

湖北钉螺指名亚种不同地理群体遗传多样性研究

李石柱 王强 钱颖骏 周晓农*

中国疾病预防控制中心寄生虫病预防控制所, 上海 200025

湖北钉螺(*Oncomelania hupensis*)在我国大陆仅有一种,但其不同地理群体发生了显著的遗传分化和变异,表现为多个不同的种型,在我国大陆至少就有4个亚种。尽管不同学者对我国大陆分布的湖北钉螺种下分化观点有所不同,但湖北钉螺指名亚种的定名和分布仍得到了广泛的认可。湖北钉螺指名亚种主要分布在长江中下游的湖南、湖北、江西、安徽、江苏和浙江等省的湖沼、水网和丘陵的广大地区。长期以来,湖北钉螺指名亚种的不同地理种群发生了显著的遗传分化,如湖北庙河流域上游和下游地区的钉螺螺壳分别为光壳和肋壳,呈明显形态差异,但线粒体基因 COI 序列显示两种螺壳形式的钉螺却未表现出明显的差异,提示这两种螺壳形态的钉螺均为湖北钉螺指名亚种。为进一步探索湖北钉螺指名亚种的群体遗传分化,本研究收集了湖北钉螺指名亚种的不同地理群体,利用微卫星 DNA 位点对不同地理群体的遗传多态性进行了分析。应用6个微卫星座位检测了采自湖南、湖北、江苏、江西、安徽、浙江和四川的7个湖北钉螺群体的遗传多样性,结果显示 P84、T5-11 和 T4-22 三个位点分别不同程度地处于不平衡状态。在总群体中,共检测到205个等位基因,不同位点在种群间平均为15.33个,等位基因在不同群体中的分布无明显的集中趋势。群体内遗传分析显示,所有位点平均的观测杂合度、期望杂合度和 *PI*C 值分别为0.637、0.811 和 0.777,多态性明显。综合所有指标的信息,湖北钉螺湖北群体遗传变异程度最高,江苏群体最低。群体间遗传变异分析表明,江苏和江西群体间具有较高的遗传分化程度,安徽与湖南群体间则分化程度较小。总群和群体内基因交流不高,因而杂合度较高,然而群体间分化系数表明群体间分化较低,遗传变异主要来自种群内的个体间。本研究为种群遗传和钉螺分子溯源奠定了理论和方法学基础。

关键词: 湖北钉螺, 微卫星 DNA, 群体遗传结构

作者简介: 李石柱, 助理研究员, 从事血吸虫病流行病学和湖北钉螺景观遗传学研究, stoneli1130@126.com

*通讯作者: 周晓农, 研究员, 从事空间流行病学研究, xiaonongzhou1962@gmail.com