

ITS 염기서열에 의한 한국산 미나리아재비속 미나리아재비절의 분류학적 검토

여성희^{1*} · 이창숙² · 이남숙²

(¹이화여자대학교 사범대학 과학교육과, ²자연과학대학 생명과학과)

한국산 미나리아재비속 미나리아재비(*Acris* Schur)절에 속하는 미나리아재비(*Ranunculus japonicus*)와 근연종인 산미나리아재비(*R. acris* var. *nipponicus*) 및 바위미나리아재비(*R. crucilobus*)의 실체와 분류학적 한계를 파악하기 위해 속, 중간 규명에 많이 이용하고 있는 핵리보솜(ribosomal) DNA의 internal transcribed spacer 구간의 염기서열을 분석하였다. 본 연구는 6개의 균외균을 포함하여 총 18개의 DNA 재료(accessions)의 정렬된 염기서열들을 바탕으로 bootstrap을 포함한 maximum parsimony와 maximum likelihood 분석법에 의한 계통수로 평가하였다. 연구 결과 *Acris*절에 속하는 미나리아재비, 산미나리아재비 및 바위미나리아재비는 단계통군으로 나타났으며 특히 미나리아재비(*R. japonicus*)와 산미나리아재비(*R. acris* var. *nipponicus*)는 같은 분계조를 형성하였다. 이와 달리 바위미나리아재비는 미나리아재비와 산미나리아재비에서 분지된 결과를 보여, 한라산 해발 1500m이상의 높은 지역에 분포하는 바위미나리아재비는 미나리아재비의 아종(*R. japonicus* Thunb. subsp. *chrysotrichus* (Nakai) Y. N. Lee, comb. *nud.*)으로 처리하기보다는, 독립된 고유종인 *R. crucilobus* H. Lévl.으로의 처리를 지지하였다.

주요어: 미나리아재비, 산미나리아재비, 바위미나리아재비, ITS

미나리아재비속(*Ranunculus* L.)식물은 온대와 아한대에 걸쳐 세계적으로 약 600여종이 분포하고 있으며(Komarov, 1985), 우리나라에는 12종이 보고되었다(Nakai, 1952). 본 속 식물은 외부형태적으로 변이가 심하여 각 종의 한계와 학명에 많은 혼란이 있어 왔다(Tamura, 1978; 여, 1984).

미나리아재비속 미나리아재비(*Acris* Schur)절에 속하는 식물은 세계적으로 약 150여종이 분포하며(Tamura, 1967), 우리나라에는 미나리아재비(*Ranunculus japonicus* Thunb.),

*교신저자: 전화:(02)3277-3793, 전송: (02)3277-2684, 전자우편: anemone@ewha.ac.kr
(접수: 2004년 4월 10일, 완료: 2004년 6월 17일)

산미나리아재비(*R. acris* var. *nipponicus* Hara), 바위미나리아재비(*R. crucilobus* H. Lév.), 구름미나리아재비(*R. borealis* Trautv.), 애기미나리아재비(*R. acris* L.), 만주미나리아재비(*R. grandis* Honda) 등이 분포한다(Nakai, 1952; 임, 1974; 이, 1980; 이영노, 1996; 이우철, 1996).

그러나 여(1985)는 Nakai(1952)에 의해 한국에 분포한다고 알려진 구름미나리아재비(*R. borealis*)의 Nakai(1913, 5. 22, SNU3188) 표본을 동정한 결과 외부형태가 바위미나리아재비와 동일함을 확인하였으며, 구름미나리아재비는 우리나라 제주도에 분포하지 않는다고 보고하였다. 또한 이(1996b)도 구름미나리아재비는 바위미나리아재비와 동일종으로 기재하였다.

애기미나리아재비로 알려진 *R. acris* L.는 북부유럽이 원산지이며 북미에 널리 보급되어온 식물이다. 이 식물은 국내에 분포한다는 기제가 있었으나(정, 1956) 미나리아재비와 유사하여 우리나라에 존재하는지는 그 실체가 의문이다. 우리나라 북부 고산에 분포하는 산미나리아재비는 애기미나리아재비의 변종으로 *Ranunculus acris* L. var. *nipponicus* Hara(이영노, 1996; 이우철, 1996), 또는 *R. acris* var. *elatus* Nakai(Nakai, 1937)로 처리되었으나, 여(1985)는 Nakai가 함남에서 채집한 식물표본을 확인한 결과, 잎, 줄기, 꽃, 열매의 특징으로 *R. acris* var. *monticola* (Kitag.) Tamura와 일치하였다.

북부지역에 분포하는 것으로 알려진 만주미나리아재비(*Ranunculus grandis* Honda)의 표본(Ohwi, 평양, 1911. 5. 28, TI)을 저자들은 그 표본외에는 채집된 바 없다. 또한 우리나라와 일본에 널리 분포하는 미나리아재비(*R. japonicus* Thunb.)도 *R. acris* var. *japonicus* (Thunb.) Maxim.으로 처리되기도 하였다(Maximowicz, 1889).

특히 미나리아재비는 서식환경에 따라 식물의 크기, 잎의 크기와 형태, 털의 유무 등에 다양한 변이를 보였다. 여(1978)는 한라산의 고도에 따른 미나리아재비무리의 변이에 관한 연구에서 외부형태, 잎의 표피, 줄기의 관다발수, 화분의 크기, 염색체수 등을 조사한 결과, 미나리아재비와 바위미나리아재비는 식물의 크기를 제외한 모든 특징이 유사하였다. 그래서 바위미나리아재비를 미나리아재비의 아종으로서 *Ranunculus japonicus* Thunb. subsp. *chrysotrichus* (Nakai) Y. N. Lee, comb. nud.로 처리하였다. 그러나 Nakai(1952)는 바위미나리아재비를 *Ranunculus crucilobus* H. Lév. var. *chrysotrichus* Nakai, var. *glabrous* Nakai로 기재한 바 있다.

이상에서와 같이 *Acris*절에 속하는 미나리아재비(*Ranunculus japonicus* L.), 산미나리아재비(*R. acris* L. var. *nipponicus* Hara) 및 바위미나리아재비(*R. crucilobus* H. Lév.)는 식물체의 크기, 잎의 크기와 형태, 털의 유무 등으로 종을 구분하고 있으나 생육환경에 따라 변이가 심하여 형태적으로 종을 분류하는데 한계가 있어, 다른 분류학적 특징에 의한 한계와 학명의 처리를 재고하는 일이 필요하다. 핵내 ribosomal DNA인 ITS부위는 고등식물의 종간 또는 속간의 계통 유연관계를 파악하는데 중요한 자료로 이용되어 왔다(Baldwin *et al.*, 1995; Downie and Katz-Downie, 1996; Kim and Jansen, 1998; Kang *et al.*, 2001; Suh *et al.*, 2002; Compton and Alastair, 2002). 따라서 종의 한계와 학명의 처리 재고 등 분류학적 재검

토가 요구되는 미나리아재비, 산미나리아재비 및 바위미나리아재비를 일차적으로 ITS의 염기서열을 분석하여 각 분류군의 실체와 한계를 파악하고자 하였다.

재 료 및 방 법

*Ranunculus*속 *Acris*절에 속하는 미나리아재비분류군은 5종으로 기재된 바 있으나 구름미나리아재비, 애기미나리아재비와 만주미나리아재비의 실체를 우리나라에서 확인하지 못하였기에 제외하여 미나리아재비, 산미나리아재비 및 바위미나리아재비로 제한하였다(Table 1). 또 외부형태가 전형적인 미나리아재비 식물 개체들을 광릉, 가야산, 제주도 동백동산, 돈내코와 일본에서 5개의 DNA 재료(accessions)를 얻었고, 바위미나리아재비는 제주도 한라산 1700m에서 5개, 산미나리아재비는 백두산에서 2개를 얻었다. 그리고 균외균으로 *Ranunculus*속 *Acris*절에 속하지 않는 4개와 *Adonis*속 2개의 재료를 사용하였다. 총 18개의 재료중 균외균인 *Adonis* 2개의 재료의 염기서열은 gene bank에서 얻었다. 나머지 16개의 재료는 산지에서 직접 채취한 후 이화여자대학교 약초원에 이식 재배한 생체잎을 사용하였다(Table 1).

DNA추출: 재료는 액체질소로 분쇄한 후 2X CTAB 방법으로 60°C에서 DNA를 추출하거나 (Doyle and Doyle, 1987), Dneasy Plant Mini Kit(Quagen, Germany)를 이용해 추출하였다 (Downie *et al.*, 1996). ITS증폭은 primer ITS 4, ITS 5, ITS 2, ITS 3 (White *et al.*, 1990)을 이용하여 Downie *et al.* (2000)의 방법으로 실행하였다. PCR 산물은 AccuPrep PCR Purification Kit(Bioneer Inc, Korea)를 사용하였다. 염기서열분석은 Base station sequencer(MJ research, USA)를 이용하였다.

염기서열의 정렬 및 계통분석: 양방향의 염기서열은 Clustal X program(Gibson *et al.*, 1994)을 이용하여 정렬하였고, 세부 정렬은 수작업을 통해 완성하였다. 정렬된 염기서열은 다른 피자식물 연구(Baldwin *et al.*, 1995)에서 일반적으로 수행하고 있는 PAUP version 4.01b(Swofford, 2002)를 이용해 최대절약분석(maximum parsimony analysis)을 하였으며, Heuristic search를 이용하였고 gap은 missing data로 처리하였다. 분석은 1000회 random stepwise로 반복하였으며, TBR branch swapping하여 Multrees를 구하였다. Bootstrap values (Felsenstein, 1985)는 100회 반복하여 분석하였고, TBR branch swapping하여 simple stepwise option으로 처리하였다.

또한 maximum likelihood분석을 연속 수행하였다. 10회 반복, random addition으로 Heuristic search를 이용하였고, 1000회 bootstrap analysis를 neighbor-joining search와 함께 수행하였다.

Table 1. Taxa list of *Ranunculus japonicus* complex with outgroups of the other *Ranunculus* taxa and two outgroups of *Adonis* for which ITS sequences were obtained (* DNA accession number which obtained from Gene bank).

Species(DNA Accession number)	Locality
<i>Ranunculus acris</i> L. var. <i>nipponicus</i> Hara(21)	China, Mt. Changbaek , June 30 1999, Yeau 1021, EWH
<i>Ranunculus acris</i> L. var. <i>nipponicus</i> Hara(25)	China, Mt. Changbaek , June 15, 2001, Lee 1025, EWH
<i>Ranunculus crucilobus</i> H. Lev.(9)	Jejudo, Mt. Halla , June 10, 2001, Yeau 1009, EWH
<i>Ranunculus crucilobus</i> H. Lev.(10)	Jejudo, Mt. Halla , June 10, 2001, Yeau 1010, EWH
<i>Ranunculus crucilobus</i> H. Lev.(11)	Jejudo, Mt. Halla 1700m, June 10, 2001, Yeau 1011, EWH
<i>Ranunculus crucilobus</i> H. Lev.(12)	Jejudo, Mt. Halla 1700m, June 10, 2001, Yeau 1012, EWH
<i>Ranunculus crucilobus</i> H. Lev.(157)	Jejudo, Mt. Halla 1700m, June 10, 2001, Yeau 1011, EWH
<i>Ranunculus japonicus</i> Thunb.(11)	Gyungbuk. Mt. Gaya, June ?, 2001, Yeau <i>et al.</i> 1011. EWH
<i>Ranunculus japonicus</i> Thunb.(63)	Japan, Osaka, June ?, 2000, Tamura, 1063. EWH
<i>Ranunculus japonicus</i> Thunb.(91)	Gyunggido, Kwangrung, June 8, 2000, Yeau 1091. EWH
<i>Ranunculus japonicus</i> Thunb.(126)	Jejudo, Dongbaekdongsan, July 27, 2001, Yeau 1126, EWH
<i>Ranunculus japonicus</i> Thunb.(170)	Jejudo, Donneko, July 27 2001, Yeau 1170, EWH
<i>Ranunculus cantoniensis</i> De Candolle(1)	Jejudo, Sangdukchun, June 30, 2003, Yeau 1001, EWH
<i>Ranunculus quelparensis</i> (Lev.) Nakai(184)	Jejudo, Mulyoungari, July 27, 2001, Yeau 1184, EWH
<i>Ranunculus repens</i> L. var. <i>major</i> Nakai(7)	Russia, June 22, 2001, Yeau 1007, EWH
<i>Ranunculus tachiroei</i> Franch. et Sav.(178)	Jejudo, Mulyoungari, July 27, 2001, Yeau 1178, EWH
<i>Adonis annua</i> L.(AY148280*)	Jardin des Plantes, Paris, France, A.an.JP. s.n. L. Despres
<i>Adonis vernalis</i> L.(AJ347910*)	Specimen_voucher="Chase 9776, K; taxon:46985; Germany"

결 과

염기서열분석: 18개 재료(accessions)의 염기서열 정렬 결과 628 position을 얻었다. 이중 447개의 염기는 일정하였고, 나머지 181개의 염기에 변화가 있었으며 그 중 120개 염기가 계통학적으로 해상력을 갖는 informative character이었다. 본 결과에서 ITS-1은 230-241bp, 5.8S는 163bp, ITS-2부위는 201-205bp로 ITS-1부위가 ITS-2부위보다 길어 다른 피자식물의 결과(심 등, 2002; Downie *et al.*, 2000)와 상이한 결과를 보여 주었다. 이중 *Ranunculus*속내 군외군(outgroup)으로 사용된 털개구리미나리(*R. cantoniensis*)와 왜젓가락풀(*R. querpertensis*)의 염기서열이 606 position으로 가장 길었고, 부위별 정렬된 특징은 Table 2와 같다. 염기조성은 조사된 전체분류군의 평균이 A 24.40%, C 25.20%, G 26.00%, T 24.40%였고, G+C의 염기조성은 50.7-54.9%였다. 조사된 염기변이는 0-23.39%이나 군외군을 제외한 염기변이는 0.00-0.66%로 *Acris*절의 미나리아재비, 산미나리아재비, 바위미나리아재비의 염기 변이는 낮았다. 조사된 미나리아재비속의 종간 염기변이는 0.66-8.10%이었다. 산미나리아재비

Table 2. Characteristics of the two internal transcribed spacers(ITS-1 and ITS-2) and the intervening 5.8S region, separately and combined, for 18 accessions of *Ranunculus japonicus* complex and outgroups.

Characteristic	ITS-1	5.8S	ITS-2	Combined (ITS-1, 5.8S & ITS-2)
Length variation(bp)	230-241	163	201-205	594-606
No. of aligned positions	255	163	210	628
No. of aligned positions constant	151	154	142	447
No. of aligned positions autamorphic	35	4	22	60
No. of aligned positions parsimony-informative	69	5	46	120
G+C content range (%)	45.7-55.4	50.9-54.0	51.7-55.7	50.70-54.95
Mean of G+C content range (%)	47.60	51.80	55.10	23.00
No. of alignment gaps	32	0	18	50
Pairwise sequence divergence (range in %)				
All 18 accessions	0-37.362	0-4.908	0-27.625	0-23.398
<i>R. japonicus</i> complex only (12 accessions)	0-0.412	0-0.613	0-0.985	0-0.657
No. of minimal length trees	1	1	4	6
Length of shortest trees	135	9	77	222
Consistency index (excluding uninformative characters)	0.901	1.0	0.903	0.899
Retention index	0.939	1.0	0.938	0.937
Rescaled consistency index	0.877	1.0	0.877	0.874

(*R. acris* var. *nipponicus*)와 미나리아재비(*R. japonicus*)의 염기변이는 0.00-0.01%, 미나리아재비와 바위미나리아재비의 염기변이는 0.49-0.66%이었다. 염기의 indel부위는 24-33개였으며, 그 중 가장 큰 분류군은 털개구리미나리(*R. cantoniensis*)가 33개로 가장 많았고, 미나리아재비와 산미나리아재비는 24개로 적게 나타났다.

계통학적 분석: 18개의 ITS 염기서열의 최대절약분석(maximum parsimony)결과, 전체 222단계의 길이를 갖는 6개의 가장 짧은 계통수를 얻었으며, uninformative character를 제외한 consistency index는 0.8993, retention index는 0.9375, rescaled consistency index는 0.8742를 나타내었다. 얻어진 strict consensus tree는 Fig. 1-1과 같으며, bootstrap values는 34-100%로 평균 83%의 지지도를 얻었다. Strict consensus tree내에서 분석결과 *Ranunculus*속은 26개의 synapomorphic change와 100% bootstrap value의 지지도로 *Adonis*속과 분리된 뚜렷한 분계조를 얻었다. 또한 균외군인 기는미나리아재비(*R. repense* var. *major*), 개구리미나리(*R. tachiroe*), 왜젓가락풀(*R. querpaertensis*) 및 개구리미나리그룹은 21개의 synapomorphic change와 98% bootstrap value로 미나리아재비, 산미나리아재비 및 바위미나리아재비 그룹과 뚜렷한 분계조를 이루며 자매군을 형성하였다. 산미나리아재비(*R. acris* var. *nipponicus*), 미나리아재비(*R. japonicus*), 바위미나리아재비(*R. crucialobus*)그룹은 25개의 synapomorphic change와 100% bootstrap value로 미나리아재비속 다른 식물과 분리된 분계조를 구성하므로써 모두 하나의 *Acris*절에 속하는 것을 뒷받침

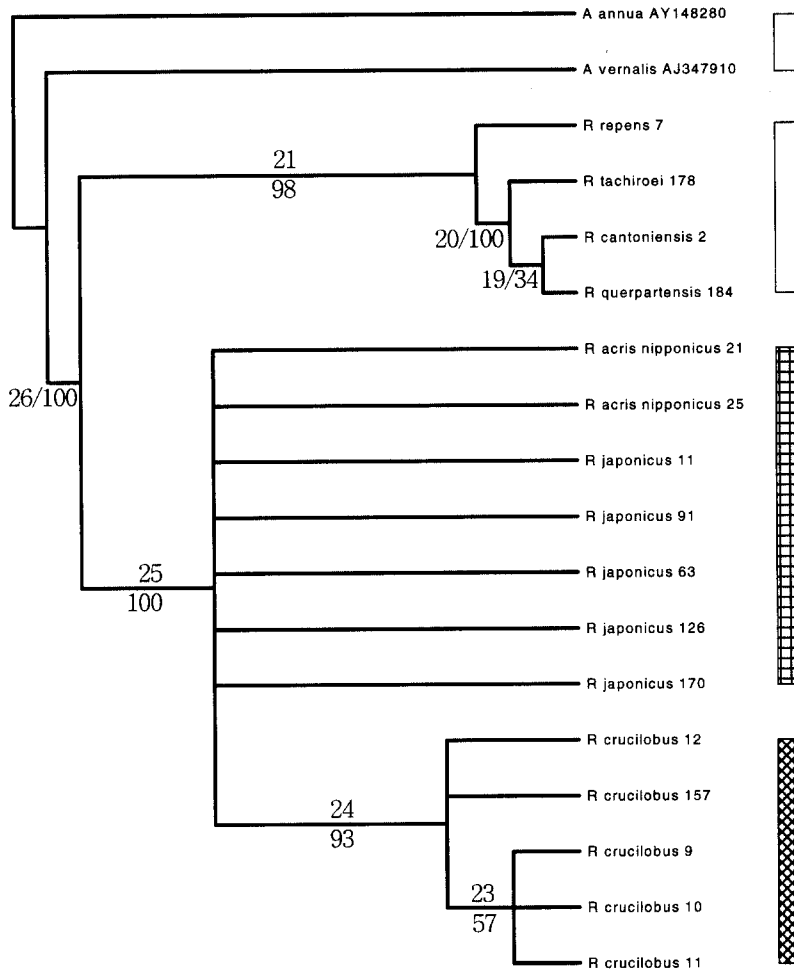


Fig. 1-1. Phylogenetic trees of *Ranunculus japonicus* complex and related taxa reconstructing by maximum parsimony method. The parsimony tree is a strict consensus tree of six equally parsimony tree 222 steps, (CI=0.8993, without uninformative characters; RI=0.9375). Bootstrap percentages are provided below each branch; The number of changes is indicated above branches.

해 주었다. 최대절약분석에 의한 계통수에서는 미나리아재비와 산미나리아재비가 모두 paraphyletic하였으나, maximum likelihood에 의한 계통수는 단계통으로 나타났다.

바위미나리아재비는 24개의 synapomorphic change와 93% bootstrap value로 높은 bootstrap value 수치를 이루며 얻어진 모든 tree는 미나리아재비와 산미나리아재비와 구분되

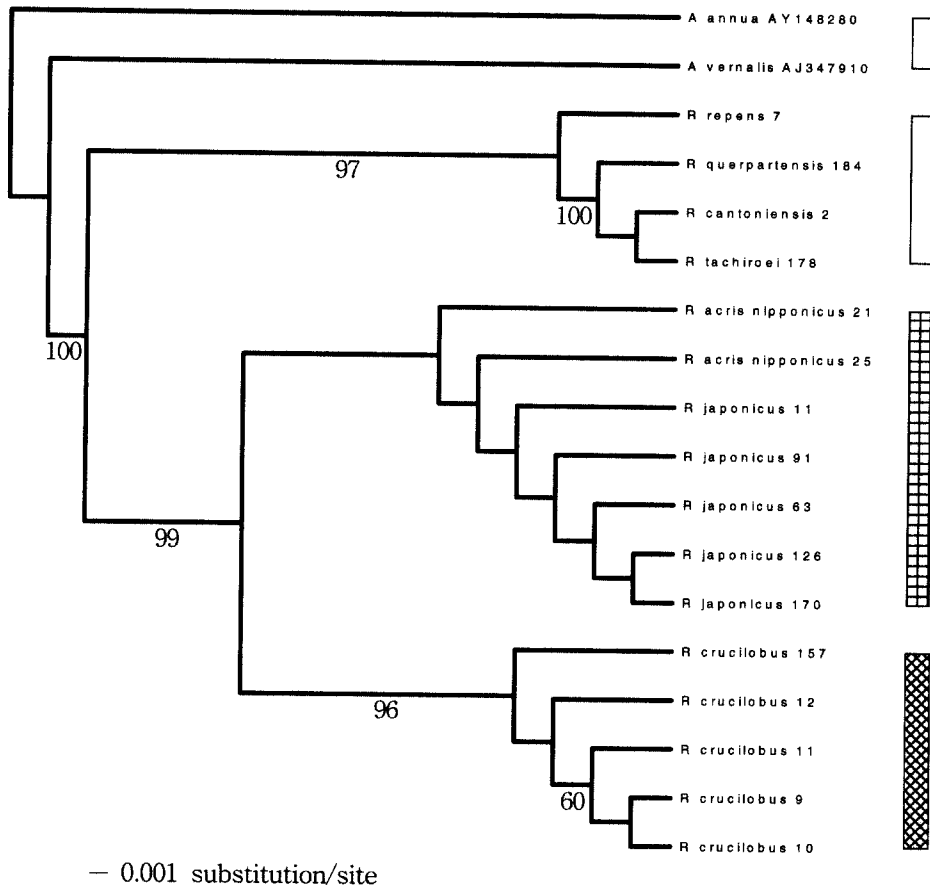


Fig. 1-2. Phylogenetic trees of *Ranunculus japonicus* complex and related taxa reconstructing by maximum likelihood method. The parsimony tree is a strict consensus tree of six equally parsimony tree 222 steps, (CI=0.8993, without uninformative characters; RI=0.9375). Bootstrap percentages are provided below each branch.

는 단계통(monophyletic)으로 나타났다.

50개의 서열된 gap중 24개의 결실된 염기와 11개의 삽입된 염기로 *Ranunculus*속은 *Adonis*속과 뚜렷한 분계 양상을 보였다. *Ranunculus*속내에 제 2 분계조인 균외군 4개의 분류군은 미나리아재비질 식물과 다르게 2개의 결실된 염기와 4개의 삽입된 염기, 12개의 염기치환으로 *Acris*질과 뚜렷한 분계 양상을 보였다. 바위미나리아재비는 140번 염기가 G 대신 A, 497번 염기가 C 대신 T, 549번 염기가 G 대신 A로 치환되었다. 380번 염기에서 대부분의 바위 미나리아재비는 A이나, 일부 개체(DNA accession 12번과 157)는 C가 나타났으며. 미나리아

재비는 C였다(Fig. 1-1). 염기변이 distance로 maximum likelihood에 의하여 neighbor joining search한 tree분석(Saitou and Nei, 1987; Farris *et al.*, 1996) 결과도 maximum parsimony 결과와 거의 일치하였다(Fig. 1-2).

ITS-1와 ITS-2를 분리하여 분석한 계통수는 ITS-1과 ITS-2를 합성하여 분석한 결과와 일치하는 양상을 보였다. 또한 조사한 18개의 accessions의 5.8S부위의 염기서열은 거의 변화가 없이 보존적인 양상을 보였다.

고 찰

미나리아재비무리는 식물의 크기, 잎의 형태 및 크기, 털의 형태 및 분포 등 외부형태적으로 많은 변이를 보이고 있다. 여(1978)는 한라산의 고산과 저지대에 자라는 미나리아재비무리의 변이에 관한 연구에서 외부형태, 잎과 줄기의 내부형태, 화분의 형태 및 크기, 염색체수 및 핵형 등을 조사하여 고산에 자라는 바위미나리아재비는 식물체의 높이가 5-15cm로 소형이고, 가지 끝에 1-3개의 꽃이 5-7월경에 피는데 비해 저지대에 자라는 미나리아재비는 높이 20-100cm, 다수의 꽃이 원추화서로 4-6월경에 핀다. 바위미나리아재비와 미나리아재비의 식물체의 높이와 꽃의 외부형태학적 형질을 제외하고, 내부형태학적, 화분학적, 세포학적 모든 형질이 동일하였다. 따라서 바위미나리아재비를 미나리아재비(*R. japonicus* Thunb.)의 아종으로 취급하여 *R. japonicus* Thunb. subsp. *chrysotrichus* (Nakai) Y. N. Lee, *comb. nud.*로 처리한 바 있었다.

그러나 Fig. 1에서 보는 바와 같이 ITS 계통수에 의하면 바위미나리아재비는 미나리아재비 무리에서 뚜렷하게 분계된 양상을 보여 미나리아재비의 아종으로 처리한 *R. japonicus* Thunb. subsp. *chrysotrichus* (Nakai) Y. N. Lee, *comb. nud.*로, 또는 Nakai(1952)가 변종들(*Ranunculus crucilobus* H. Lévl. var. *chrysotrichus* Nakai, var. *glabrous* Nakai)로 처리하였으나, Leveile(1913)와 Makino(1931)처럼 독립된 종인 *Ranunculus crucilobus* H. Lev.로 처리를 하는 것이 적절하다.

*R. japonicus*와 *R. acris*에 관한 연구(Syamsuardi, 2002; 여, 1978, 1985; Whittemore and Parfitt, 1997)결과에서 외부형태, 줄기의 내부형태, 개화기, 서식처, 염색체 등의 특성을 비교해 보면, 미나리아재비(*R. japonicus* Thunb.)는 북미산 *R. acris*의 변이 범주에 포함되어 있어 *R. acris*의 변종인 *R. acris* var. *japonicus*로 처리한 것이 더 타당한 것으로 보인다. 그러나 수과의 형태에서, 산미나리아재비의 수과 부리는 발달하여 끝이 굽어진 반면에 미나리아재비의 수과의 부리는 거의 없으며 끝이 뭉툭하다. 또한 줄기에 털의 형태에서, 산미나리아재비는 털이 위로 비스듬히 누운 반면, 미나리아재비는 털이 줄기에 수직으로 퍼져나가는 것이 다르다. 이와 같은 차이점으로 미나리아재비(*R. japonicus* Thunb.)와 *R. acris*는 다른 종으로 구분되어 왔다.

우리나라 북부 고산에서 자라는 산미나리아재비는 *R. acris*의 변종인 *R. acris* L. var. *nipponicus* Hara(이영노, 1996; 이우철, 1996; Ohwi, 1965), 또는 *R. acris* var. *elatus* Nakai(Nakai, 1937)로 처리된 바 있으며, 여(1985)는 Nakai가 함남에서 채집한 산미나리아재비 표본을 *R. acris* var. *monticola* (Kitag.) Tamura로 동정한 바 있었으나, 아직 이를 지지하기에 근거가 불확실하여 *R. acris* L. var. *nipponicus* Hara를 따랐다. 그러나, 미나리아재비는 ITS염기서열분석에 의한 tree내에서 산미나리아재비와 동일한 분계조를 형성하므로 산미나리아재비와 유연관계가 매우 가까운 분류군으로 추정되어, 미나리아재비가 *R. japonicus*로 처리하기 보다는 *R. acris* 종내 아종, *R. acris* L. subsp. *japonicus* (Thunb.) Hulten으로 처리한 것을 지지하였다.

미나리아재비는 본 연구의 산미나리아재비가 ITS염기서열분석에 의한 tree내에서 동일한 분계조를 형성할지라도 분류학적 처리를 명확히 하기 위해서는 *Acris*절에 속하는 한국 북부 지역의 만주미나리아재비(*R. grandis*)를 포함하여 북미산 *R. acris* 및 그 변종들에 대한 다양한 재료를 사용한 차후 연구결과에 의해서 밝혀져야 할 부분이다.

그러나 바위미나리아재비는 미나리아재비(*R. japonicus* Thunb.)와는 다른 분계조로 *R. crucilobus* H. Lév.의 분류학적 처리를 지지하는 결과를 얻었으므로, 여(1984)의 결과보다는 Makino(1931), 이(1996)를 지지한다. 따라서, 바위미나리아재비는 미나리아재비가 한라산의 고산에 적응된 아종인 *R. japonicus* Thunb. subsp. *chrysotrichus* (Nakai) Y. N. Lee, comb. *nud.* 보다는 우리나라 고유식물인 *R. crucilobus* H. Lév.로 인정될 수 있을 것으로 판단된다.

감 사 의 글

본 연구는 2003년도 이화여자대학교 교내연구과제에 의한 연구임.

인 용 문 헌

- Baldwin, M., J. Sanderson, J. M. Porter, M. F. Wojciechowski, C. S. Camoell and M. J. Donoghue. 1995. The ITS region of nuclear ribosomal DNA: a valuable source of evidence on angiosperm phylogeny. *Ann. Missouri Bot. Gard.* 82: 247-277.
- Compton, J. A. and C. Alastair. 2002. Phylogeny and circumscription of tribe *Actaeae* (Ranunculaceae). *Syst. Bot.* 27: 502-511.
- Doyle, J. J. and J. A. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem. Bull. Bot. Soc. Amer.* 19: 11-15.
- Downie, S. R. and D. S. Katz-Downie. 1996. A molecular phylogeny of Apiaceae

- subfamily Apioideae: evidence from nuclear ribosomal DNA internal transcribed spacer sequences. *Amer. J. Bot.* 83: 234-251.
- _____, _____ and K. Spalik. 2000. A phylogeny of Apiaceae tribe Scandiceae: evidence from nuclear ribosomal DNA internal transcribed spacer sequences. *Amer. J. Bot.* 87: 76-95.
- Farris, J. S., V. A. Albert, M. Källersjö, D. Lipscomb and A. G. Kluge. 1996. Parsimony jackknifing outperforms neighbor-joining. *Cladistics* 12: 99-124.
- Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* 39: 783-791.
- Gibson, T., D. Higgins and J. Thompson. 1994. Clustal X Program. EMBL, Heidelberg, Germany.
- Kang, S. H., S. J. Tang, N. Nakagosh and S. C. Ko. 2001. Intraspecific genetic variation of ITS regions between two karyotypes in *Ranunculus cantoniensis* (Ranunculaceae). *Korean J. Pl. Taxon.* 31: 57-68.
- Kim, Y. D. and R. K. Jansen. 1997. Phylogenetic implications rbcL and ITS sequence variation in the Berberidaceae. *Syst. Bot.* 21: 391-396
- Komarov, V. C. 1985. Flora of U. S. S. R: Ranales and Rhoadales. Bishen Singh Mahendra Pal Singh and Koeltz Scientific Books, Pp. 354-508.
- Leveille, H. 1913. Decades plantarum novarm. LXXXIX. Feddes Repert. Spec. Nov. Regni Veg. 11: 31-33.
- Makino, T. 1931. A contribution to the knowledge of the Flora of Nippon. *J. Jap. Bot.* 7: 31.
- Maximowicz, C. J. 1889. Enumeratio Plantarum hucusque in Mongolia nec non adijacente parte Turketaniae senenses Lectum (Flora Mongolica). I. p. 21.
- Nakai, T. 1937. Notulae and plants Asiae Orientalis. *J. Jap. Bot.* 8: 471-476.
- _____. 1952. A synoptical sketch of Korean flora. *Bull. Natl. Sci. Mus., Tokyo*, Pp. 31-26.
- Ohwi, J. 1965. Flora of Japan. Smithsonian Institute Washington, DC. Pp. 200-204.
- Saitou, N. and M. Nei. 1987. The neighbour-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molec. Biol. Evol.* 4: 406-425.
- Suh, Y., J. Lee, S. Lee, S. H. Yeau and N. S. Lee. 2002. Molecular evidence for the taxonomic identity of Korean *Adonis* (Ranunculaceae). *J. Pl. Res.* 115: 217-223.
- Swofford, D. L. 2002. PAUP*. Phylogenetic analysis using parsimony (*and other methods). Version 4.01b10. Sunderland: Sinauer Associates. MA, USA.
- Syamsuardi, H. O. and M. Ogawa. 2002. A new variety of *Ranunculus japonicus* (Ranunculaceae) and its genetic relationships to the related species of sect. *Acris* in

- Japan. Acta Phytotax. Geobot. 53: 121-132.
- Tamura, M. 1967. The morphology, ecology and evolution of Ranunculaceae. Sci. Rep. Coll. Gen. Educ. Osaka Univ. 16: 21-43.
- _____. 1978. Nelalese specimens of *Ranunculus* and its allied genera preserved in British Museum(Natural History). Sci. Rep. Coll. Gen. Educ. Osaka Univ. 27: 99-117.
- White, T. J., T. Bruns, S. Lee and J. Taylor. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In PCR Protocols: A guide to methods and applications, Innis, M. A., D. H. Gelfand, J. J. Sninsky and T. J. White (eds.), Academic Press, San Diego. Pp. 315-322.
- Whittemore, A. T. and B. D. Parfitt. 1997. Flora of North America. vol. 3. Oxford Univ. Press, New York. Pp. 95.
- 심정기·박홍덕·박선주. 2002. ITS 염기서열에 의한 한국산 붓꽃속(*Iris*)의 계통학적 연구. 식물분류학회지 32: 33-53.
- 여성희. 1978. 한라산의 고도에 따른 미나리아재비무리의 변이에 대한 연구. 식물분류학회지 8: 33-41.
- _____. 1984. 한국산 미나리아재비속(*Ranunculus*)식물의 잎 형태와 표피형. 식물분류학회지. 14: 169-180.
- _____. 1985. 한국산 미나리아재비속(*Ranunculus*)식물의 계통분류학적 연구. 이화여자대학교 박사학위논문. Pp. 122.
- _____. 1993. 한국산 미나리아재비속 식물의 화분학적 연구. 식물분류학회지. 163: 161-173.
- 이영노. 1996. 한국식물도감. 교학사, 서울.
- 이우철. 1996. 원색한국기준식물도감. 아카데미서적, 서울.
- 이창복. 1980. 대한식물도감. 향문사, 서울.
- 임록재. 1974. 조선식물지. 과학출판사, 평양.
- 정태현. 1956. 한국식물도감(하권). 신지사, 서울.