

中国大陆钉螺种群遗传学研究

Ⅲ. 遗传变异与地理分布的关系*

周晓农¹ 洪青标¹ 孙乐平¹ 徐 秋¹

吴中兴¹ 黄海文² Thomas K. Kristensen³

1 江苏省寄生虫病防治研究所 (无锡 214064)

2 福建省福清市卫生防疫站

3 Danish Bilharziasis Laboratory

提要 本研究目的是通过检测中国大陆钉螺不同种群的等位基因频率,研究种群遗传变异与相应地理分布之关系,以确定流行区现场钉螺的种群结构。结果显示,7 个多态基因位点的等位基因频率地理分布呈现 3 种类型:均衡、分散和非连续变向分布。3 个主要多态基因位点(Est-4、Got 和 Mdh-2)均显示了非连续变向。样本种群间遗传距离与地理距离的回归分析表明,Logistic S 曲线回归为最佳拟合曲线。结合其它数据,认为分裂亚群模型是中国大陆钉螺种群的基因结构模型。

关键词 钉螺 地理分布 等位基因频率 遗传距离 Logistic S 形曲线回归

地理分隔种群的遗传变异研究可采用等位基因频率与种群地理间地理距离相比较的方法进行研究^[11]。应用基因资料对现场种群结构的分析已有报告,但完整的理论与现场方法尚待进一步研究^[8,10,12]。朱中亮对钉螺的地理分布和第四纪地质层分布之间的关系作了论述^[16]。肖荣炜将中国大陆钉螺分布区划分为 4 大区^[14]:长江中下游区、长江上游区、珠江流域和中国东海岸区。根据孳生环境类型,通常划分为水网、江湖滩和山区三大类^[5]。这些地区的不同环境影响着钉螺的生态和发育,导致钉螺壳形的变异。螺壳特征的变异被认为是由遗传因子控制,并受到环境影响^[2,4]。本研究通过检测各地钉螺种群的等位基因频率、遗传变异与地理分布关系,以确定中国大陆流行区现场钉螺的种群结构模型。

方 法

等位基因频率资料来自作者 7 个多态基因位点的酶电泳实验结果(待发表)。7 个多态基因位点为碱性磷酸酶(Ap)、脂酶-4

(Est-4)、脂酶-5(Est-5)、谷草转氨酶(Got)、异柠檬酸脱氢酶-2(Idh-2)、苹果酸脱氢酶-2(Mdh-2)和黄嘌呤脱氢酶(Xdh)。钉螺种群采自全国 9 省 34 个现场螺点,它们为江苏省高邮、南京花园、南京八卦洲、六合、金坛、江浦、吴县、盐城、盐城浒河;上海市金山双庙;安徽省青阳县山区、青阳湖区、广德、贵池、铜陵山区、铜陵湖区、铜陵老洲;江西省彭泽;湖南省华容、西湖农场;湖北省汉川、武昌、石首、洪湖、咸宁、潜江、荆州;四川省大邑、丹棱、普格、彭山;云南省大理、巍山和福建省福清。

等位基因频率与种群间的关系以多态基因位点的等基因频率与样本间的东径位置构成相关图来表示,样本间的遗传距离(Nei's 1978)与地理距离(经地理测得)间的关系通过 3 种回归模型进行分析,即线性回归、Gompertz 生长曲线回归和 Logistic S 形曲线回归,它们分别表示了单一随机交配模型、距离分隔模型和分裂亚群模型。回归系数 R^2 作

* 本课题得到联合国开发署/世界银行/世界卫生组织热带病研究培训特别规划处的资助

为回归模型拟合指标^[7]。地理距离以公里(km)为单位。

结 果

34 地钉螺的等位基因频率与相应地理位置关系图见图 1(a-g)。7 个多态位点可呈

现 3 种基因频率分布类型,即均衡分布(图 1. e,g),分散分布(图 1. a,c)和非连续(或阶梯)分布(图 1. b,d,f)。在非连续分布的 Est-4、Got 和 Mdh-2 中,两组分离较明显,一组小于东经 105°,另一组大于东经 110°。

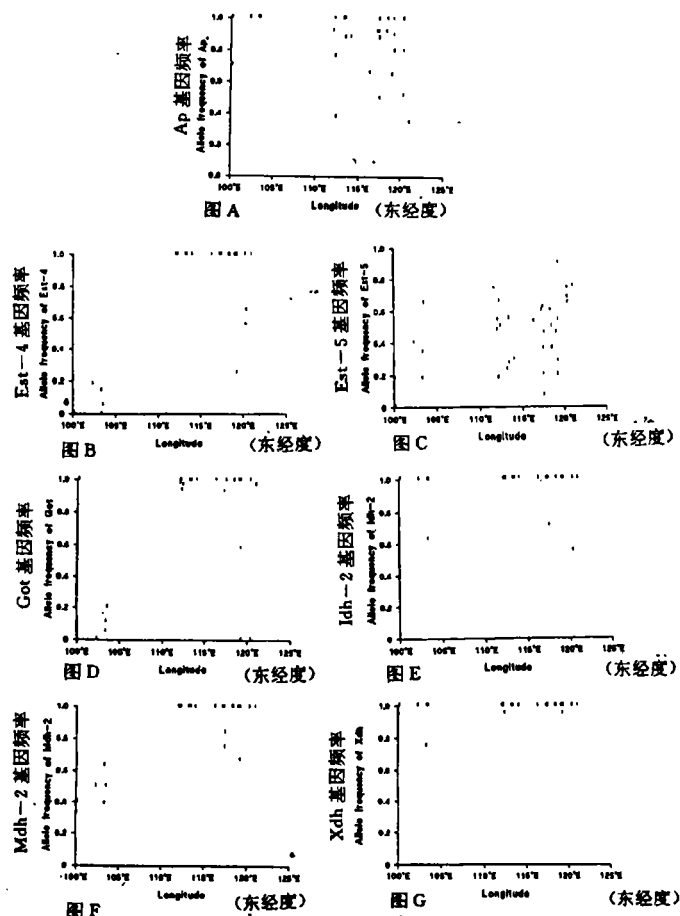


图 1 7 个多态等位点等位基因频率地理分布图

Fig. 1 Distribution of allele frequencies of 7 polymorphic loci by Longitude of each population

表 1 显示 3 种回归模型的分析结果,由于回归系数 R^2 在 Logistic S 形曲线回归分析中为最大,提示在 3 种模型中,Logistic S 曲线回归为最佳拟合模型(图 2)。图 2 显示了一个平台位于遗传距离(Nei's 1978)约 0.07

位置上,然后迅速上升至一高台(遗传距离等于 0.17),表明这一曲线为典型的分裂亚群模型^[11]。从这模型可计算出亚群的平均距离为 750km(从跨越低平面至上升段中心的距离)。

表 1 各样本间尼氏遗传距离与地理距离的回归模型拟合结构

Table 1 Results of regression mode analysis between genetic distance (Nei) and geographic distance

种群结构模型 Population structure model	统计模型 Statistic model	公式 Fomular	回归方程 Regression equation	残差平方和 Residual SS	回归系数 R ²	R
单一随机 交配模型 Single panmictic unit model	线性回归 Linear regression	$Y = a + bx$	$Y = 0.0580295 + 0.0000696x$	1.0284	0.48	0.68
分裂亚群模型 Discrete subpopulation model	Logistic S 形曲线回归 Logistic sigmoid regression	$Y = a + \frac{b-a}{1 + \text{EXP}(-k^*(x-c))}$	$Y = 0.0736 + \frac{0.1701 - 0.0736}{1 + \text{EXP}(-0.018^*(x - 77.58))}$	0.8899	0.53	0.73
距离分隔模型 Isolation-by- distance model	Gompertz 生长曲线回归 Gompertz growth regression	$Y = a * \text{EXP}(-\text{EXP}(b - kx))$	$Y = 0.2208 * \text{EXP}(-\text{EXP}(0.37 - 0.0011x))$	1.01023	0.47	0.69

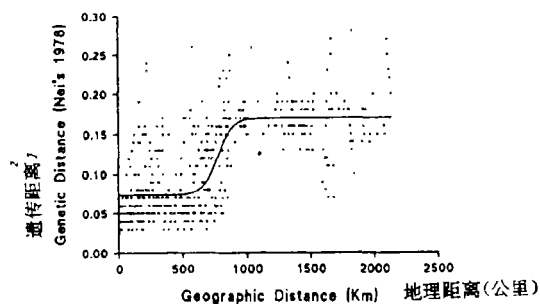


图 2 钉螺种群遗传距离与地理距离的 Logistic S 形曲线回归关系构成图

Fig. 2 Logistic sigmoid regression curve of genetic distance plotted by geographical distance

讨 论

本文引用了 Richardson 等^[11]的方法,对 7 个多态基因频率在地理位置上的分布进行了研究,结果呈现 3 种类型,即均匀、分散和非连续变向分布。非连续变向分布出现在等位点 Est-4、Got、Mdh-2(图 1. b、d、f),表明分裂亚群模型最为适宜。

表 1 显示了遗传基因距离与其他地理位

置间距离的关系呈现为最适宜的 Logistic S 型回归模型,而不是线性回归和 Gompertz 生长回归模型。由于 S 形曲线中低平面的出现(图 2)是证实分裂亚群模型存在的主要特征,结合其它条件,样本种群内的等位基因频率拟合 Hardy-Weinberg 平衡方程;样本种群间的等位基因频率不同,非连续断点在多个基因位点(Est-4、Got、Mdh-2)上出现在不同一地理位点,证实所研究的样本种群结构为一分裂亚群结构。模型低平面的出现是由于来自同一亚群的样本组间较为相似,且来自同一亚群的所有样本的地理位置相互更接近^[11]。从跨越低平面至上升段中心距离为亚群的平均距离,本例为 750km。

因环境和行为障碍分隔种群可导致种群间的转移扩散机会减少。考虑到多态基因位点 Est-4、Got 和 Mdh-2 的基因频率出现了断点,且断点出现地理位置在 105°E 和 110°E 之间,这一位置正是长江三峡无螺区位置,肖荣炜(1964)认为那里无螺的原因是水流过急等原因所致^[13]。说明环境障碍和行为障碍同时影响着亚群的分离,使亚群间的扩散和转移机会减少。在同一亚群内,交配随机发生,且经长距离的扩散后仍能生存^[14]。因此,从遗传学和动物学的观点,可认为中国大

陆钉螺被分隔成一系列亚群,同一亚群的繁殖单元相同于种群的地理单元,Est-4、Got和Mdh-2是研究这些分化的最重要的等位基因位点。

参考文献

- 1 Anon. Report South Pacific Commission. 1976, Noumea 28PP
- 2 Davis, GM & Ruff, MD. Malacological Review 1974, 6 : 181
- 3 Dobzhansky, T. American Nature 1950, 84 : 401
- 4 刘月英,等. 动物学杂志 1981, 6 : 253
- 5 Mao, CP & Shao, BR. Am J Trop Med Hyg 1982, 31 : 92
- 6 Nei, M. genetics 1978, 89 : 583
- 7 Norusis, MJ. SPSS/PC+Advanced Statistics 4. 0. SPSS Inc. Chicago, Illinois. 380pp
- 8 Richardson, BJ. Australian Journal of Biological Science 1980, 33 : 385
- 9 Richardson, BJ. Australian Journal of Marine and Freshwater Research 1992, 33 : 917
- 10 Richardson, BJ. Australian Journal of Marine and Freshwater Research 1983, 34 : 231
- 11 Richardson, BJ, Bavorstock, PR & Adams, M (ed.) Allozyme electrophoresis. Academic Press, Inc. 1986, 410pp
- 12 Ryman, N & Stahl, G. Canadian Journal of Fishery and Aquatic Science 1981, 38 : 1562
- 13 肖荣伟. 中华医学杂志 1962, 50 : 1
- 14 周晓农,等. 中国血吸虫病防治杂志 1989, 1 (3) : 31
- 15 朱中亮. 国际血吸虫病专题讨论会摘要 1992, 164

1994 年 9 月 28 日收稿 1995 年 2 月 17 日修回

(编辑: 方洪元)

POPULATION GENETICS OF *ONCOMELANIA* SPP. IN MAINLAND CHINA

II RELATIONSHIP BETWEEN GENETIC VARIATION AND GEOGRAPHIC DISTRIBUTION

Zhou Xiaonong¹, Hong Qingbiao¹, Sun Leping¹, Xu Qiu¹

Wu Zhongxing¹, Huang Hanweng², Thomas K ristetsen³

1 Jianfsu Institute of Parasitic Diseases (Wuxi 214064)

2 Anti-epidemic station, Fuqin city

3 Danish Bilkhaziasis Laboratory

ABSTRACT

The genetic divergence between geographically separated populations can be studied by comparing the divergences in their allele frequencies to the geographical distance of populations. The present study is to examine the divergences in allele frequencies and genetic divergence in relation to the geographical distance of the samples localities, in order to test the population structure model of *Oncomelania* from the endemic areas in mainland China.

The results showed that three patterns of allele frequency distributions occurred in seven polymorphic loci, which were even, chaotic and discontinuous cline distributions. The discontinuous or stepped clines shown in loci Est-4, Got and Mdh-2 suggested that the discrete subpopulation model is the likeliest. The plot of genetic distance (Nei's 1978) between sample populations against the geographic distances suggested that the special pattern of allele frequency distribution could be found. The regression analysis shows that logistic sigmoid regression is the best model to fit the original data in the plot. This supports the existence of the discrete subpopulations model in the population structure studied.

Key word : *Oncomelania hupensis*, allele frequency, genetic distance, geographic distribution, Logistic sigmoid regression