

小慈姑的遗传多样性和居群分化

陈锦华^{1,2} 孙爱珍¹ 汪小凡¹

(1. 武汉大学生命科学学院植物发育生物学教育部重点实验室, 武汉 430072; 2. 孝感学院生物系, 孝感 432000)

摘要:小慈姑是中国南部狭域分布的易危水生植物。采用聚丙烯酰胺凝胶电泳和等位酶分析方法,研究了该种江西东乡、湖南茶陵、广西桂林和福建武夷山 4 个地点的 8 个自然居群的遗传分化及其与地理位置的相关性。9 个酶系统 18 个等位酶位点的检测结果表明,小慈姑有较高水平的遗传多样性:多态位点百分率 $P = 16.67\% - 38.89\%$, 平均每位点等位基因数 $A = 1.278 - 1.833$, 平均预期杂合度 $H_e = 0.0941 - 0.1928$, 平均观察杂合度 $H_o = 0.1461 - 0.2127$ 。居群之间有较高的遗传一致度 $I = 0.7161 - 0.9965$ 。根据 Nei's 遗传距离所作出的聚类分析显示,同地居群之间有较紧密的遗传关系,居群间的遗传分化与空间距离呈正相关。

关键词:小慈姑;遗传分化;空间距离;等位酶分析

中图分类号:Q346⁺.5 **文献标识码:**A **文章编号:**1000-3207(2006)05-0570-08

遗传多样性是物种所携带遗传信息的总和,是长期进化的结果,也是进化的前提。物种遗传多样性越高,对环境变化的适应能力越强,越容易扩展其分布范围和开拓新的环境。可见物种的进化潜力和抵御不良环境的能力在很大程度上取决于遗传多样性的大小。遗传多样性一直是进化理论的基础,种群生物学和进化生物学的核心。物种的遗传多样性可从不同方面来体现,主要包括形态特征、细胞学特征、生理特性、基因位点和 DNA 序列等。等位酶(allozymes)作为同一基因位点的不同等位基因编码的酶,其酶谱反映了等位基因的组成和变化,是基因的极好标记,所以等位酶分析方法在生物遗传多样性的研究工作中占有重要的位置^[1]。

小慈姑(*Sagittaria potamogetifolia* Merr.) 隶属泽泻科、慈姑属,为雌雄同株异花的沼生草本植物,是中国特有种,分布于湖南、江西、福建、广东、广西、海南等省区^[2]。它具有离生心皮雌蕊,虫媒传粉,自交亲和并有极高的结实率^[2]。陈家宽研究了小慈姑居群之间的变异,认为“小慈姑的生态隔离比地理隔离在小慈姑生态型分化中更为重要”^[3]。于丹等将该种定为易危种(vulnerable species)^[4]。汪小凡和陈家宽对该种的异交率做了定量估测,并推测其异交率主要取决于种群中同时具有两个或更多开花花序的

比例;并对该种的开花状态、传粉机制与交配系统进行了研究,认为小慈姑为虫媒传粉为主的虫媒/风媒兼性传粉机制,以异交为主混合交配系统^[2,5]。Wang 等在该种的雌蕊群中发现了令人惊奇的“花粉管再分配”机制^[6]。Edwards 和 Sharits 对同属另两种 *S. isoetiformis* 和 *S. teres* 的居群遗传学进行了研究^[7],胡小辉等、陈锦华等报道过冠果草(*S. guyanensis* ssp. *lappula*)、武夷慈姑(*S. wuyiensis*)、矮慈姑(*S. pygmaea*)的遗传多样性研究结果^[8,9],但目前还缺少对小慈姑居群遗传多样性的研究。本课题拟采用垂直板聚丙烯酰胺凝胶电泳技术和等位酶分析方法,研究小慈姑自然居群遗传多样性并探讨其居群遗传分化与地理及生态因素的关系。

1 材料与方法

1.1 材料来源 研究对象为小慈姑的 8 个自然居群,1999—2001 年间取自湖南茶陵、江西东乡、福建武夷山和广西桂林 4 个地点,其中武夷山和桂林两地分别取邻近而又相对独立的 4 个或 2 个居群。各样点处于低丘地带的零星湿地中,海拔高度无明显差异(100—350 m)。取样强度大于 85%,分单株编号移植到武汉大学水生植物栽培区,或直接取新鲜叶片在冷藏条件下带回实验室。各居群的编号、分

收稿日期:2004-12-01 修订日期:2006-03-27

基金项目:国家自然科学基金(30521004,30470121);教育部重点实验室开发课题资助

作者简介:陈锦华(1959—)男,湖北孝感人,孝感学院生物系副教授,主要从事发育生物学的教学与研究工作,研究方向为植物遗传多样性

通讯作者:汪小凡, E-mail: wang-xiaofan @263. net, Tel: 027-68752619

布地点、生长环境及样本数见表 1。

1.2 制样和电泳 每株样本取鲜叶剪成 4 份,每份约 100 mg,分别加 Tris-HCl 提取缓冲液 (pH7.5) 200 μ L,在冰浴中研磨提取酶样,盛于 1.5 mL 离心管中置 -20 $^{\circ}$ C 冰柜保存备用。点样前移至 4 $^{\circ}$ C 静置 15 min 后 10 000 r/min 离心 1 min,取上清液。

采用垂直板不连续聚丙烯酰胺凝胶电泳,分离胶浓度 7%,pH8.8;浓缩胶浓度 4%,pH6.8;胶板规格为高 120 mm、宽 104 mm、厚 1 mm;每板 12 个点样槽,点样量 10—25 μ L (视不同酶的活性而定);电极液为 Tris-甘氨酸缓冲液 (pH8.3);电压 200 V,电泳时间为 3.5 h。同工酶染色参考王中仁^[1]和 Soltis 等^[10]的方法。

1.3 数据分析 根据所获得的清晰酶谱确定每一居群每个个体在每一酶位点的基因型,位点和等位

基因的命名依常规^[1]。遗传结构和多样性度量采用以下指标: 多态位点比率 (P) (Proportion of polymorphic loci); 平均每位点等位基因数 (A) (Average number of alleles per locus); 平均预期杂合度 (H_e) (Average expected heterozygosity); 平均观察杂合度 (H_o) (Average observed heterozygosity); 基因分化系数 (G_{ST}) (Coefficient of gene differentiation); 内繁育系数 (F) (Inbreeding coefficient) 和 基因流 (居群每代迁移数 N_m) (Number of migrants per generation)。用 Nei (1975,1978) 的遗传一致度 (I) (Genetic identity) 和遗传距离 (D) (Genetic distance) 来衡量各居群之间的遗传分化的大小^[11,12]。基于遗传距离 D 值,采用 UPGMA 法对各居群进行聚类分析。遗传分析和统计均采用 Pop Gene 3.2 软件。

表 1 小慈姑取样居群及生境
Tab. 1 Sampled populations and their habitats of *S. potamogetifolia*

居群代号 Code of populations	采集地 Locality	经纬度 Latitude	生境 Habitat	样本数 No. of individuals
CL	湖南茶陵	26 $^{\circ}$ 49.3'N,113 $^{\circ}$ 40.1'E	沼泽	57
	Chaling, Hunan		Marsh	
DX	江西东乡	28 $^{\circ}$ 06.7'N,116 $^{\circ}$ 33.7'E	水塘	32
	Dongxiang, Jiangxi		Pond	
WY1	福建武夷山	27 $^{\circ}$ 48.8'N,118 $^{\circ}$ 03.9'E	水沟	29
	Wuyishan, Fujian		Ditch	
WY2	福建武夷山	27 $^{\circ}$ 50.1'N,118 $^{\circ}$ 03.8'E	稻田	34
	Wuyishan, Fujian		Rice field	
WY3	福建武夷山	27 $^{\circ}$ 50.4'N,118 $^{\circ}$ 04.0'E	稻田	36
	Wuyishan, Fujian		Rice field	
WY4	福建武夷山	27 $^{\circ}$ 50.1'N,118 $^{\circ}$ 03.8'E	水沟	70
	Wuyishan, Fujian		Ditch	
GL1	广西桂林	25 $^{\circ}$ 05.2'N,110 $^{\circ}$ 16.6'E	洼地	54
	Guilin, Guangxi		Swale	
GL2	广西桂林	25 $^{\circ}$ 05.2'N,110 $^{\circ}$ 16.7'E	洼地	27
	Guilin, Guangxi		Swale	

2 结果与分析

2.1 等位基因频率

对小慈姑 8 个居群共 339 株个体进行了 11 种酶系统的检测,其中有 9 种酶系统获得了清晰稳定的酶谱。本研究所用酶系统的种类、编码、位点数、等位基因数见表 2。在 9 种酶系统中共有 18 个位

点、38 个等位基因,各位点的等位基因频率见表 3。其中 Aat-3、Adh-1、Est-1、Mdh-1、Me-1、Pgm-2、Sod-2、Sod-3 等 8 个位点在 8 个居群中均为单态性;Adh-2 和 Sod-1 在 8 个居群中均表现为固定杂合态;Aat-1、Aat-2、Est-2、Fdh-1、Mdh-2、Mdh-3、Pgm-1、Skd-1 等 8 个位点在不同的居群中或为单态性或为多态性。没有一个位点在所有居群中均为多态性,即不同的居

续表

位点 Locus	等位基因 Allele	居群 Population							
		CL	DX	WY1	WY2	WY3	WY4	CL1	CL2
Est-2	a	0.0439	1.0000	0.0000	0.0000	0.5694	0.1143	1.0000	1.0000
	b	0.1754	0.0000	0.1724	0.1618	0.4306	0.8429	0.0000	0.0000
	c	0.7807	0.0000	0.8276	0.7794	0.0000	0.0429	0.0000	0.0000
	d	0.0000	0.0000	0.0000	0.0588	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Fdlr-1	a	0.1842	0.7188	0.3793	0.4559	0.0139	0.0571	1.0000	1.0000
	b	0.8158	0.2812	0.6207	0.5441	0.9306	0.1786	0.0000	0.0000
	c	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0556	0.7643	0.0000	0.0000
Mdlr-1	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
Mdlr-2	a	0.1140	0.3125	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	b	0.0000	0.0000	0.6897	0.4118	0.9722	1.0000	0.9907	1.0000
	c	0.8860	0.6875	0.3103	0.5882	0.0278	0.0000	0.0093	0.0000
Mdlr-3	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9786	0.0278	0.0185
	b	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0143	0.9722	0.9815
	c	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0071	0.0000	0.0000
Me-1	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
Pgmr-1	a	1.0000	1.0000	1.0000	0.1618	0.0833	0.1857	0.7870	0.8704
	b	0.0000	0.0000	0.0000	0.8382	0.6806	0.6571	0.2130	0.1296
	c	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.2361	0.1571	0.0000	0.0000
Pgmr-2	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
Skd-1	a	0.0000	0.0000	0.0000	0.0588	0.0000	0.0286	0.0000	0.0000
	b	0.3509	0.4375	0.7586	0.6471	0.7639	0.7357	1.0000	1.0000
	c	0.0000	0.0000	0.2414	0.1324	0.0139	0.0000	0.0000	0.0000
	d	0.6491	0.0000	0.0000	0.0000	0.0972	0.1357	0.0000	0.0000
	e	0.0000	0.5625	0.0000	0.1618	0.1250	0.1000	0.0000	0.0000
Soct-1	a	0.5000	0.5000	0.5000	0.5000	0.5000	0.5000	0.5000	0.5000
	b	0.5000	0.5000	0.5000	0.5000	0.5000	0.5000	0.5000	0.5000
Soct-2	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
Soct-3	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000

用每代迁移率 (N_m) 来度量居群之间的基因流, 基因流,但不足以阻止由遗传漂变引起的居群间遗传分化。
总种群中的 N_m 为 0.3324,说明居群之间有较低的

表 4 小慈姑遗传多样性指标及固定指数

Tab. 4 Genetic diversity and fixation index in 8 populations of <i>S. potamogetifolia</i>							
居群 Population	A	A _e	P	H _o	H _e	F	t
CL	1.444	1.271	27.78	0.1940	0.1547	- 0.2540	1.681
DX	1.278	1.245	16.67	0.1771	0.1313	- 0.3488	2.071
WY1	1.389	1.284	27.78	0.1916	0.1627	- 0.1776	1.432
WY2	1.611	1.355	33.33	0.1977	0.1928	- 0.0254	1.052
WY3	1.722	1.288	38.89	0.2052	0.1628	- 0.2604	1.704
WY4	1.833	1.292	33.33	0.2127	0.1641	- 0.2962	1.842

							续表
居群 Population	A	A _e	P	H _o	H _e	F	t
CL1	1.333	1.199	22.22	0.1523	0.1069	- 0.4247	2.476
CL2	1.278	1.167	16.67	0.1461	0.0941	- 0.5526	3.470
Mean	1.486	1.262	27.08	0.1846	0.1462	- 0.2925	1.966

表 5 小慈姑种群各位点基因分化系数的 F 值统计
Tab. 5 Coefficient of gene differentiation in populations of *S. potamogetifolia*

位点 Locus	F _{is}	F _{it}	F _{st} (G _{st})	N _m
aat-1	0.3665	0.7510	0.6070	0.1619
aat-2	0.1611	0.3209	0.1905	1.0623
est-2	0.0309	0.6652	0.6545	0.1319
fdhr-1	0.0950	0.5780	0.5337	0.2185
mdlr-2	0.5382	0.8126	0.5943	0.1707
mdlr-3	0.2573	0.9670	0.9555	0.0116
pgmr-1	0.1270	0.5990	0.5406	0.2124
skd-1	0.1055	0.3579	0.2822	0.6358
Mean	- 0.2699	0.2753	0.4293	0.3324

2.4 遗传一致度和遗传距离

小慈姑各居群间的遗传一致度和遗传距离见表 6。在 8 个居群之间,遗传一致度平均值为 0.8578。居群 CL 与 CL1 之间的遗传距离最大,为 0.3339,说明二居群间存在较高水平的遗传分化。同处于广西桂林的居群 CL1 与 CL2 之间遗传一致度高达

0.9965,这说明居群之间的遗传分化程度不高。同处于福建武夷山的居群 WY1、WY2、WY3 和 WY4 生境区别较大,但相互间遗传一致度(0.8873—0.9521)在本研究所检测的居群中也属于相对较高的水平。

表 6 小慈姑居群间的遗传一致度(右上)和遗传距离(左下)
Tab. 6 Genetic identities (above diagonal) and genetic distances (under diagonal) between populations of *S. potamogetifolia*

	CL	DX	WY1	WY2	WY3	WY4	CL1	CL2
CL	—	0.8768	0.9181	0.8898	0.8222	0.7930	0.7161	0.7310
DX	0.1315	—	0.8967	0.8784	0.8549	0.8187	0.8476	0.8613
WY1	0.0854	0.1090	—	0.9467	0.9027	0.8873	0.8421	0.8503
WY2	0.1168	0.1297	0.0548	—	0.9284	0.9084	0.8059	0.8067
WY3	0.1958	0.1568	0.1023	0.0743	—	0.9521	0.8285	0.8324
WY4	0.2319	0.2001	0.1195	0.0961	0.0490	—	0.8107	0.8153
CL1	0.3339	0.1654	0.1718	0.2158	0.1881	0.2099	—	0.9965
CL2	0.3134	0.1493	0.1622	0.2148	0.1835	0.2042	0.0035	—

2.5 居群间的遗传分化(聚类分析)

根据 Nei's 遗传距离采用 UPGMA 法对小慈姑居群做出聚类分析,图 1 为 PopGene 软件所生成的聚类图。从图 1 中可看出,8 个居群分为 A、B 两个大组,其中 A 组中分为 C、D 两个亚组,D 组又分为 E、F

两个小亚组。位于桂林的两个居群(CL1 和 CL2)被聚类到 B 组,福建武夷山的四个居群(WY1、WY2、WY3 和 WY4)则被聚到 D 组,即地理距离相近的居群之间的遗传分化的程度也相近,这说明小居群间的遗传分化与地理因素有密切关系。

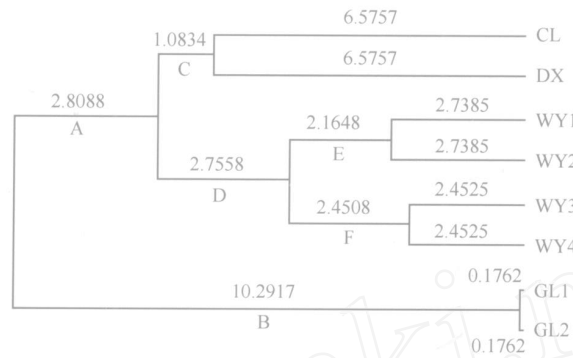


图 1 基于等位酶资料对小慈姑 8 个居群作出的聚类图

Fig. 1 Cluster analysis of 8 populations in *S. potamogetifolia* based on allozyme data (Nei's genetic distance, UPGMA)

3 讨论

3.1 小慈姑的遗传多样性水平

多态位点比率 (P)、平均每位点等位基因数 (A , 或种水平的每位点等位基因数 A_p)、平均预期杂合度 (H_e) 是常用的遗传多样性度量指数。小慈姑的 $P = 44.44\%$ 、 $A_p = 2.111$ 、 $H_e = 0.2589$, 与可比类群的 P 、 A 、 H_e 的平均水平^[13]相比较, 具有较高的遗传多样性。小慈姑的遗传多样性高于单子叶植物 ($P = 40\%$ 、 $A = 1.66$ 、 $H_e = 0.144$)^[14]、一年生草本植物 ($P = 30.2$ 、 $A = 1.48$ 、 $H_e = 0.149$)^[14]、水生植物 ($P = 21\%$ 、 $A = 1.25$ 、 $H_e = 0.063$)^[14]的平均水平。但小慈姑的遗传多样性水平低于木本植物红树^[15]。在慈姑属内, 小慈姑的遗传多样性水平比矮慈姑 ($P = 25.00\%$ 、 $A = 1.438$ 、 $A_p = 2.500$ 、 $H_e = 0.1327$)^[9]高, 低于 *S. isoetiformis* ($P = 93.8\%$ 、 $A_p = 3.27$ 、 $H_e = 0.399$)^[7], 与 *S. teres* ($P = 75\%$ 、 $A_p = 2.58$ 、 $H_e = 0.177$)^[7]相当。

3.2 小慈姑繁育系统对居群遗传结构的影响

繁育系统控制着居群中近系繁育和远系繁育的相对比例因而对居群遗传结构发生着深刻的影响。胡小辉等对泽泻科中 4 种水生植物的遗传多样性及其与繁育系统的关系做过分析^[8]。长喙毛茛泽泻具自交为主的交配系统^[16], 其居群中只有较低的遗传多样性; 具有营养繁殖为主的武夷慈姑居群中则保持着较高的预期杂合度和观察杂合度; 矮慈姑虽然具有与长喙毛茛泽泻类似的营养繁殖方式, 但有一定异交率 (49.9%)^[17], 因此, 在上述

4 种中是遗传多样性水平相对较高的^[8]。根据汪小凡和陈家宽对小慈姑多个自然居群的交配系统的定量研究, 该种的异交率在 50%—92.8%, 表明该种为异交为主的混合交配系统^[5,6]。本研究得到小慈姑较高的遗传多样性水平的结果与其交配系统特征是相吻合的。研究中所检测到的过量的杂合子暗示着该种的珠芽作为一种克隆生长方式对居群遗传结构也有比较重要的影响, 因此, 有必要对该种的克隆生长的强度和空间格局做深入的研究。

3.3 地理和生态因素对小慈姑遗传分化的影响

地理因素对遗传分化有很大的影响, 空间距离越近, 居群间基因交流越频繁, 遗传分化水平越低。小慈姑为以虫媒为主的虫媒/风媒兼性传粉机制, 尽管其花粉有一定的远距离散布的潜能, 但主要依靠昆虫传粉^[6]。由于小慈姑花粉流距离有限, 空间隔离在很大程度上决定了居群之间基因交流的水平, 这与本研究得到的地理位置与遗传分化呈正相关的结果是一致的。地理因素如经纬度、海拔高度对生态因子有着规律性的影响, 而控制居群间的遗传分化。

生态因素可作为选择压来控制居群中的基因型频率, 对居群的遗传分化也起着重要作用^[18]。陈家宽认为, 小慈姑的生态隔离比地理隔离在小慈姑生态型分化中更为重要^[2]。作者在福建武夷山地区野外考察和取样时也发现, 生于稻田中的小慈姑植株 (WY2) 与生于水沟 (WY1) 处的植株在形态上有明显的差异, 这两个居群之间只相隔一条田埂, 但在这些相互邻近而生境明显不同的居群之间有着较为密切的遗传关系, 这是由于邻近的居群之间有机会较为频繁地发生花粉、种子和营养繁殖体 (珠芽) 的交流,

而作者所观察到的形态学差异可能含有一些不可遗传的环境饰变成分。当然,从本研究的结果中也可以看到生态因素对小慈姑居群遗传分化的影响也是显而易见的,相比而言,福建武夷山的4个生态环境不同的居群之间的遗传距离明显大于广西桂林的2个生境相同的居群。

参考文献:

- [1] Wang Z R. Plant Allozyme analysis [M]. Beijing: Science Press, 1996[王中仁. 植物等位酶分析. 北京: 科学出版社, 1996]
- [2] Wang X F, Chen J K. Floral expression, population mechanism and mating system of *Sagittaria potamogetifolia* [J]. *Acta Phytocologica Sinica*, 2001, 25(2): 155—160[汪小凡, 陈家宽. 小慈姑的开花状态、传粉机制与交配系统[J]. 植物生态学报, 2001, 25(2): 155—160]
- [3] Chen J K. Systematic and evolutionary botanical studies on Chinese *Sagittaria* [M]. Wuhan: Wuhan University Press, 1989[陈家宽. 中国慈姑属的系统与进化植物学研究. 武汉: 武汉大学出版社, 1989]
- [4] Yu D, Chong Y X, Tu M H, et al. Study on the threatened aquatic higher plant species of China [J]. *Chinese Biodiversity*, 1998, 6(1): 13—21[于丹, 钟云霄, 涂芒辉等. 中国水生高等植物受危种的研究. 生物多样性, 1998, 6(1): 13—21]
- [5] Wang X F, Chen J K. Quantitive estimates of outcrossing rates in a natural population of *Sagittaria potamogetifolia* [J]. *Journal of Wuhan University (natural science edition)*, 1998, 44(2): 217—220[汪小凡, 陈家宽. 小慈姑自然居群异交率的定量估测. 武汉大学学报(自然科学版), 1998, 44(2): 217—220]
- [6] Wang X F, Tao Y B, Lu Y T. Pollen tubes enter neighbouring ovules by way of receptacle tissue, resulting in increased fruit-set in *Sagittaria potamogetifolia* Merr [J]. *Annals of Botany*, 2002, 89(6): 791—796
- [7] Edwards A L, Sharits R R. Population genetics of two rare perennials isolated wetlands: *Sagittaria isoetiformis* and *S. teres* (Alismataceae) [J]. *American Journal of Botany*, 2000, 87: 1147—1158
- [8] Hu X H, Chen J K, Wang J B, et al. Genetic diversity and its relationship with breeding system of *Ranalisma rostratum* [J]. *Acta Botanica Yunnanica*, 1999, 21(2): 232—238[胡小辉, 陈家宽, 王建波, 等. 长喙毛茛泽泻遗传多样性及其与繁育系统的关系. 云南植物研究, 1999, 21(2): 232—238]
- [9] Chen J H, Wang X F, Liang S P. Genetic diversity in a natural population of *Sagittaria pygmaea* (Alismataceae) [J]. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 2003, 22(3): 344—347[陈锦华, 汪小凡, 梁述平. 矮慈姑一个自然居群的遗传多样性. 华中农业大学学报, 2003, 22(3): 344—347]
- [10] Soltis D E, Haufler C H, Darrow D C et al. Starch gel electrophoresis of ferns: A compilation of gridding buffers, gel and electrode buffers, and staining schedules [J]. *American Fern Journal*, 1983, 73(1): 9—29
- [11] Nei M. Molecular Population Genetics and Evolution [M]. Amsterdam and New York: North Holland Publ Co, 1975
- [12] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals [J]. *Genetics*, 1978, 89: 583—590
- [13] Brown A H D, Clegg M T, Khler A L, et al. Population genetics and Germplasm resources in crop improvement [M]. Sunderland: Sinauer, 1989, 44—64
- [14] Barrett S C H, Eckert C G, Husband B C. Evolution processes in aquatic plant population [J]. *Aquatic Bot.* 1993, 44: 105—145
- [15] Zhou H T, Lin P. Analysis on genetic diversity of seven mangroves in Rhizophoraceae in Chian [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2001, 25(4): 362—369[周涵韬, 林鹏. 中国红树科7种红树植物遗传多样性分析. 水生生物学报, 2001, 25(4): 362—369]
- [16] Wang X F, Chen J K. Studies on mating of *Ranalisma rostratum* (Alismataceae) [J]. *Acta Botanica Yunnanica*, 1998, 20(3): 315—320[汪小凡, 陈家宽. 长喙毛茛泽泻(泽泻科)的交配系统研究. 云南植物研究, 1998, 20(3): 315—320]
- [17] Wang X F, Chen J K. Pollination mechanism and mating system of *Sagittaria pygmaea* (Alismataceae) [J]. *Acta Botanica Yunnanica*, 1999, 21(2): 225—231[汪小凡, 陈家宽. 矮慈姑的传粉机制与交配系统. 云南植物研究, 1999, 21(2): 225—231]
- [18] Wang X F, Liao W J, Song Z P. Genetic Differentiation and the Relation to Spatial Isolation among Populations of *Ranunculus tematus* [J]. *Biodiversity Science*, 2001, 9(2): 138—144[汪小凡, 廖万金, 宋志平. 小毛茛居群的遗传分化及其与空间隔离的相关性. 生物多样性, 2001, 9(2): 138—144]

GENETIC DIVERSITY AND POPULATION DIFFERENTIATION OF *SAGITTARIA POTAMOGETIFOLIA* MERR.

CHEN Jin-Hua^{1,2}, SUN Ai-Zhen¹ and WANG Xiao-Fan¹

(1. College of Life Sciences/ Key Laboratory of MOE for Developmental Biology, Wuhan University, Wuhan 430072;

2. Department of Biology, Xiaogan University, Xiaogan 432000)

Abstract : *Sagittaria potamogetifolia* Merr. , a species of helophytic herb limitedly distributed in Southern China , is a member of the monocotyledonous family Alismataceae. It features monoecism with unisexual flowers , apocarpous gynoecium , self-compatibility , entomophilous pollination , and extremely high efficiency of fruit-set. For determining the genetic diversity and population differentiation of the species , eight populations were sampled from four provinces of China : Jiangxi , Hunan , Guangxi and Fujian , and were detected by means of allozyme analysis. Nine enzymes encoded by eighteen loci were assessed. Genetic diversity within populations was relatively high. The genotypes on each locus were widely variant among different populations , but no locus was polymorphicous in the total population of the species. The proportion of polymorphic loci (P) ranged from 16.67 % to 38.89 % , the average number of alleles per locus (A) from 1.278 to 1.833 , the mean expected and observed heterozygosity (H_e , H_o) per locus were from 0.0941 to 0.1928 and 0.1461 to 0.2127 respectively. The level of genetic diversity in studied species were higher than average values reported in some monocotyledonous species or that in some aquatic plants. The average values of inbreeding coefficient ($F = -0.2925$) indicated that clonal reproduction occurred in natural populations of the species. The coefficients of gene differentiation (F_{st}) in populations showed that the proportion of gene differentiation was 42.93 % among populations and 57.03 % within populations. The rates of gene flow (N_m) in three total populations were 0.3324 , indicating gene flow among populations was unable to prevent the genetic differentiation between populations resulted from genetic drift. The genetic identities between populations were remarkably discrepant ($I = 0.7161 - 0.9965$) , and the values between neighboring population pairs were entirely higher than 0.9000. According to the results of cluster analysis based on Nei's genetic distances , vary close genetic distances appeared among neighboring populations , which indicated that the genetic differentiation among populations of the species were related to the spatial distances. Although the obvious morphological variances were found in neighboring populations , ecological dissimilarity did not result in genentic variance found in the enzyme loci detected.

Key words : *Sagittaria potamogetifolia* ; Genetic differentiation ; Spatial distance ; Allozyme analysis