

Z 115 Genetic Diversity and Population Structure in *Kaloula borealis*
(Anura: Microhylidae)

Suh-Yung Yang, Jong-Bum Kim*, Mi-Sook Min, Jae-Hwa Suh, and
Young-Jin Kang
Department of Biology, Inha University

Isozyme analysis on 11 populations of *Kaloula borealis* from Korea and China was performed to assess the genetic diversity and population structure of this species. A sum of 28 loci were screened from 19 enzymes and general proteins. Of 28 loci examined, 16 (57%) were monomorphic in Korean populations. The average genetic variability of Korean populations is $P=13.2\%$ (7.1-14.3%), $H_o=0.048$ (0.012-0.094) and $H_e=0.045$ (0.019-0.101) and this value is much lower than that of Chinese population($P=50\%$, $H_o=0.125$, $H_e=0.172$). The average level of genetic diversity among Korean populations and between Korean and Chinese population was $D=0.024$, $S=0.948$ and $D=0.034$, $S=0.896$ respectively. Wright's F-statistics show that Korean *kaloula borealis* has distinctly low level of gene flow($F_{ST}=0.339$, $Nm=0.487$) among regional populations in comparison with other Korean amphibia species.

Z 116 한국산 양서류의 계통유연관계

서재화
인하대학교 생물학과

세계적으로 양서류(양서강, Class Amphibia)는 영원목(Order Gymnophiona), 사이렌목(Order Meantes), 도롱뇽목(Order Caudata), 개구리목(Order Salientia) 등 4개의 목으로 분류되어 있으며, 그 중 한국에 서식하고 있는 양서류는 도롱뇽목과 개구리목 등 2목 6과 7속 17종이 분포하고 있다(Shannon, 1956; Yang and Yu, 1978; Kim, 1988; Yang *et al.*, 1997a, b). 본 연구에서는 현재까지 종수준에서만 이루어져 있는 한국산 양서류의 계통유연관계를 Mitochondrial 12S rRNA gene을 이용하여 염기서열을 밝힘으로써, 속이나 과차원의 상위 분류군에서의 분자적 계통유연관계를 알아보하고자 하였으며, 더불어 형태적 자료에 의한 과차원에서의 계통유연관계(Duellman and Trueb, 1986)와 비교하고자 하였다. MEGA program을 이용하여 각 종간의 같은 염기서열을 비교한 maximum homology 분석과 각 종의 염기조성비율 분석을 실시하였으며, Tamura-Nei distance matrix를 이용하여 각 종간의 계통유연관계를 알아 보았다. 그 결과 개구리과와 맹꽂이과, 청개구리과와 두꺼비과, 무당개구리과 및 도롱뇽과 등 크게 4개의 group으로 clustering됨을 알 수 있었다.