, S.(1941-1981) 등의 일본인으로 이어졌다. 또한 Hong, W.S. (1960-1997)는 한국과 미국의 식물상을 비교하였다. Choe, D.M.(1997)는 Yamada, K.와 이들 결과를 정리하여 35과 75속 222종 9아종 5변종을 발표하였으며, 그 후 조사에 의해 *Cephaloziella subdentata*, *Marchantia cuneiloba*, *Plagioclonium mayebarae*, *Frullania amplicrania*, *F. parvistipula*의 5종이 새로 기록되었다.

A502 한국산 변형균의 다양성과 신한국명(2)

최두문, 김중균
공주대학교 생물교육과

이 발표는 앞의 분류목록편(2000. 10. 27-28)에 이어 종 해부도의 이해를 위한 계통, 종과 속의 중요 특징, 작성된 150종의 해부도 등을 종합하였다. 1. 계통 설명은 변형균강에서 각 과까지의 검색과 과, 속, 종의 특징을 다루었다. 2. 종의 해부도 작성에서 외부는 몸(단자체, 단자낭, 굴곡자낭체)의 형태와 포자낭과 병, 배상체 그리고 벽소판의 구조 등을 도시하였고, 내부는 주로 축주와 망모체, 벽망과 절, 병의 내부포자상세포를 대상으로 하였으며 포자낭의 색도 중요하게 다루었다.

A503 노랑턱멧새(*Emberiza elegans*)의 song theme과 변이에 대한 연구

이원호*, 권기정
동아대학교 대학원 생물학과

노랑턱멧새의 song theme과 변이를 연구하기 위해서 경상남도, 전라남도, 전라북도, 충청남도, 강원도 일원의 16개 활엽수림지대에서 번식기에 세력권을 형성하고 강하게 노래를 부르는 45개체의 노랑턱멧새 수컷에서 3245개의