

濒危物种裂叶沙参及其近缘广布种泡沙参的遗传多样性研究

葛 颂 洪德元

(中国科学院植物研究所系统与进化植物学开放研究实验室 北京 100093)

摘要 根据对 12 个形态性状的统计分析和 10 个基因位点的等位酶检测,探讨了濒危植物裂叶沙参及其近缘广布种泡沙参的遗传多样性水平。对 3 个裂叶沙参和 6 个泡沙参天然群体的遗传分析表明,两种沙参属植物均具有很高的遗传变异水平,这种变异性既体现在形态学水平上,也体现在酶位点水平上。在 2 个茎叶形状以及 10 个花果和种子形状上,濒危种裂叶沙参的变异性均与广布种相当;同样,根据 7 个酶系统 10 个等位酶位点的度量,裂叶沙参群体的平均变异水平 ($P=0.60, A=1.87, H=0.180$) 也与广布的泡沙参 ($P=0.60, A=1.82, H=0.193$) 相当。结果表明,濒危种裂叶沙参并未表现出遗传变异性的下降。结合生态学研究资料表明,导致裂叶沙参濒危的主要原因是生态学因子,故生境保护对裂叶沙参的生存和发展是至关重要的。

关键词 裂叶沙参, 泡沙参, 形态变异, 等位酶变异, 濒危机制

分类号 Q943

探讨物种稀有和濒危的机制是生物多样性研究与保护的热点之一,而稀有和濒危物种的群体遗传学研究则是其中的一个重要方面^[1,2]。对濒危物种的遗传多样性研究不仅有助于了解物种的进化历史和适应潜力以及探讨物种濒危的机制,同时也关系到能否以及如何采取科学有效的措施来保护物种。早在本世纪初,一些学者就指出稀有或特有种往往出现遗传上的衰退^[3],近十多年来采用等位酶电泳技术的大量研究进一步证实了这种现象,即稀有或特有种以及分布范围狭窄的植物种与分布范围广的物种相比,遗传多样性水平较低^[3,4]。然而,近年来的一些研究发现,有些稀有或濒危物种具有较高的遗传变异水平,并未表现出遗传多样性水平的下降^[5~9]。由于一个物种的地理分布、遗传多样性水平和群体遗传结构与物种的进化历史、系统发育地位、生活史特性等许多因素有关,不同物种的研究结果很难在同一标准下进行比较,因此越来越多的研究者将研究的重点转向近缘物种间(濒危物种和广布物种)群体遗传学的对比研究^[10,11]。

裂叶沙参 (*Adenophora lobophylla* Hong) 和泡沙参 (*A. potaninii* Korsh.) 为桔梗科沙参属的多年生草本植物。前者仅分布于我国四川西北的马尔康、金川、丹巴等县,而后者则广布于我国西北和西南各省区。近年来,大规模野外调查表明,裂叶沙参的分布范围已

明显减小, 目前仅分布于四川省金川县境内以及紧靠金川的丹巴县高山狭谷地带, 在一些标本记载的分布点上已消失, 现存群体的规模也明显缩小, 因此该种处于濒危状况^①。由于裂叶沙参和泡沙参为同属的近缘种, 具有相近的生活史特性、一致交配系统^[12], 而地理分布范围明显不同, 因此很适合于进行遗传多样性的对比研究。本研究根据形态性状的统计分析和等位酶电泳技术从形态和酶位点两个不同水平研究了这两个物种的遗传多样性, 并结合来自生态学方面的证据, 对濒危物种裂叶沙参濒危的机制进行了初步探讨。

1 材料和方法

1.1 群体取样 从 1992~1994 年, 我们在大规模野外调查的基础上, 把近 30 个天然群体共 500 余株沙参属植物移栽于实验园地内, 其中的 6 个泡沙参群体和 3 个裂叶沙参群体即为本研究的实验材料, 这些群体的地理位置、取样大小、生境特点等详见表 1。

表 1 群体编号、样本大小、地理位置和生境特点

Table 1 Population number, size, locality and habitat

群体号 Population No.	地理位置 Locality	采样数 No. of plants	生境特点 Habitat
P09	陕西延安南泥湾 Nanniwan, Yanan, Shaanxi	26	480m, 阴坡, 杂草灌丛, 土壤多石 grass or bushes of shady slope
P10	山西运城西姚山 Mt. Xiyao, Yuncheng, Shanxi	35	750m, 半阴坡, 矮草丛, 土壤多石 grass of shady or sunny slope
P07	甘肃天水吕二沟 Luergou, Tianshui, Gansu	26	1 350m, 半阴坡, 田边, 土壤深厚无石 grass near farmland on hill
P06	陕西勉县定军山 Dingjunshan, Mianxian, Shaanxi	25	625m, 阴坡, 杂草灌丛, 土壤多石 grass or bushes of shady slope
P03	四川茂县曲谷乡 Qugu Village, Maoxian, Sichuan	23	3 000m, 阴坡, 杂草灌丛, 土壤多石 grass or bushes of shady slope
B01	四川马尔康查北村 Zhabei Village, Barkam, Sichuan	22	2 560m, 阴坡, 灌丛, 土壤深厚多石 grass or bushes near farmland on hill
L01	四川金川安宁龙船 Longchuan, An' ning, Jinchuan, Sichuan	25	2 750m, 半阴坡, 高草灌丛, 土壤多石 grass or bushes of shady slope
L02	四川金川安宁八卦碛沟 Baguadiao, An' ning, Jinchuan, Sichuan	16	2 450m, 阴坡, 林边灌丛, 土壤多石 bushes of shady slope or near woods
L03	四川金川安宁碳厂沟 Tanchang, An' ning, Jinchuan, Sichuan	18	2 600m, 阴坡, 高草灌丛, 土壤多石 bushes of shady slope

1.2 形态性状观测 根据以往对 22 个天然群体共 34 个形态性状的研究^[13,14], 我们选择其中可塑性小、主要受遗传控制的 12 个形态性状进行统计分析, 包括 2 个茎叶性状、6 个花部性状和 4 个种子及果实性状。这些性状的观测方法详见前文^[13]。

1.3 酶电泳实验 试材均取自实验园地内移栽的天然群体, 每个群体取样个体为 15~26 株。每株个体摘取幼嫩叶片 0.3g, 在冰浴中匀浆提取, 离心后取上清液保存于 0~4℃, 3 天内使用。采用聚丙烯酰胺凝胶板状电泳技术, 样品的提取、凝胶系统的制备、电泳和染色以及电泳的凝胶缓冲系统等详见 [15]。本研究共测定了 15 种酶系统, 通过发育和器官特异性分析以及杂交实验, 其中下列 7 种酶系统 10 个位点的孟德尔遗传方式得到证实^[15],

① 张文辉, 1995, 裂叶沙参种群动态与濒危机制的研究(博士学位论文)

即天冬氨酸转氨酶 (AAT)、酯酶 (EST)、甲酸脱氢酶 (FDH)、谷氨酸脱氢酶 (GDH)、异柠檬酸脱氢酶 (IDH)、苹果酸酶 (ME) 和超氧化物歧化酶 (SOD)。本研究以这 10 个等位酶位点为遗传标记进行遗传多样性分析。

1.4 数据处理 形态性状的变异以群体为单位采用变异系数 (CV) (标准差 / 平均数) 进行度量。等位酶水平上的遗传多样性以常规的多态位点比率 (P) (Proportion of polymorphic loci)、等位基因平均数 (A) (Average number of alleles per locus)、平均期望杂合度 (H_e) (Average expected heterozygosity) 和观察杂合度 (H_o) (Average observed heterozygosity) 来度量。另外, 根据 Wright 的固定指数 $F^{[16]}$ 来衡量群体是否偏离 Hardy-Weinberg 平衡。遗传多样性计算采用 BIOSYS-1 程序^[17]完成。

2 结果

2.1 表型性状的变异 本研究所测定的 12 个形态性状在群体中的变异幅度相差较大, 其中 2 个茎叶性状在群体中的变异性最高, 茎被毛 CV 平均值为 0.572 (泡沙参) 和 0.619 (裂叶沙参), 叶形 CV 平均值 0.519 (泡沙参) 和 1.276 (裂叶沙参)。其余 10 个花部、果实和种子性状的 CV 平均值均不超过 0.2。另一方面, 同一性状在不同群体中的变异系数也相差很大, 如在叶形性状上群体 L02 的变异系数 (1.951) 是群体 P06 (0.147) 的 13 倍多。

为了更清楚地比较濒危种裂叶沙参和广布种泡沙参的表型变异性, 我们计算了二者

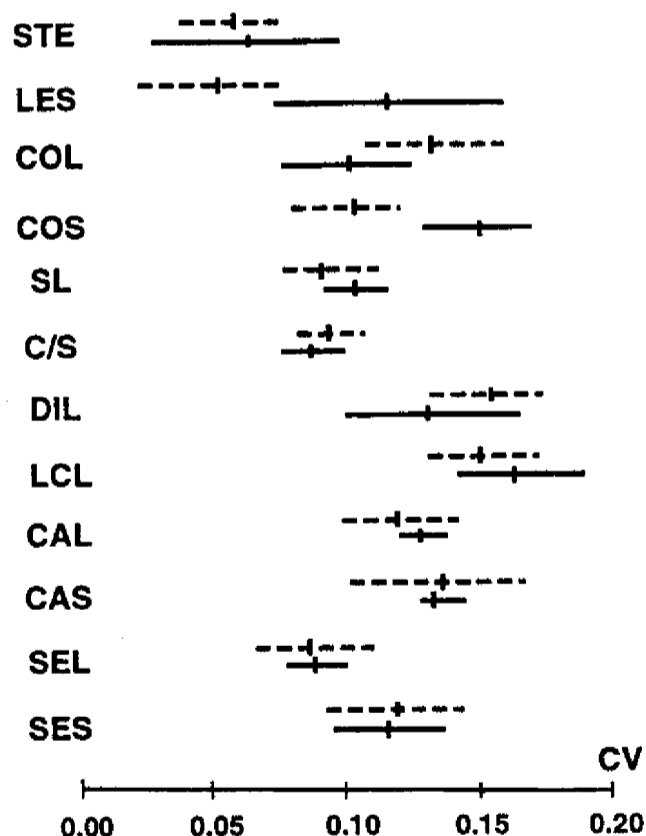


图 1 裂叶沙参 (实线) 和泡沙参 (虚线) 群体 12 个形态性状的平均变异系数及其标准差 (CV) (英文缩写代表性状, 详见表 2)

Fig. 1 Averages and standard deviations of coefficients of variation (CV) for 12 morphological characters of *A. lobophylla* (solid lines) and *A. potaninii* (broken lines) populations (the codes represent the morphological characters, which correspond to those in Table 2)

在群体水平上的平均变异系数及其标准差并作图 (图 1)。由图 1 可见, 两个物种在群体水平上的表型变异性并无明显差异。在所分析的 12 个表型性状中, 广布种在 5 个性状 (花冠长、冠长 / 柱长、花盘长、果实形态和种子形态) 上的变异性大于濒危种, 而在另 7 个性状上濒危种的变异性大于广布种, 但除了叶形和花冠形态以外, 两个种的其他性状在群体水平上的平均变异性均相差不大 (表 2)。

2.2 等位酶变异 在本研究采用的 10 个等位酶位点中, 7 个为多态位点 (含 2 个以上的等位基因), 全部 10 个位点的等位基因频率列于附表中, 各项遗传多样性指标见表 3。由表 3 可见, 沙参属植物的遗传变异水平很高, 以群体为单位的多态位点比率均在 0.40 以上, 等位基因平均数在 1.5 到 2.0 之间, 平均期望杂合度在 0.102 至 0.283 之间。如将广布种和濒危种进行对比, 不管是在群体水平上还是在物种水平上, 濒危种的遗传多样性水平都和广布种相当, 某些指标甚至还略高一些 (表 3)。由表 3 还可以看出, 2 个物种的 F 值相近, 平均为 0.140 (裂叶沙参) 和 0.136 (泡

表 2 裂叶沙参和泡沙参群体在12个形态性状的变异系数

Table 2 Coefficients of variation (CV) for 12 morphological characters of *A. lobophylla* and *A. potaninii*.

性状 Character	泡沙参 <i>A. potaninii</i>						裂叶沙参 <i>A. lobophylla</i>		
	P09	P10	P07	P06	P03	B01	L01	L02	L03
Stem indumentum (STE)	0.485	0.306	0.287	0.525	0.614	1.214	1.241	0.151	0.464
Leaf shape (LES)	0.789	0.283	0.284	0.147	0.834	0.778	0.267	1.951	1.610
Corolla length (COL)	0.113	0.123	0.097	0.161	0.151	0.145	0.082	0.137	0.079
Corolla shape (COS)	0.105	0.119	0.127	0.102	0.076	0.081	0.136	0.170	0.148
Style length (SL)	0.095	0.082	0.077	0.088	0.100	0.116	0.107	0.092	0.104
Corolla/Style length (C/S)	0.081	0.102	0.098	0.088	0.089	0.094	0.098	0.075	0.090
Disc length (DIL)	0.141	0.151	0.139	0.137	0.152	0.199	0.188	0.142	0.060
Length of calyx lobe (LCL)	0.133	0.168	0.142	0.145	0.184	0.127	0.125	0.185	0.189
Capsule length (CAL)	0.152	0.133	0.089	0.099	0.113	0.126	0.120	0.126	0.137
Capsule shape (CAS)	0.175	0.128	0.118	0.091	0.127	0.187	0.130	0.144	0.130
Seed length (SEL)	0.095	0.108	0.085	0.063	0.110	0.068	0.097	0.099	0.075
Seed shape (SES)	0.103	0.138	0.099	0.089	0.150	0.131	0.141	0.095	0.112

表 3 裂叶沙参和泡沙参群体的遗传多样性

Table 3 Genetic variability of *A. lobophylla* and *A. potaninii*

群体 Population	$N^1)$	A	P	H_o	H_e	F
P09	16	1.9	0.70	0.257	0.283	0.092
P10	22	2.0	0.60	0.175	0.213	0.178
P07	15	1.8	0.70	0.160	0.191	0.162
P06	16	1.7	0.60	0.138	0.167	0.174
P03	26	2.0	0.60	0.158	0.183	0.137
B01	17	1.5	0.40	0.092	0.102	0.098
平均 Mean		1.82	0.60	0.163	0.193	0.140
物种 Species ²⁾		2.70	0.70	0.199
L01	21	1.9	0.60	0.143	0.180	0.206
L02	15	1.8	0.60	0.127	0.135	0.060
L03	18	1.9	0.60	0.192	0.224	0.143
平均 Mean		1.87	0.60	0.154	0.180	0.136
物种 Species		2.50	0.70	0.235

1) 样本大小 The number of individuals sampled

2) 表示以物种为单位的遗传变异性 Represents the genetic diversity at species level

沙参),说明群体中纯合体的频率略高于期望值。

3 讨论

3.1 裂叶沙参和泡沙参的遗传多样性 本研究的结果表明,2种沙参属植物均具有很高的遗传变异水平,这种变异性既体现在形态学水平上,也体现在等位酶位点水平上。形态学上丰富的变异性与以往杂交实验和子代测定的结果是一致的^[14,15]。如果同以往159个多年生草本植物种的等位酶平均变异水平($P=0.28$, $A=1.40$, $H=0.096$)^[17]相比,本研究2种沙参属植物的变异水平($P=0.60$, $A=1.82$ 和 1.87 , $H=0.193$ 和 0.180)非常高。由于沙参属植物雌雄异熟,异花传粉的机制较为充分,而且寿命较长、适应性强,故群体保持高水平的遗传变异是不奇怪的,接近于0的 F 值也说明2个物种以异交为主的特点。然而,值

附表 裂叶沙参和泡沙参群体在10个等位酶位点上的基因频率

Appendix allele frequencies at ten allozyme loci in the populations of *A. lobophylla* and *A. potaninii*

位点 Locus	泡沙参 <i>A. potaninii</i>						裂叶沙参 <i>A. lobophylla</i>		
	P09	P10	P07	P06	P03	B01	L01	L02	L03
<i>Aat-3</i>									
A	0.143	0.050	0.050	0.038	0.058	0.000	0.048	0.000	0.038
B	0.857	0.900	0.950	0.962	0.942	1.000	0.952	0.933	0.962
C	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.067	0.000
<i>Aat-4</i>									
A	0.071	0.075	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.038
B	0.286	0.125	0.400	0.077	0.135	0.000	0.167	0.700	0.462
C	0.643	0.650	0.550	0.923	0.827	1.000	0.833	0.267	0.346
D	0.000	0.150	0.000	0.000	0.038	0.000	0.000	0.033	0.154
E	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Est-3</i>									
A	0.071	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
B	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000	0.115	0.048	0.000	0.000
C	0.000	0.000	0.000	0.000	0.019	0.000	0.000	0.000	0.000
D	0.643	0.725	0.700	0.731	0.615	0.538	0.405	0.000	0.000
E	0.286	0.150	0.300	0.269	0.365	0.346	0.548	1.000	1.000
<i>Fdh</i>									
A	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
B	0.000	0.000	0.000	0.000	0.077	0.000	0.000	0.000	0.000
C	0.286	0.300	0.600	0.346	0.250	0.154	0.167	0.000	0.000
D	0.000	0.000	0.000	0.000	0.077	0.000	0.024	0.000	0.000
E	0.714	0.700	0.400	0.577	0.596	0.846	0.786	0.933	0.962
F	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.024	0.067	0.038
G	0.000	0.000	0.000	0.077	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Gdh-2</i>									
A	0.143	0.100	0.050	0.077	0.000	0.000	0.000	0.067	0.154
B	0.857	0.900	0.950	0.923	0.962	0.962	0.952	0.633	0.500
C	0.000	0.000	0.000	0.000	0.038	0.038	0.048	0.300	0.346
<i>Idh-1</i>									
A	0.250	0.200	0.050	0.192	0.154	0.038	0.286	0.000	0.000
B	0.750	0.800	0.950	0.808	0.846	0.962	0.714	0.200	0.500
C	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.800	0.500
<i>Idh-2</i>									
A	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Me</i>									
A	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Sod-1</i>									
A	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Sod-2</i>									
A	0.643	1.000	0.950	1.000	1.000	1.000	1.000	0.833	0.846
B	0.357	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
C	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.154

得一提的是, 本研究发现濒危物种裂叶沙参的形态变异和酶位点多样性均与同属广布种泡沙参相当, 没有任何遗传变异水平的下降(图1和表3)。在 Hamrick and Godt (1989) 的总结中, 100 个特有植物种(包括稀有和濒危物种)的等位酶多样性平均水平仅为 $P=0.263$, $A=1.39$, $H=0.063$ ^[4]。而且, 迄今在不少濒危植物种中检测不到任何等位酶水平的变异^[18~22]。因此考虑到裂叶沙参极其狭窄的分布区, 其多样性水平是非常高的。

迄今针对表型形状进行变异性研究的并不多见。Wild 和 Heyting (1966) 利用 2 个叶片性状对稀有的 *Becium homblei* 及其近缘广布种 *B. obovatum* 的分析发现, 广布种的变异

性明显大于稀有种; 而 Primack(1980) 利用标本馆及野外采集的群体样本对车前属 (*Plantago*) 28 个种的研究表明, 不管是以物种还是以群体为单位, 形态性状变异性的 大小与物种分布范围无关^[3]。近些年来对大量物种等位酶多样性的总结表明, 特有种或狭窄分布的植物种与广布种相比, 遗传多样性水平较低, 但近来不少研究发现有些特有种或濒危物种保持较高的变异水平, 如在 *Creopsis pulchra*^[5]、*Delphinium viridescens*^[8] 和 *Elmera racemosa*^[9] 等狭窄分布的特有种均含有中等水平的遗传变异。最近, 我们在对极为濒危的木根麦冬 (*Ophiopogon xylorrhizus*) 的研究也发现, 该种具有较高的等位酶变异水平, 尽管该物种仅分布在云南省的勐腊县, 个体数不足 1 000 株^[6]。这些资料及本研究的结果表明, 单凭地理分布并不能直接反映一个物种的遗传多样性水平。换言之, 濒危种并不一定意味着遗传变异水平的下降。

3.2 裂叶沙参濒危的机制 近些年来, 对遗传多样性在物种生存中的作用不同学者强调不同的侧面。一些学者认为, 遗传多样性对物种的生存和发展起着决定性的作用^[1,4]; 而另一些学者则认为生态学因素(如生境的破坏和环境的变迁等)是物种濒危和灭绝的直接原因, 因此是物种保护中应首要考虑的问题^[2]。事实上, 物种的遗传多样性水平、生活史特性以及生态学因素等均会影响到物种的生存和发展。最近对裂叶沙参和泡沙参种群生态学研究表明, 和其他沙参属物种不同, 裂叶沙参对生境尤其是土壤中含水量的依赖性很大, 喜阴湿、地下水位高的高海拔坡谷地带, 故多出现于林缘、溪流边的高草灌丛等生境。在非适宜生境中裂叶沙参种群表现出明显的衰退, 生活史中的一些环节也受到不利影响, 如种子发芽率和成苗率低等等^①。另一方面, 由于近几十年来该地区森林面积缩小, 植被破坏明显, 裂叶沙参所依赖的生境日益减少。而且现存生境中灾害性事件频繁发生(如泥石流、塌方等), 人为干扰也很严重(如割草、放牧等)^①。因此, 裂叶沙参的濒危很可能在于其适生生境的破坏和丧失, 进而出现种群动态的不利变化, 这些又会对一些生活史环节产生不利影响。

综上所述, 尽管在许多濒危物种中出现了群体有效规模的变小, 从而产生了一些不利的遗传效应, 如遗传漂变和自交衰退等等, 但本研究结果表明, 至少对裂叶沙参来说, 生态学因素(如生境的片断化和环境的变迁以及人为干扰等)是致濒的直接原因。因此, 生境保护对裂叶沙参的生存和发展尤其重要。

参 考 文 献

- 1 Falk D A et al. Genetics and Conservation of Rare Plants. New York: Oxford University Press. 1991
- 2 Schemske D W, Husband B C, Ruckelshaus M H et al. Evaluating approaches to the conservation of rare and endangered plants. *Ecology*, 1994,75:584~606
- 3 葛 颂, 洪德元. 遗传多样性及其检测方法. 见: 钱迎倩等主编. 生物多样性研究的原理与方法. 北京: 中国科学技术出版社. 1994.123~140
- 4 Hamrick J L, Godt M G W. Allozyme diversity in plant species. In: Plant population genetics, breeding and genetic resources. Brown A H D et al. eds. Sinauer, Sunderland, MA, 1989,43~63
- 5 Cosner M E, Crawford D J. Comparisons of isozyme diversity in three rare species of *Coreopsis* (Asteraceae). *Syst. Bot.*, 1994,19:350~358
- 6 Ge S, Zhang D M, Wang H Q et al. Allozyme variation of *Ophiopogon xylorrhizus*, an extremely endangered species of Yunnan, China. *Conserv. Biol.*, 1997,11:562~565

- 7 Lewis P O, Crawford D J. Pleistocene refugium endemics exhibit greater allozymic diversity than widespread congeners in the genus *Polygonella* (Polygonaceae). *Amer. J. Bot.*, 1995,82:141~149
- 8 Richter T S, Soltis P S, Soltis D E. Genetic variation within and among populations of the narrow endemic, *Delphinium viridescens* (Ranunculaceae). *Amer. J. Bot.*, 1994,81:1070~1076
- 9 Soltis P S, Soltis D E. Genetic variation in endemic and widespread plant species: examples from Saxifragaceae and *Polystichum* (Dryopteridaceae). *Aliso*, 1991,13:215~223
- 10 Godt M J, Walker J, Hamrick J L. Genetic diversity in the endangered lily *Harperocallis flava* and a close relative, *Tofieldia racemosa*. *Conserv. Biol.*, 1997,11:361~366
- 11 Karron J D, Linhart Y B, Chaulk C A *et al.* Genetic structure of populations of geographically restricted and widespread species of *Astragalus* (Fabaceae). *Amer. J. Bot.*, 1988,75:1114~1119
- 12 Ge S, Hong D Y. Biosystematic studies on *Adenophora potaninii* complex. II. crossing experiment. *Cathaya*, 1994,6:15~26
- 13 葛 颂等. 泡沙参复合体(桔梗科)的物种生物学研究 I. 表型的可塑性. *植物分类学报*, 1994,32:489~503
- 14 葛 颂,洪德元. 泡沙参复合体(桔梗科)的物种生物学研究 III. 性状的遗传变异及其分类价值. *植物分类学报*, 1995,33:433~443
- 15 葛 颂,洪德元. 泡沙参同工酶基因位点的遗传分析. *植物学报*, 1996,38:431~438
- 16 Wright S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 1965,19:395~420
- 17 Swofford D L, Selander R B. BIOSYS-1, A computer program for the analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematics. Release 1.7. Illinois Natural History Survey, Champaign, Illinois, 1989
- 18 Crawford D J, Stuessy T F, Cosner M B *et al.* *Lactoris fernandeziana* (Lactoridaceae) on the Juan Fernandez Islands: Allozyme uniformity and field observations. *Conserv. Biol.*, 1994,8:277~280
- 19 Lesica P, Leary R F, Allendorf F W *et al.* Lack of genetic diversity within and among populations of an endangered plant, *Howellia aquatilis*. *Conserv. Biol.*, 1988,2:275~282
- 20 Schwartz O A. Lack of protein polymorphism in the endemic relict *Chrysosplenium iowense* (Saxifragaceae). *Can. J. Bot.*, 1995,63:2031~2034
- 21 Soltis P S, Soltis D E, Tucker T L *et al.* Allozyme variability is absent in the narrow endemic, *Bensoniella oregana* (Saxifragaceae). *Conserv. Biol.*, 1992, 6:131~134
- 22 Waller D M, O'Malley D M, Gawler S C. Genetic variation in the extreme endemic, *Pedicularis furbishiae* (Scrophulariaceae). *Conservation Conserv. Biol.*, 1987,1:335~340

Studies of Morphological and Allozyme Variation of the Endangered *Adenophora lobophylla* and Its Widespread Congener *A. potaninii*.

GE Song HONG De-Yuan

(Laboratory of Systematic and Evolutionary Botany, Institute of Botany

Chinese Academy of Sciences Beijing 100093)

Abstract

Genetic diversity in the endangered *Adenophora lobophylla* and its widespread congener, *A. potaninii* was investigated based on 12 morphological characters and 10 allozyme loci. We measured considerably high levels of genetic variability in both the endangered and the widespread species. The endangered *A. lobophylla* maintains comparable high level of genetic diversity to that of *A. potaninii* at the morphological characters surveyed. Similarly, the allozyme variation in *A. lobophylla* ($P=0.60$, $A=1.87$, $H=0.180$) is almost the same as that found in *A. potaninii* ($P=0.60$, $A=1.82$, $H=0.193$). The present study indicates clearly that the endangered *A. lobophylla* is not genetically depauperate. Combined with other lines of evidence, we hypothesize that *A. lobophylla* has become endangered for ecological and stochastic reasons. Consequently, habitat protection is of particular importance for conserving this endangered species.

Key words *Adenophora lobophylla*, *A. potaninii*, Morphological variation, Allozyme variation, Mechanism of endangerment

Received November 20, 1997, revision received April 5, 1998

This research was supported by the National Natural Science Foundation of China (grants 393915003 and 39600009)