

## Genome size variation in *Rana arvalis* and some related brown frog species, including taxonomic comments on the validity of the *R. arvalis* subspecies

SPARTAK N. LITVINCHUK<sup>1</sup>, LEO J. BORKIN<sup>2</sup> & JURY M. ROSANOV<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institute of Cytology, Russian Academy of Sciences, Tikhoretskiy pr. 4, St. Petersburg 194064, Russia, slitvinchuk@yahoo.com; <sup>2</sup>Zoological Institute, Russian Academy of Sciences, Universitetskaya nab. 1, St. Petersburg 199034, Russia, lacerta@zin.ru

### Genomgrößen-Variation bei *Rana arvalis* und einigen verwandten Braunfroscharten, einschließlich taxonomischer Bemerkungen zur Validität der Unterarten von *R. arvalis*

Der DNA-Gehalt des diploiden Zellkerns von *Rana arvalis* und acht nahe verwandter Braunfroscharten wurde mittels Durchflusszytometrie bestimmt. Auf Grund der Genomgrößen konnten wir drei Gruppen von Braunfröschen unterscheiden. Die erste Gruppe wies geringere Kern-DNA-Gehalte auf (10,04–11,76 pg) und bestand aus *R. temporaria*, *R. dalmatina*, *R. asiatica*, *R. amurensis*, *R. dybowskii* und *R. pirica*. Die zweite Gruppe mit intermediären Werten (12,52–13,76 pg) umfasste *R. arvalis* und *R. macrocnemis*, und die dritte Gruppe enthielt nur *R. graeca* (15,24–15,44 pg). *Rana arvalis* wies überlappende Genomgrößen nur zu *R. macrocnemis* auf. Bei den Unterarten von *R. arvalis* bestand der größte Unterschied zwischen *R. a. arvalis* und *R. a. wolterstorffi* (2,0 %); zwischen *R. a. arvalis* und *R. a. issaitschikovi* unterschieden sich die Genomgrößen um 1,7 %, und zwischen *R. a. arvalis* und *R. a. altaica* um 0,4 %. Die Taxonomie von *R. arvalis* wird diskutiert.

**Schlüsselbegriffe:** Amphibia, Anura, Ranidae, paläarktische Braunfrösche, *Rana arvalis*, Kern-DNA-Gehalt, Genomgröße, Durchflusszytometrie.

### Abstract

The amount of DNA per diploid nucleus in *Rana arvalis* and eight close related species of brown frogs was determined by flow cytometry. Based on genome size data, we recognized three groups of brown frogs. The first group demonstrated smaller amounts of nuclear DNA (10.04–11.76 pg) and consisted of *R. temporaria*, *R. dalmatina*, *R. asiatica*, *R. amurensis*, *R. dybowskii*, and *R. pirica*. The second group with intermediate values (12.52–13.76 pg) included *R. arvalis* and *R. macrocnemis*, and the third group contained only *R. graeca* (15.24–15.44 pg). *Rana arvalis* had overlapping genome sizes only with *R. macrocnemis*. Among the *R. arvalis* subspecies, the largest difference was between *R. a. arvalis* and *R. a. wolterstorffi* (2.0 %); between *R. a. arvalis* and *R. a. issaitschikovi* genome sizes differed by 1.7 %, and between *R. a. arvalis* and *R. a. altaica* by 0.4 %. The taxonomic structure of *R. arvalis* is discussed.

**Key words:** Amphibia, Anura, Ranidae, Palearctic brown frogs, *Rana arvalis*, nuclear DNA content, genome size, flow cytometry.