

노루귀(*Hepatica asiatica*)와 새끼노루귀(*H. insularis*)의 이형효소 변이

김지현 · 이남숙

(이화여자대학교 자연과학대학 생물과학과)

Allozyme variation in *Hepatica asiatica* and *H. insularis*

Ji Hyun Kim and Nam Sook Lee

(Department of Biology, Ewha Womans University, Seoul 120-750, Korea)

Abstract

Enzyme electrophoresis of *Hepatica asiatica* and *H. insularis* was performed to reexamine the taxonomic status and reveal the genetic variation among the populations of two taxa.

The genetic identity and genetic variability were estimated at 16 putative genetic loci resolved by ten soluble enzyme systems for 845 plants in 20 populations. The populations of Mt. Mani, Dukjuk Isl., Byunsan and Taegu which have difficulty in identification had alleles of both *H. asiatica* and *H. insularis*. Based on the high value of mean genetic identity, the population of Mt. Mani belongs to *H. asiatica* and the populations of Dukjuk Isl., Byunsan and Teagu can be treated as *H. insularis*.

The genetic identity between two taxa corresponds to that of congeneric species range, and the result supports the present taxonomic treatment as a specific level. The genetic variability was greater in *H. asiatica* which has wider distribution than in *H. insularis*.

서 론

노루귀속(*Hepatica* Miller)은 미나리아재비과(Ranunculaceae)의 바람꽃속(*Anemone*

Linn.)내 아속(*Hepatica* Dill.)으로도 취급된 바 있으나(Bentham & Hooker, 1864; Ohwi, 1984) 총포와 꽃이 거의 붙어 있고 수과가 콩팥모양(reniform)으로 약간 굽어 있어 바람꽃족(Anemoneae)내의 독립된 속으로 취급되고 있다(Engler, 1968; Tamura, 1968; Wang *et al.*, 1980; Satake *et al.*, 1982).

노루귀속 식물은 북반구에 9종 2변종이 분포하는데 우리나라에는 3종으로 노루귀(*H. asiatica*), 새끼노루귀(*H. insularis*) 및 큰노루귀(정태현, 1956; 이영노, 1976) (섬노루귀)(박민규, 1944; 이창복, 1983) (*H. maxima*)가 있는 것으로 알려져 있다(Nakai, 1937, 1952; 이영노, 1976; 이창복, 1983). Nakai(1937)는 노루귀속 식물에 대한 검색표에서 이년생 잎을 갖는 식물과 일년생 잎을 갖는 식물로 크게 나누었다. 이년생 잎을 갖는 식물들 중 울릉도에 나며 자방과 수과에 털이 없고 수과, 잎 및 총포엽이 큰 것을 *H. maxima*로, 일본에 나며 자방과 수과에 털이 있고 수과, 잎 및 총포엽이 작은 것을 *H. nobilis*의 변종으로 처리하였다. 그리고 일년생 잎을 가진 노루귀속 식물들 중 한국의 다도해에 분포하고 수과의 길이가 2-2.5mm, 잎의 폭이 2.5-4.5(1.5-5.0)mm이며 잎에 무늬가 있고 꽃은 잎과 동시에 피며 꽃받침잎이 5개로 길이 9-10mm인 것을 *H. insularis*로 하였다. 한편 한국과 만주에 분포하고 수과의 길이가 4mm, 잎의 폭이 6.0-7.0(2.5-9.5)mm이며 잎이 녹색이거나 무늬가 있고 꽃이 잎보다 먼저 피고 꽃받침잎이 7-11개로 길이 12-14mm인 것을 *H. asiatica*라고 구분하였다. 또한 그는 노루귀를 잎과 총포의 형태에 따라 3품종 즉, 잎의 열편과 총포엽이 뾰족하며 잎에 무늬가 없는 f. *acutiloba*, 열편과 총포엽이 뾰족하고 잎에 무늬가 없는 f. *obtusiloba* 및 열편이 뾰족하고 잎에 무늬가 있는 f. *variegata*로 구분하였다. 그러나 Hara(1952)는 노루귀(*H. asiatica*)를 *H. nobilis*의 변종인 *H. nobilis* Schreb. var. *asiatica* (Nakai) Hara로 취급하였다.

*H. nobilis*는 유럽 대륙에 분포하며(Nakai, 1937) 일본에 두 변종인 *H. nobilis* var. *japonica*와 *H. nobilis* var. *nipponica*가 분포한다고 보고한 바 있다. 그리고 Hiroe(1957)는 신변종인 *H. nobilis* var. *pubescens*를 설정하였다. 노루귀속 식물들의 분류학적 계급에 대한 이견들은 북미산 *H. acutiloba*와 *H. americana*에서도 볼 수 있다. 즉, 대부분의 식물지(Gleason and Cronquist, 1963; Fernald, 1970)에서 이들 북미산 식물을 뚜렷한 두 종으로 구분짓고 있으나 Steyermark & Steyermark(1960)는 집단연구를 통해 두 분류군이 생태적으로 격리되어 있으며 지역에 따라 두 분류군간에 교잡이 일어남을 주장하며 *H. nobilis*의 변종인 var. *obtusiloba*와 var. *acuta*로 처리한 바 있다. 이와 같이 노루귀속 식물들은 변이가 많기 때문에 분류학적 처리에서도 학자들에 따라 견해차이를 보이고 있다.

한국산 노루귀속 식물에 관한 연구로 도(1967)는 노루귀와 섬노루귀(큰노루귀)를 형태, 화분과 염색체의 특징으로 비교한 결과 두 분류군을 뚜렷한 종으로 인정하는데 무리가 없다고 하였다. 그러나 울릉도에 분포하는 큰노루귀(정, 1956; 이영노, 1976)는 섬노루귀(박, 1949, 1974; 이창복, 1983)로도 불리며 학명도 노루귀의 변종인 *H. asiatica* Nakai var. *maxima* (Nakai) M. Park, comb. nov.로 처리된 바 있다.

새끼노루귀에 관해서는 다도해의 섬에 분포한다는 보고가 있었지만(Nakai, 1937; 박,

1949), 정(1956)은 새끼노루귀를 도해설명하지 않고 노루귀(*H. asiatica* Nakai for. *acutiloba* Nakai = *H. triloba* Chamix = *H. acutiloba* De Candolle = *Anemone Hepatica* L.)의 분포지에 제주도과 전남 등을 포함시키고 있다. 또한 이영노(1976)도 한국산 노루귀속 식물에는 3종이 있다고 하였으나 새끼노루귀를 도해설명하지 않고 제주도에 분포하는 식물을 노루귀(*H. asiatica* for. *acutiloba* Nakai)로 처리하였다. 이창복(1983)의 도감에 꽃이 잎보다 먼저 피며 잎에 무늬가 있는 것으로 Nakai(1937)의 기재와는 다르게 도해 설명되어 있다. 선과 이(1992)는 새끼노루귀는 소형인 것을 제외하고는 노루귀와 매우 유사하며 잎이 갈라진 각도와 잎끝 모양의 차이로도 확인치 않다고 보고하고 있다. 선(1994)은 세계에 분포하는 노루귀속 식물에 대한 외부형태학적, 화분학적 및 세포학적 특징에 대한 연구에서 새끼노루귀의 경우 제주도에만 분포하는 식물만을 재료로 하고 있다. 그의 연구결과에서 두 분류군의 화분의 발아구는 삼구형이며 모양은 약장구형이고, 염색체수는 $2n=14$ 로 핵형의 기본양상도 동일하다고 보고하고 있다. 이러한 배경으로 볼 때 노루귀와 새끼노루귀는 분포지역의 한계가 불분명하고 잎의 크기, 모양이나 무늬의 여부에 있어서 외부형태학적 변이가 많아 분류학적으로 혼돈이 있어 왔으며 특히 새끼노루귀에 대한 연구는 매우 미비하다고 생각된다. 따라서 두 분류군의 종으로서의 분류학적 위치를 검토하고 노루귀와 새끼노루귀의 집단간의 변이를 정량적으로 파악하기 위하여 지금까지 적용되지 않았던 다른 분류학적 방법에 의한 연구가 필요하다.

동질효소(이형효소)는 유전인자형을 가장 잘 반영하고(Crawford, 1985; Gottlieb, 1977; Hamrick, 1989) 대립인자의 빈도를 바탕으로 동일 종내 집단별 혹은 동일 속간 유전적 분기(genetic divergence)를 알 수 있어 하위 분류군들의 연구에 유용한 것으로 알려져 있다(Gottlieb, 1977; Crawford, 1990). 이에 본 연구에서는 노루귀와 새끼노루귀의 동질효소(이형효소)를 분석하여 종간 및 집단간 유전적 변이와 유연관계를 밝히고 두 분류군의 종으로서의 분류학적 위치를 검토하고자 한다.

재료 및 방법

(1) 재료

재료는 생육지에서 채취하여 사용하였으며 일부는 이식하여 사용하였다. 각 분류군별 채집 장소, 채집시기 및 집단 수는 Table 1에 나타내었다.

노루귀와 새끼노루귀의 잎의 크기, 엽저의 각도, 측열편의 엽선이 올라간 정도를 바탕으로 구분하여 집단별로 채집하였다. 채집지는 전형적인 노루귀로 동정되는 오대산, 화야산, 광릉 집단과 전형적인 새끼노루귀로 판단되는 집단인 제주도, 금산, 보길도 집단 및 외부형태학적 특징상 중동정에 문제가 있을 수 있다고 생각되는 마니산, 덕적도, 변산반도 및 대구 집단을 선정하여 두 분류군의 분포한계를 확인하고자 하였다.

(2) 방법

생체를 채취하여 실험전까지 얼음에 냉장 보관하였다. 그 중 어린 잎을 골라 grinding

Table 1. Population designation, locality and the date of collection for populations of *Hepatica*.

Taxa	Locality	Collection date	number of population	number of individual	population designation
<i>H. asiatica</i>	Mt. Mani	'94. 4. 14	2	66	1-2
	Kwangneung	'94. 4. 18	3	32	3-5
	Mt. Whaya	'94. 4. 19	1	90	6
	Mt. Odae	'94. 5. 10	4	149	7-10
<i>H. insularis</i>	Byunsan	'93. 5. 20	3	127	11-13
	Bogil Isl.	'94. 4. 9	1	23	14
	Cheju Isl.	'94. 4. 27	3	180	15-17
	Mt. Keum	'94. 5. 19	1	23	18
	Dukjuk Isl.	'94. 6. 6	1	93	19
	Taegu	'94. 5. 21	1	62	20

buffer(Gottlieb, 1981)에 분쇄한 후 수평전분젤(horizontal starch gel)과 수직폴리아크릴아마이드젤(vertical acrylamide gel)로 전기영동하여 Soltis 등(1983)의 방법에 따라 염색하였다.

종간 또는 종내 집단간 유전적 변이를 확인하기 위해 각 분류군 및 집단별로 대립인자 빈도를 계산한 후 이를 바탕으로 GENESTAT program ver. 3.3(Lewis and Whitkus, 1989)을 이용하여 다음과 같은 세 가지 측면에서 살펴 보았다. 첫째, 유전적 변이성 측면에서 다형유전자좌위(polymorphic locus)의 비율(P), 다형유전자좌위당 평균대립인자수(A_p), 유전자좌위당 평균대립인자수(A), 기대되는 이형접합체성(expected heterozygosity, H_u)를 조사하였다. 둘째, 유전적 다양성면에서는 집단내 다양성(H_s)과 전체적 다양성(H_T) 그리고 집단간 다양성(D_{ST})과 집단간 분화정도(G_{ST})를 조사하였다. 셋째, 집단간 또는 종간의 유전적 유연관계를 위해 유전적 동일성(genetic identity)(Nei, 1972)을 계산하였다.

결 과

노루귀와 새끼노루귀 10개 지역 20집단 845개체 식물에 대해 10개의 가용성 효소계에서 16개 유전자좌위(*Gdh*, 1; *Idh*, 2; *Lap*, 1; *Mdh*, 3; *6Pgd*, 1; *Pgi*, 1; *Pgm*, 2; *Skdh*, 2; *Tpi*, 3)가 추정되었다(Table 2). 일반적으로 이배체 식물에서 TPI의 동질효소수는 2개(Crawford, 1990)로 보고된데 반하여 노루귀속 식물에서는 3개로 나타났다. *G3pdh*에서 1개, *6Pgd*와 *Pgi*의 경우 2개의 동질효소가 관찰되었으나 *6Pgd*와 *Pgi*에서 각각 뚜렷하게 염색된 한 개의 동질효소만을 자료로 분석하였다.

두 분류군의 16개 유전자좌위에서의 대립인자 빈도는 Table 2에 나타내었으며 각 동질효소에 대한 분류군별 인자형을 Table 3과 Fig. 1에 나타내었다. 그 중 *Gdh*는 두 분류군의 모든 집단에서 단형적(monomorphic)이었으며 나머지 15개 유전자좌위는 적어도 한 집단에

Table 2. Allelic data for the 16 putative genetic loci of *Hepatica*. Population 1, 2 = Mt. Mami; 3, 4, 5 = Kwangneug; 6 = Mt. Whaya; 7, 8, 9, 10 = Mt. Odac; 11, 12, 13 = Byunsan; 14 = Bogil Island; 15, 16, 17 = Cheju Island; 18 = Mt. Keum; 19 = Dukjuk Island; 20 = Taegut (Yongjeong).

Population	<i>H. asiatica</i>																<i>H. insularis</i>			
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
<i>Gdh</i>	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Idh-1</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.077	0.982	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
a	0.000	0.024	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.028	0.000	0.077	0.018	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
b	0.975	0.976	1.000	0.895	0.667	0.841	0.977	0.972	0.929	0.846	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
c	0.000	0.000	0.000	0.105	0.148	0.048	0.000	0.000	0.071	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
d	0.025	0.000	0.000	0.000	0.148	0.095	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
e	0.000	0.000	0.000	0.000	0.037	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
f	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Idh-2</i>	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.077	0.982	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
a	0.000	0.024	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.028	0.000	0.077	0.018	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
b	0.975	0.976	1.000	0.737	0.519	0.841	0.977	0.975	0.720	0.846	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
c	0.000	0.000	0.000	0.000	0.148	0.048	0.000	0.000	0.040	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
d	0.025	0.000	0.000	0.263	0.296	0.111	0.000	0.000	0.240	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
e	0.000	0.000	0.000	0.000	0.037	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
f	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Lap</i>	0.000	0.023	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.092	0.010	0.024	0.000	0.008
a	0.950	0.955	0.950	1.000	1.000	1.000	1.000	0.972	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.587	0.829	0.943	0.976	1.000	0.976	0.983
b	0.050	0.023	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.413	0.079	0.046	0.000	0.000	0.000	0.008
c	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.208	0.000	0.556	0.000	0.000	0.000	0.000	0.219	0.000
<i>Mdh-1</i>	0.000	0.000	0.125	0.053	0.000	0.054	0.060	0.065	0.429	0.167	0.435	0.583	0.111	0.438	0.273	0.000	0.286	0.429	0.521	0.200
a	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.152	0.188	0.222	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.123	0.000
b	0.132	0.320	0.625	0.211	0.676	0.730	0.260	0.516	0.357	0.500	0.326	0.000	0.111	0.313	0.697	0.789	0.500	0.190	0.055	0.618
c	0.053	0.140	0.125	0.105	0.000	0.014	0.018	0.097	0.214	0.000	0.000	0.021	0.000	0.000	0.030	0.113	0.048	0.095	0.068	0.145
d	0.816	0.588	0.125	0.632	0.324	0.203	0.500	0.323	0.000	0.083	0.087	0.000	0.000	0.000	0.000	0.085	0.167	0.238	0.014	0.036
e	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.000	0.048	0.000
f	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
g	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Table 2. (continued).

Population	<i>H. insularis</i>																			
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
Locus																				
Allele																				
<i>Mdh-2</i>																				
a	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.208	0.556	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.219	0.000
b	0.000	0.000	0.125	0.053	0.000	0.054	0.060	0.065	0.429	0.167	0.435	0.583	0.111	0.438	0.273	0.000	0.286	0.429	0.521	0.200
c	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.152	0.188	0.222	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.123	0.000
d	0.132	0.302	0.652	0.211	0.676	0.730	0.260	0.516	0.357	0.500	0.326	0.000	0.111	0.313	0.679	0.789	0.500	0.190	0.055	0.618
e	0.053	0.140	0.125	0.105	0.000	0.014	0.180	0.095	0.214	0.000	0.000	0.021	0.000	0.000	0.030	0.113	0.048	0.095	0.068	0.145
f	0.816	0.588	0.125	0.632	0.324	0.203	0.500	0.323	0.000	0.083	0.087	0.000	0.000	0.000	0.000	0.085	0.167	0.238	0.014	0.036
g	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.000	0.048	0.000	0.000
<i>Mdh-3</i>																				
a	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.214	0.250	0.304	0.396	0.778	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.342	0.000
b	0.053	0.093	0.250	0.158	0.000	0.078	0.200	0.161	0.429	0.167	0.435	0.563	0.111	0.438	0.273	0.028	0.333	0.524	0.589	0.200
c	0.947	0.791	0.750	0.842	1.000	0.932	0.760	0.839	0.357	0.538	0.261	0.042	0.111	0.313	0.697	0.873	0.667	0.429	0.068	0.655
d	0.000	0.047	0.000	0.000	0.000	0.000	0.040	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.048	0.000	0.145
<i>6Pht</i>																				
a	0.000	0.000	0.000	0.000	0.045	0.000	0.000	0.000	0.150	0.174	0.036	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.013	0.042
b	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.792	0.700	0.696	0.345	1.000	0.533	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.975	0.925
c	0.000	0.000	0.000	0.000	0.045	0.000	0.000	0.028	0.150	0.130	0.018	0.000	0.267	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.013	0.033
<i>Pgi</i>																				
a	0.050	0.023	0.000	0.000	0.000	0.035	0.082	0.056	0.000	0.043	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
b	0.375	0.420	0.615	0.000	0.806	0.965	0.709	0.750	0.975	0.783	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.060	0.071	0.084	0.008
c	0.000	0.000	0.077	0.842	0.000	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000	0.064	0.028	0.000	0.033	0.000	0.000	0.429	0.429	0.241	0.450
d	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.018	0.000	0.111	0.576	0.105	0.010	0.119	0.095	0.012	0.000
e	0.575	0.557	0.308	0.158	0.139	0.000	0.022	0.000	0.000	0.043	0.700	0.340	0.889	0.367	0.895	0.969	0.369	0.405	0.663	0.525
f	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.000	0.015	0.000	0.000	0.043	0.100	0.189	0.000	0.000	0.000	0.010	0.024	0.000	0.000	0.017
g	0.000	0.000	0.000	0.000	0.042	0.000	0.112	0.097	0.025	0.065	0.118	0.425	0.000	0.033	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
h	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.052	0.097	0.000	0.022	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Pgm-1</i>																				
a	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.242	0.222	0.150	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
b	1.000	0.097	0.000	0.053	0.378	0.313	0.667	0.778	0.200	0.652	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Table 2. (continued).

Population	<i>H. asiatica</i>										<i>H. insularis</i>									
	1	2	3	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
Locus																				
Allele																				
c	0.000	0.000	1.000	0.947	0.622	0.650	0.091	0.000	0.650	0.348	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.026	0.034	
d	0.025	0.000	0.000	0.000	0.037	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.981	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.974	0.966	
<i>Pgm-2</i>																				
a	0.537	0.570	0.500	0.500	0.419	0.465	0.478	0.569	0.425	0.217	0.876	0.902	0.444	0.690	0.662	0.521	0.488	1.000	0.568	
b	0.463	0.430	0.500	0.500	0.581	0.523	0.515	0.431	0.200	0.650	0.133	0.098	0.556	0.310	0.095	0.263	0.226	0.000	0.432	
c	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.007	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.230	0.211	0.274	0.000	0.000	
d	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.243	0.215	0.011	0.000	0.000	
<i>Skdh-1</i>																				
a	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.091	0.231	0.000	0.113	0.125	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000	0.110	
b	0.000	0.031	0.000	0.000	0.000	0.045	0.067	0.038	0.273	0.231	0.146	0.358	0.000	0.000	0.000	0.067	0.194	0.000	0.370	
c	0.946	0.938	1.000	0.947	0.941	0.955	0.850	0.923	0.636	0.538	0.854	0.528	0.875	1.000	1.000	0.907	0.667	1.000	0.507	
d	0.000	0.031	0.000	0.000	0.000	0.000	0.067	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.027	0.083	0.000	0.014	
e	0.036	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
f	0.000	0.000	0.000	0.053	0.059	0.000	0.017	0.038	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000	0.000	
<i>Skdh-2</i>																				
a	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.091	0.231	0.000	0.113	0.100	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000	0.110	
b	0.000	0.031	0.000	0.000	0.000	0.045	0.067	0.038	0.273	0.231	0.146	0.358	0.000	0.000	0.000	0.067	0.194	0.000	0.370	
c	0.931	0.938	1.000	0.947	0.941	0.955	0.850	0.923	0.636	0.538	0.854	0.528	0.900	1.000	1.000	0.907	0.667	1.000	0.507	
d	0.000	0.031	0.000	0.000	0.000	0.000	0.067	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.027	0.083	0.000	0.014	
e	0.069	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
f	0.000	0.000	0.000	0.053	0.059	0.000	0.017	0.038	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.028	0.000	0.000	
<i>Tpi-1</i>																				
a	0.231	0.205	0.154	0.053	0.095	0.087	0.059	0.208	0.125	0.022	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000	0.908	
b	0.787	0.797	0.846	0.947	0.905	0.913	0.941	0.792	0.875	0.978	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.988	1.000	0.092	
<i>Tpi-2</i>																				
a	1.000	1.000	1.000	1.000	0.973	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
b	0.000	0.000	0.000	0.000	0.027	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
<i>Tpi-3</i>																				
a	1.000	1.000	1.000	1.000	0.973	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
b	0.000	0.000	0.000	0.000	0.027	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	

나지 않고 노루귀에서만 나타난 대립인자는 $Idh-1^{b,c,d,e,f}$, $Idh-2^{b,c,d,e}$, $Mdh-1^a$, $Mdh-2^a$, $Pgi^{a,h}$, $Pgm-1^{a,b,c}$, $Tpi-2^b$, $Tpi-3^b$ 이었다. 반대로 노루귀에서는 나타나지 않았으나 새끼노루귀에 나타난 대립인자는 $Mdh-1^g$, $Mdh-2^g$, $Mdh-3^d$, Pgi^d , $Pgm-2^d$ 이었다. 외부형태학적으로 종 동정이 어려운 마니산, 덕적도, 변산반도 및 대구 집단의 개체들은 대립인자의 빈도차이는 있으나 노루귀와 새끼노루귀의 대립인자를 모두 갖는 경향을 보였다. 즉, $Idh-1$ 과 $Idh-2$ 에서 변산반도 집단이 노루귀의 인자인 b와 새끼노루귀의 인자인 a를 갖고 있으며 $Pgm-1$ 의 경우 마니산 집단이 노루귀의 대립인자인 b를, 덕적도, 변산반도 및 대구 집단은 노루귀의 대립인자인 c와 새끼노루귀의 대립인자인 d를 갖고 있었다. $6Pgd$ 의 경우 노루귀의 a, c인자가 변산반도, 덕적도 및 대구 집단에도 나타났으며 $Mdh-1$ 과 $Mdh-2$ 의 경우에 노루귀의 a인자가 변산반도와 덕적도 집단에도 나타나는 반면 $Mdh-3$ 에 있어서 새끼노루귀의 d인자가 마니산과 대구 집단에도 나타났다. $Pgi-1$ 에 있어서 8개의 인자 중 노루귀에서는 d를, 새끼노루귀에서는 a, h인자를 제외한 모든 인자들이 나타났다(Table 3).

두 분류군의 집단별 private allele수에 있어서 노루귀는 $Idh-1^{b,c,d,e,f}$, $Idh-2^{b,c,d,e,f}$, $Mdh-1^a$, $Mdh-2^a$, $6Pgd^{a,c}$, $Pgi-1^{a,h}$, $Pgm-1^{a,b,c,d}$, $Tpi-2^b$, $Tpi-3^b$ 총 21개 새끼노루귀에서는 Pgi^d , $Pgm-2^d$, $Mdh-3^d$ 총 3개이었다. 각 분류군내 집단별 private allele수는 노루귀의 경우 오대산 집단이 6개($Idh-1^a$, $Idh-2^a$, $Mdh-1^c$, $Mdh-2^c$, $Skdh-1^a$, $Skdh-2^a$)로 가장 많은 것으로 나타났고 새끼노루귀의 경우 제주도 집단이 11개(Lap^a , Pgi^f , $Pgm-2^{c,d}$, $Skdh-1^{a,b,c,d,e,f}$, $Skdh-2^{a,b,c,d}$)로 가장 많은 것으로 나타났다(Table 2).

두 분류군의 집단별 유전적 변이성(genetic variability)에 있어서 다형유전자좌위(polymorphic locus)의 비율(P)은, 노루귀의 광릉 집단(0.938)이, 유전자좌위당 평균대립인자수(A)는 노루귀의 오대산 집단(3.625)이 가장 높았다. 다형유전자좌위당 평균대립인자수(A_p)는 새끼노루귀의 금산 집단과 제주도 집단, 노루귀의 오대산 집단이 각각 4.250, 4.230, 4.220로, 기대되는 이형접합체성(heterozygosity) 역시 노루귀의 오대산집단이 0.289로 가장 높았고 새끼노루귀의 금산 집단이 0.167로 가장 낮았다(Table 4). 유전적 다양성(genetic diversity)면에서 집단내 다양성(H_s)과 전체적 다양성(H_T)은 노루귀의오대산 집단이 각각 0.2911, 0.3317로, 그리고 집단간 다양성(D_{ST})은 새끼노루귀의 변산반도 집단이 0.0596으로, 집단간 분화정도(G_{ST})는 노루귀의 광릉 집단이 0.1995로 가장 높은 값을 나타내었다(Table 5).

노루귀와 새끼노루귀의 두 분류군간 및 두 분류군의 집단들간의 유전적 유사성은 Nei (1972)의 유전적 동일성(genetic identity)로 나타내었다(Table 6). 노루귀와 새끼노루귀의 유전적 동일성(\bar{I})은 0.757이었다. 마니산 집단은 다른 노루귀 집단들과 0.951-0.909의 높은 \bar{I} 값을 나타내었고 변산반도 집단은 덕적도, 제주도, 보길도 및 금산 집단 등의 새끼노루귀 집단과도 0.982-0.920의 높은 \bar{I} 값을 나타내었는데 그 중 덕적도 집단과의 \bar{I} 값이 가장 높았다. 덕적도 집단은 금산, 보길도, 제주도 집단들과 0.948-0.891, 대구 집단은 다른 새끼노루귀 집단들과 0.923-0.828의 \bar{I} 값을 나타내었다.

Table 3. Allozyme variation in the populations of *H. asiatica* and *H. insularis*. ○ represents allele of *H. asiatica*. ▲ represents allele of *H. insularis*.

Taxa	<i>H. asiatica</i>				<i>H. insularis</i>					
	Kwang neung	Mt. Whaya	Mt. Odae	Mt. Mani	Byun san	Dukjuk Isl.	Taegu	Cheju Isl.	Bogil Isl.	Mt. Keum
<i>Idh-1</i>										
b			○	○	○					
c	○	○	○	○						
d	○	○	○							
e	○	○		○						
f	○	○								
<i>Idh-2</i>										
b			○	○	○					
c	○	○	○	○						
d	○	○	○							
e	○	○		○						
f	○	○								
<i>Mdh-1</i>										
a			○		○	○				
g								▲		▲
<i>Mdh-2</i>										
a			○		○	○				
g								▲		▲
<i>Mdh-3</i>										
d				▲			▲			▲
<i>Pgi</i>										
a		○	○	○						
d					▲	▲		▲	▲	▲
h			○							
<i>Pgm-1</i>										
a			○							
b	○	○	○	○						
c	○	○	○		○	○	○			
<i>Pgm-2</i>										
d								▲		
<i>Tpi-2</i>										
b	○									
<i>Tpi-3</i>										
b	○									

서 다형적 (polymorphic) (94%)이었다. 노루귀와 새끼노루귀의 동질효소에 나타나는 대립인자 수는 *Pgi*가 8개로 가장 많았고 6개 이상의 다양한 인자형을 갖는 동질효소로는 *Idh-1* (6), *Idh-2* (6), *Mdh-1* (7), *Mdh-2* (7), *Skdh-1* (6), *Skdh-2* (6)가 있었다. *Tpi-1*과 *Lap*에서는 조사된 두분류군과 집단들이 같은 대립인자를 갖고 있었다. 새끼노루귀에서 나타

Table 4. Gene diversity statistics for *Hepatica*. H_s = gene diversity in populations, H_T = gene diversity in the total population, D_{ST} = gene diversity among populations, G_{ST} = the coefficient of population differentiation for populations(A) and taxa(B) of *Hepatica* in Korea.

(A)

Populations	H_s	H_T	D_{ST}	G_{ST}
Mt. Mani	0.2406	0.2942	0.0537	0.1823
Kangneung	0.2133	0.2664	0.0531	0.1995
Mt. Whaya	0.1835	0.1835	0.0000	0.0000
Mt. Odae	0.2911	0.3317	0.0406	0.1223
Byunsan	0.2391	0.2987	0.0596	0.1994
Bogil Isl.	0.2173	0.2173	0.0000	0.0000
Cheju Isl.	0.1786	0.2041	0.0255	0.1248
Mt. Keum	0.1665	0.1665	0.0000	0.0000
Dukjuk Isl.	0.2344	0.2344	0.0000	0.0000
Taegu	0.1960	0.1960	0.0000	0.0000

(B)

Taxa	H_s	H_T	D_{ST}	G_{ST}
<i>H. asiatica</i>	0.2323	0.3115	0.0792	0.2542
<i>H. insularis</i>	0.1950	0.2601	0.0652	0.2505

Table 5. Proportion of polymorphic loci(P), mean number of alleles per polymorphic loci(A_p), mean number of alleles per locus(A), the expected heterozygosity unbiased for sample size(H_u) for populations(A) and taxa(B) of *Hepatica* in Korea.

(A)

Populations	P	A_p	A	H_u
Mt. Mani	0.7500	2.9167	2.4375	0.2701
Kwangneung	0.9375	2.8000	2.6875	0.2517
Mt. Whaya	0.6875	2.9091	2.3125	0.1835
Mt. Odae	0.8125	4.2308	3.6250	0.2886
Byunsan	0.6875	3.4545	2.6875	0.2792
Bogil Isl.	0.3750	2.8333	1.6875	0.2173
Cheju Isl.	0.5625	4.2222	2.8125	0.1820
Mt. Keum	0.2500	4.2500	1.8125	0.1665
Dukjuk Isl.	0.6875	3.4545	2.6875	0.2344
Taegu	0.6875	2.8182	2.2500	0.1960

(B)

Taxa	P	A_p	A	H_u
<i>H. asiatica</i>	0.9412	4.2500	4.0588	0.2756
<i>H. insularis</i>	0.8235	3.8571	3.3529	0.2545

Table 6. Genetic identity for populations of *Hepatica* in Korea.

population	Mt. Mani	Kwangneung	Mt. Whaya	Mt. Odae	Byunsan	Bogil Isl.	Cheju Isl.	Mt. Keum	Dukjuk Isl.	Taegu
Mt. Mani		0.9385	0.9090	0.9505	0.6788	0.6971	0.7540	0.7450	0.6516	0.7123
Kwangneung			0.9829	0.9572	0.6658	0.6999	0.7592	0.7338	0.6325	0.7207
Mt. Whaya				0.9670	0.6442	0.6849	0.7434	0.7014	0.6098	0.7000
Mt. Odae					0.6704	0.6859	0.7181	0.7132	0.6431	0.6760
Byunsan						0.9486	0.9201	0.9576	0.9824	0.8565
Bogil Isl.							0.9335	0.9559	0.9195	0.8759
Cheju Isl.								0.9428	0.8911	0.9225
Mt. Keum									0.9481	0.8971
Dukjuk Isl.										0.8279
Taegu										

고 찰

한국산 노루귀속 식물 3종은 잎의 월동여부와 잎의 형태적 특징을 바탕으로 큰노루귀와 노루귀 및 새끼노루귀로 구분되며 노루귀와 새끼노루귀는 잎과 총포엽의 크기, 잎의 무늬, 수과의 길이, 꽃받침잎의 수와 크기 및 꽃과 잎이 피는 시기의 차이 등으로 구분되는 것으로 알려져 있다(Nakai, 1937). 그러나 새끼노루귀는 노루귀에 비해 소형인 점을 제외하고는 두 분류군의 형태적 변이가 많아 두 분류군간의 외부형태적 차이가 뚜렷하지 않다(선과 이, 1992). 더우기 학자에 따라 노루귀가 *H. asiatica*로 또는 *H. nobilis*의 변종으로 처리되어 있는데(Hara, 1952) 만일 노루귀가 *H. nobilis*의 변종이라면 새끼노루귀도 *H. nobilis*의 변종으로 처리될 수 있는 것은 아닌지에 대한 문제가 야기된다. 그러나 두 분류군이 종 수준 이든 변종 수준이든 간에 서로 다른 것으로 대부분의 식물지와 도감(박, 1949; 이영노, 1976; 이창복, 1983; Nakai, 1937, 1952)에서 취급되고 있다. 따라서 본 연구에서는 잎의 외부형태학적 특징에 의해 분류하기 어려운 노루귀와 새끼노루귀의 유전적 변이를 파악하기 위하여 집단별로 대립인자를 조사하고 집단간 및 분류군간의 유전적 동일성을 조사한 결과 두 분류군간의 유전적 동일성은 0.757로서 동일속종의 값인 0.65-0.7(Gottlieb, 1977, 1981; Crawford, 1983, 1990) 범주를 크게 벗어나지 않았다. 따라서 적어도 전기영동 결과로는 유전적으로 서로 다른 두 종이라는 현 분류학적 위치를 지지한다고 볼 수 있다.

대립인자에 있어서 마니산, 덕적도, 변산반도 및 대구 집단은 노루귀와 새끼노루귀의 인자를 고루 갖고 있어 동정상의 어려움을 갖게하는 외부형태학적 변이를 뒷받침하고 있다. 이러한 집단들은 지역적으로 오대산, 화야산, 광릉 등지의 노루귀와 제주도, 보길도, 금산 등지의 새끼노루귀의 중간에 분포하며 노루귀에 새끼노루귀의 유전자가 침투되는 교잡이입(introgressive hybridization)에 의해 형성된 것으로 추측된다. 그러나 이 집단들에 대해서는 더 많은 다른 집단들과의 이형효소비교 및 DNA연구 등이 이루어져야 종분화(speciation)를 확실히 논할 수 있다고 생각되며 집단간의 유전적 동일성으로 볼때는 마니산 집단은 노루

귀로, 덕적도, 변산반도 및 대구 집단은 새끼노루귀로 분류될 수 있다.

노루귀가 한반도와 만주지역에 넓게 분포하고 21개의 고유대립인자(private allele)가 나타나는 반면 새끼노루귀는 한반도 남쪽에만 분포하며 3개의 고유대립인자가 나타나는 점으로 보아 노루귀에서부터 새끼노루귀와 큰노루귀가 분기되었을 것이라고 추측할 수 있으나 여기에 대해서는 더 연구가 필요하다고 생각된다. 마찬가지로 노루귀 집단중 오대산 집단에서 6개, 새끼노루귀 집단중 제주도 집단에 11개의 고유대립인자가 나타났는데 이는 이 두 집단이 분포의 중심지로서 각 종의 대립인자 근원지임을 추측케한다(Chung and Chung, 1994). 즉 노루귀는 오대산 집단으로부터, 새끼노루귀는 제주도 집단으로부터 나머지 집단으로 대립인자들이 퍼져나간 것으로 생각된다. 이러한 고유대립인자는, 돌연변이가 일어난 후 유전자 흐름이 차단되거나 두 집단이 분기한 시기에 유전적 부동(genetic drift)이 일어나 생길 수 있기 때문에 각 경우에 어떠한 요인이 관여되었는지는 확신하기 어렵다(Crawford and Whitkus, 1988).

두 분류군의 다형유전자좌위 비율(P), 다형유전자좌위당 평균대립인자수(A_p), 유전자좌위당 평균대립인자수(A), 기대되는 이형접합체성(expected heterozygosity) 모두 쌍자엽식물에 대한 이전의 보고(Hamrick *et al.*, 1979)보다 높은 값을 나타내고 있다. 노루귀가 새끼노루귀보다 높은 H_T 값을 보임으로써 유전적으로 다양한 종임을 알 수 있으며 유전적 다양성 통계(genetic diversity statistics)에 의하면 두 분류군의 유전적 변이가 집단간보다는 집단내에 있음을 보인다(Table 4). 유전적 변이성(P , A , H_U)이나 유전적 다양성(H_S , H_T , D_{ST} , G_{ST})면에서 노루귀가 새끼노루귀보다 높은 값을 나타내었다. 노루귀의 A 값이 높은 것은 더 넓은 지역적 분포를 가진 분류군이 제한된 범위의 지역적 분포를 가진 식물보다 대립인자 다양성(allozyme diversity)이 높다(Hamrik, 1989)는 일반적인 사실과 일치한다.

이상의 본 연구결과 노루귀와 새끼노루귀는 외형태적으로 매우 유사하고 변이가 많으나 유전적으로는 서로 다른 종으로 구분될 수 있을 만큼 충분히 분기되어 있다고 사료된다.

적 요

노루귀와 새끼노루귀의 종으로서의 분류학적 위치를 검토하고 노루귀와 새끼노루귀의 집단간의 유전적 변이를 파악하기 위하여 전기영동법으로 동질효소(이형효소)를 분석하였다.

노루귀와 새끼노루귀의 20집단 845개체 식물을 재료로 10개의 가용성 효소계에서 16개 유전자좌위를 바탕으로 두 분류군간 및 집단별 유전적 동일성과 다양성을 추정하였다. 형태적으로 종 동정이 어려운 마니산, 덕적도, 변산반도 및 대구 집단들은 효소연구 결과 노루귀와 새끼노루귀의 대립인자를 공유하고 있는 것으로 나타났다. 그러나 각 집단들간의 유전적 동일성으로 볼 때 마니산 집단은 노루귀로, 덕적도, 변산반도 및 대구 집단은 새끼노루귀로 취급될 수 있다.

노루귀와 새끼노루귀의 \bar{I} 값은 이미 알려져 있는 동일속종의 범위를 크게 벗어나지 않으므로 두 분류군이 서로 다른 종이라는 현 분류학적 위치를 지지하고 있다. 유전적 다양성면에서 분포지역이 넓은 노루귀가 새끼노루귀보다 높은 값을 가지는 것으로 나타났다.

引用 文 獻

- 도정애. 1967. 한국산 노루귀와 섬노루귀의 세포분류학적 연구.
- 박만규. 1949. 우리나라 식물명감, 문교부
- _____. 1974. 한국쌍자엽식물지, 정음사.
- 선병운, 이남숙. 1992. 제 47회 한국생물과학협회 학술발표대회 초록집, pp. 102.
- _____. 1994. 한국과학재단 핵심전문연구 보고서.
- 이영노. 1976. 한국동식물도감, 제 18권, 식물편 (계절식물), 문교부.
- 이창복. 1983. 대한식물도감, 향문사.
- 정태현. 1956. 한국식물도감, 하권 초본부, 신지사.
- Benthams, G. and J. D. Hooker. 1867. Genera plantarum. pp. 4
- Chung, M. G. and H. J. Chung. 1994. Allozyme divergence and population genetic structure in Korean endemic species. II. *Hosta yingeri* (Liliaceae). J. Plant Biol. 37(2): 141-149.
- Crawford, D. J. 1983. Phylogenetic and systematic inferences from electrophoretic studies. In S. D. Tranksley and T. J. Orton [ed.], Isozymes in genetics and breeding, part A. Elsevier. Amsterdam.
- _____. 1985. Electrophoretic data and plant speciation. Syst. Bot. 10: 405-416.
- _____. 1990. Plant molecular systematics: Macromolecular approaches. John Wiley & Sons. New York.
- _____ and R. Whitkus. 1988. Allozyme divergence and the mode of speciation for *Coreopsis gigantea* and *C. maritima* (Compositae). Syst. Bot. 13(2): 256-264.
- Engler, A. 1964. Syllabus der pflanzenfamilien. pp. 136. Gerbruder Borntraeger, Vol. 2, Berlin -Nikolassee.
- Fernald, M. L. 1970. Gray's manual of botany. 8th ed. D. Van Nostrand Co., NY.
- Gleason, H. A. and A. Cronquist. 1963. Manual of vascular plants of northeastern United States and adjacent Canada. D. Van Nostrand Co., NY.
- Gottlieb, L. D. 1977. Electrophoretic evidence and plant systematics Ann. Missouri Bot. Gard. 64: 161-180.
- _____. 1981. Gene number in species of Asterae that have different chromosome numbers. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A 78: 3726-3729.
- Hamrick J. L., Y. B. Linhart and J. B. Mitton. 1979. Relationships between life history characteristics and electrophoretically-detectable genetic variation in plants. Ann. Rev. Ecol. Syst. 10: 173-200.

- Hamrick, J. L. 1989. Isozymes and the analysis of genetic structure in plant populations. *In* Soltis, D. E., Soltis, P. S. 1989. Isozymes in plant biology. pp. 87-105.
- Hara, H. 1952. *Hepatica nobilis* Schreb var. *asiatica* (Nakai) Hara, Journ. Fac. Sci. Univ. Tokyo, sect. 3, 6: 51.
- Hiroe, M. 1957. A cytotaxonomical study on *Anemone hepatica* of Japan. Bot. Mag. Tokyo 70:4-7.
- Lewis, P. and R. Whitkus. 1989. GENESTAT. for microcomputers. ASPT Newsletter 2: 15-16. New ver. (3.3).
- Nakai, T. 1937. Japanese *Hepatica*. J. Jap. Bot. 13: 227-243.305-314.
- _____. 1952. A synoptical sketch of Korean flora. Bull. Nat. Sci. Mus. pp. 27.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. Amer. Nat. 106: 283-292.
- Ohwi, J. 1984. Flora of Japan. Shibundo, Tokyo. pp. 444.
- Satake, Y., J. Ohwi, S. Kitamura, S. Watari, Y. Tominari. 1982. Wild flowers of Japan. Heibonsha Ltd., Pub. Tokyo.
- Soltis, D. E., C. H. Hauffler, D. C. Danow and G. J. Gastony. 1983. Starch gel electrophoresis of ferns: A complication of grinding buffers, gel and electrode buffers, and staining schedules. Can. Fern. Journal 73: 9-27.
- Steyermark and Steyermark. 1960. *In* Sun. 1994. The Report of Korea Science and Engineering Foundation.
- Tamura, M. 1968. Ranunculaceae of Eastern Asia ; General part VII. Science reports Vol. 16, No. 1. pp. 21-43.
- Wang, W., Chang, M., Ling, P., Ting, C., Fang, M. 1980. *In* Flora Republicae Popularis Sinicae. Vol. 28. Ranunculaceae(2), Wang, W. (eds) Institutum Botanicum Academiae Sinicae, Peijing. pp. 58-60.

Fig. 1. Electrophoretic banding patterns of starch gels for *Hepatica* in Korea.
A=GDH, B=IDH, C= LAP, D=MDH, E=6PGD, F=PGI, G=PGM, H=SKDH,
I=TPI. ASI : *H. asiatica*, INS : *H. insularis*