

D-35 한국산 유미류(Urodela) mtDNA의 유전적 변이에 대하여

이혜영, 박옥이*, 진정화*, 오세조, 양서영
인하대학교 이과대학 생물학과

한국산 도롱뇽 23개 집단과 꼬리치레 도롱뇽 1개집단을 재료로 종내 및 종간 유전적 변이를 알아보고자 제한 효소에 의한 mtDNA 절편 분석을 실시 하였다. 제한 효소가 처리된 각 절편의 합으로 크기를 산출한 결과 도롱뇽의 mtDNA의 크기는 $16.5 \pm 0.1\text{kb}$, 꼬리치레 도롱뇽은 $16.9 \pm 0.1\text{kb}$ 였고 7개의 제한 효소에 의한 도롱뇽과 꼬리치레 도롱뇽의 총 절편수는 11-24개로 나타났다. 공통절편수와 염기치환율에 의한 mtDNA의 유전적 변이를 분석한 결과 F값은 0.592 ± 0.02 , p값은 0.110 ± 0.01 로 나타났다. 일반적으로 척추동물의 종내 변이 p 값 정도는 약 5% 이나 도롱뇽과 꼬리치레도롱뇽의 경우 약 2%로 종간 및 종내 변이가 낮은 것으로 사료된다.

D-36 한국산 도롱뇽의 유전적 변이 및 분포

양서영, 김종범, 서재화*, 석호영
인하대학교 이과대학 생물학과

양서류중 최근에 Yang 등(1982)에 의해 유전적 다형성이 보고된 한국산 도롱뇽 (*Hynobius leechii* Boulenger, 1887)의 분류학적 위치와 지리적 분포 및 유전적 다양성을 조사하기 위하여 전국에서 총 30 집단을 채집하여 전기영동법을 이용한 isozyme 분석을 실시하였다. 유전자 분석 결과 한국산 도롱뇽은 1. 구례집단을 포함한 내륙집단들(A Form), 2. 제주도를 포함한 섬 및 반도에 서식하는 집단들(B Form), 3. 고리지역 집단들(C Form) 등 유전적 차이가 뚜렷한 3개의 분류군이 서식함이 확인되었고 각 Form 및 집단의 유전적 변이 정도가 확인되었다.