

湖北钉螺种群内螺壳形态形状变异分析

周艺彪 姜庆五 赵根明 韦建国

(复旦大学公共卫生学院流行病学教研室 上海 200032)

摘要 : 在中国大陆血吸虫病流行的 7 个省中, 采集不同环境类型的 21 个湖北钉螺 (*Oncomelania hupensis*) 种群, 每个种群各测量 60 只湖北钉螺的 11 个形态性状。采用形态性状的变异系数、种群内个体间的欧氏距离与多样性指数及主成分分析 3 种方法, 分析不同湖北钉螺种群内形态性状的变异程度。结果表明, 在种群内个体间的欧氏距离和形态性状多样性方面, 都以江西都昌的变异最大, 平均欧氏距离为 2.88, 方差为 2.33, 极差为 9.05, 多样性指数为 1.56, 个体间平均距离以四川西昌湖北钉螺种群的最小, 仅为 1.37, 而多样性指数以四川丹棱湖北钉螺种群的最小, 为 0.91。在不同光壳湖北钉螺种群中, 以云南大理湖北钉螺个体间的平均距离最大, 为 1.90, 但方差和极差以江苏宜兴的最大, 分别为 0.55 和 4.46。不同湖北钉螺种群内形态性状变异程度存在较大的差异, 肋壳湖北钉螺种群内的形态性状变异程度普遍高于光壳湖北钉螺种群内的变异程度。

关键词 : 湖北钉螺 形态性状 变异

中图分类号 : Q954 文献标识码 : A 文章编号 : 0250-3263(2005)05-77-07

Analysis of Morphological Variation Within *Oncomelania hupensis* Populations

ZHOU Yi-Biao JIANG Qing-Wu ZHAO Gen-Ming WEI Jian-Guo

(Department of Epidemiology, Public Health School of Fudan University, Shanghai 200032, China)

Abstract : 21 *Oncomelania hupensis* populations were collected from the different environment types of seven provinces with *Schistosomiasis japonicum* in mainland of China. Sixty individuals were sampled randomly for each snail population and 11 morphological traits were measured for each snail. The coefficient of variation of morphological characters, Euclidean distances between snail individuals within a population, Morphological polymorphism and Principal components analysis were conducted to analyze the variation of morphological trait within snail population. Among 21 snail populations the morphological variation of the snail population from Duchang, Jiangxi Province was the most and the median, variance and range of its Euclidean distance and its Shannon-Winer index were 2.88, 2.33, 9.05 and 1.56 respectively. The median of Euclidean distance of the snail population from Xichang, Sichuan Province was the least (1.37), but the Shannon-Winer index of the population from Danling, Sichuan Province was the least (0.91). Among smooth-shell populations, the median of Euclidean distance of the snail population from Dali, Yunnan Province was the most (1.90), but the variance and range of Euclidean distance of the snail population from Yixing, Jiangsu Province were the most (0.55 and 4.46 respectively). There was the different degree of morphological variation within different snail populations and the degree of morphological variation within ribbed-shell snail populations was higher than that of within smoothed-shell snail populations.

基金项目 “十五”国家科技攻关课题 (No. 2004BA718B04) ;

第一作者介绍 周艺彪, 博士, 主要研究方向: 钉螺分类和血吸虫病流行病学; E-mail: zhouyibiao@tom.com

收稿日期: 2005-04-06, 修回日期: 2005-07-15

Key words : *Oncomelania hupensis* ; Morphological trait ; Diversity

湖北钉螺 (*Oncomelania hupensis*) 是日本血吸虫的惟一中间宿主, 在血吸虫病的流行中起着极其重要的作用。广泛分布于中国、日本、菲律宾和马来西亚等亚洲国家与地区, 在我国大陆主要分布于长江流域及以南的 12 个省(市、自治区)。北起江苏宝应县(北纬 35°25'), 南抵广西玉林县(北纬 22°43'), 东至上海南汇区(东经 121°45'), 西达云南云龙县(东经 99°4')。以往国内外对湖北钉螺种群间的形态差异有过较多的报道, 并根据钉螺的形态特征(壳高、壳型指数和肋强度等)、地理分布、生态环境及对寄生虫的易感性等方面的差异, 将我国湖北钉螺分为 7 个亚种: 指名亚种 (*Oncomelania hupensis hupensis*)、丘陵亚种 (*O. h. fausti*)、滇川亚种 (*O. h. robertsoni*)、广西亚种 (*O. h. guangxiensis*)、福建亚种 (*O. h. tangi*)、台湾亚种 (*O. h. formosana*) 和滨海亚种 (*O. h. chiuu*)^[1, 2]。但对于种群内个体间的形态差异程度, 尤其是不同地域钉螺种群内个体间形态差异程度的比较尚未见报道。形态多样性是遗传多样性的一个重要方面, 而群体内的遗传多样性反映了物种的进化潜力和对环境的适应性, 因此对钉螺种群内的形态数量性状变异的分析, 对钉螺遗传多样性的研究及钉螺的分类与控制有着重要的意义。本研究从不同的钉螺孳生环境类型中采集了 21 个种群的钉螺, 从形态性状的变异系数、种群内个体间的距离、形态多样性指数以及采用主成分分析, 对我国大陆钉螺种群内的形态数量性状变异进行了分析, 为钉螺的遗传进化和生态控螺研究提供依据。

1 材料与方法

1.1 钉螺来源 钉螺样本分别采自于云南(大理市银桥乡五里桥村)、四川(丹棱县杨场镇徐坝村、广汉市双泉乡龙泉村、蒲江县长秋乡三合村、西昌市川兴镇新隆村)、湖南(华容县幸福乡东浹村、君山区柳林洲镇长江村、南县八百弓乡新尚村)、湖北(蔡甸区消泗乡挖沟村、汉川市刘

隔镇西寺台村、江陵县资市镇范渊村、阳新县木港镇新湖村)、江西(都昌县周溪镇柴棚村、南昌县蒋港镇玉丰村、星子县新池乡渚溪村)、安徽(枞阳凤仪乡凤仪村、贵池区梅龙镇郭港村、安徽铜陵县老州乡光辉村)和江苏(丹徒县世业镇新滩村、江宁区铜井镇新济洲村、宜兴湖滏镇张公村) 7 个省的 21 个现场采螺点, 钉螺采集点位于血吸虫病尚未控制的流行区, 主要沿长江流域分布。现场采螺点所在的县(市、区)环境类型及其分布见图 1。其中来自于云南大理, 四川省广汉、蒲江、丹棱和西昌(滇川亚种)以及江苏宜兴(丘陵亚种)的 6 个钉螺种群为无纵肋的光壳钉螺, 其余 15 个钉螺种群(指名亚种)均为有明显纵肋的肋壳钉螺。每个现场采螺点随机抽取成年钉螺(螺旋数 ≥ 6 个) 120 只, 置于实验室内饲养备用。

1.2 螺壳形态数量性状测量 从 21 个钉螺种群样本中, 各随机抽取 60 只钉螺^[3], 用 0.2% 草酸清洗后, 在放大镜下用镀铬游标卡尺和量角器对螺壳进行测量。每一个钉螺测量 11 个形态数量性状指标, 指标和测量方法如图 2。除壳顶角精确度为 0.1° 之外, 其余指标的精确度控制在 0.02 mm。总共测量 1 260 只钉螺。

1.3 数据处理与分析

1.3.1 形态性状变异及变异百分比 使用原始数据分析钉螺形态性状指标的变异系数 (CV) 和变异百分比, 采用方差分析的方法分析钉螺种群间的变异占总变异的百分比。

1.3.2 钉螺种群内个体间的距离 使用 NTSYSpc 2.1 软件中的 Stand 程序将 21 个钉螺种群的 11 个螺壳形态性状数据标准化, 再用 Simint 程序分别计算每个钉螺种群内个体间的欧氏距离, 计算公式为: $E_{ij} = \sqrt{\sum_k (x_{ki} - x_{kj})^2}$ 。其中 E_{ij} 为欧氏距离, i 为一个钉螺种群内第 i 个钉螺, j 为同一个钉螺种群内第 j 个钉螺, k 为形态性状指标数 ($j = 1, 2, 3, \dots, k, k = 11$), x_{ki} 为一个钉螺种群内第 i 个钉螺的第 k 个形态性状

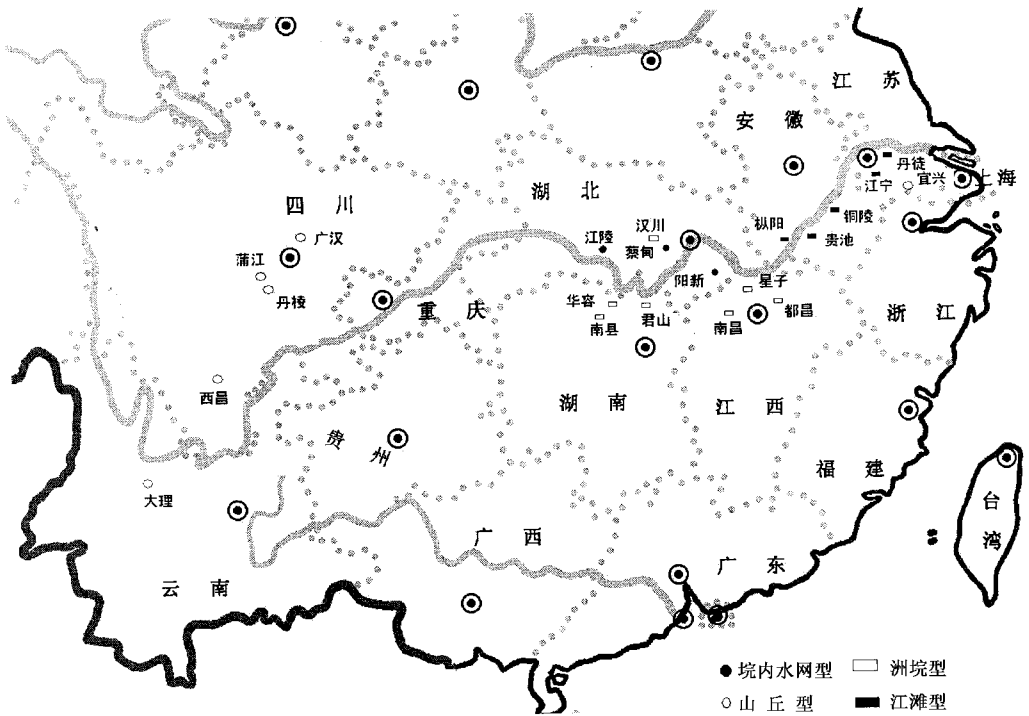


图 1 湖北钉螺样本 21 个种群的分布示意图

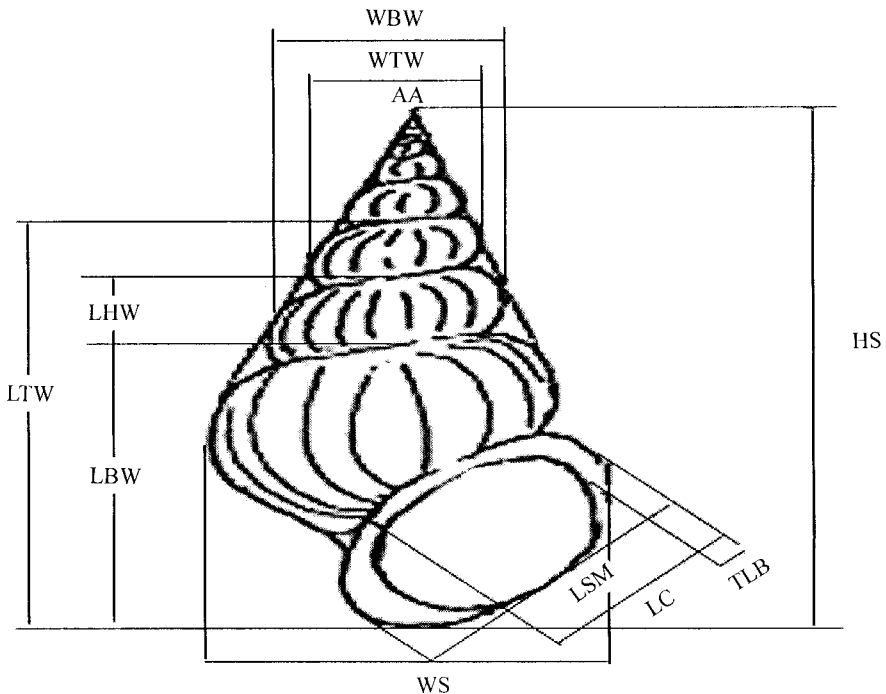


图 2 钉螺形态数量性状测量指标示意图

WBW: 体层宽; WTW: 后 3 螺层宽度; AA: 壳顶角度; LTH: 后 3 螺层长度; LBW: 体螺层长度; LHW: 次螺层长度; WS: 壳宽; LSM: 壳口; LC: 长胼胝长度; TLB: 外唇缘厚度; HS: 壳高。

指标值 x_{ij} 为同一个钉螺种群内第 j 个钉螺的第 k 个形态性状指标值。使用 SPSS 11.5 对钉螺个体间的欧氏距离数据的分布进行正态性检验和描述性分析。

1.3.3 形态多样性 将上述已标准化的形态性状数据划分为 10 个等级, 即 1 级 $< \bar{X} - 2\delta$, 10 级 $> \bar{X} + 2\delta$, 中间每级间隔 0.5δ , δ 为标准差 ($\bar{X} = 0, \delta = 1$)。以 Shannon-Winer 指数, 测度钉螺形态性状表型的多样性, 多样性指数的计算公式为:

$$H' = - \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n \sum_{i=1}^m P_{ij} \ln P_{ij}$$

其中 H' 为形态多样性指数, i 为第 j 个形态性状的表型代码 ($i = 1, 2, 3, \dots, m$, m 为形态性状所分的等级数, 不同地方钉螺不同性状, m 值不同), j 为形态性状数 ($j = 1, 2, 3, \dots, n$, $n = 11$), P_{ij} 为第 j 个形态性状第 i 种表型代码的频率, 即其在群体中所占的比率。

1.3.4 主成分分析 采用原始数据进行主成分分析, 使用标准化的因子, 计算不同钉螺种群的因子方差, 来反映钉螺种群内形态性状的变异程度。

其他数据分析与作图均在 SPSS 11.5 软件中完成。

2 结果

2.1 不同钉螺种群螺壳形态性状的变异程度

按钉螺螺壳表面有无纵肋, 可将钉螺划分为两类: 壳面有纵肋的钉螺称为肋壳钉螺, 壳面光滑的钉螺称为光壳钉螺^[4]。指名亚种钉螺为肋壳钉螺, 丘陵亚种和滇川亚种为光壳钉螺。在 11 个形态性状指标中, 不同地域钉螺种群都以“外唇缘厚度”的变异程度最大, 其次是“次螺层长度”。光壳钉螺在“外唇缘厚度”和“壳项角度”这两个性状上的变异程度大于肋壳钉螺的, 而在其他 9 个指标上则是以肋壳钉螺的变异程度大(表 1)。在 21 个钉螺种群间, 以“壳高”的种群间变异最大, 其种群间的变异占总变异的 83.66%。最低的是“次螺层长度”, 仅为 60.01%。在光壳钉螺中, 除“壳项角度”的种群间变异百分比为 71.03%, 其余均低于 50%(表 2)。

2.2 不同钉螺种群内个体间的欧氏距离及其变异程度 钉螺种群内个体间的欧氏距离呈正偏态分布 ($P < 0.001$), 故以中位数表示种群内个体间欧氏距离的平均水平。以江西都昌钉螺个体间的平均距离及其变异最大, 平均欧氏距离为 2.88, 方差为 2.33, 极差为 9.05, 个体间平均距离最小的是四川西昌的钉螺种群, 仅为 1.37, 不足江西都昌钉螺种群的一半。肋壳钉螺种群内个体间的平均欧氏距离及其变异程度均高于光壳钉螺。在不同光壳钉螺种群中, 以云南大理钉螺个体间的平均距离最大, 为 1.90, 但方差和极差以江苏宜兴的最大, 分别为 0.55 和 4.46 (图 3)。

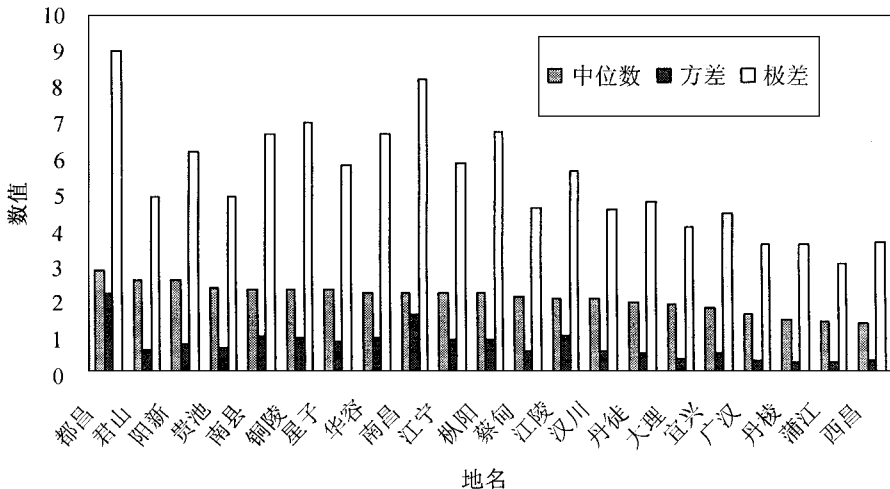


图 3 21 个湖北钉螺种群内个体间的欧氏距离及其变异情况

2.3 形态性状多样性 以江西都昌肋壳钉螺种群的多样性指数最大,为 1.56,四川丹棱光亮壳钉螺种群的最少,仅为 0.91。肋壳钉螺种群

的多样性指数都高于光亮壳钉螺的,不同地域的钉螺种群,其多样性指数也存在着较大的差异(图 4)。

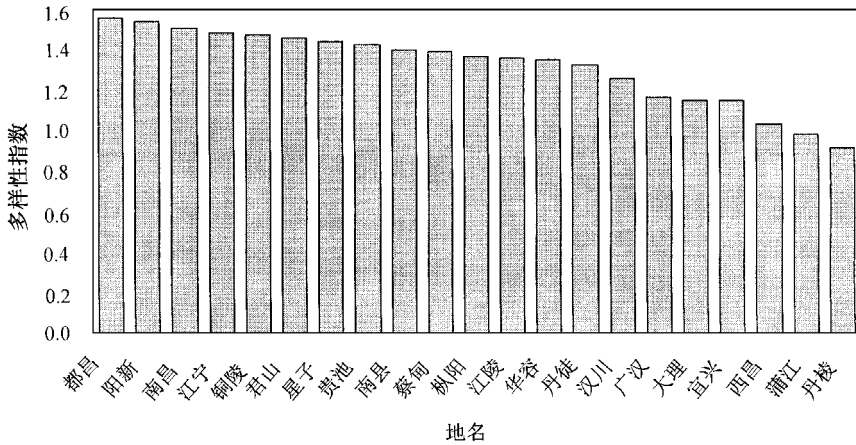


图 4 21 个湖北钉螺种群形态性状的多样性指数的分布情况

表 1 不同地域钉螺种群 11 个形态性状指标的变异系数(%)

种群	壳高 HS	后 3 螺层 长度 LTW	次螺层 长度 LHW	体螺层 长度 LBW	体层宽 WBW	后 3 螺层 宽度 WTW	壳宽 WS	壳口长 LSM	脏肌 长度 LC	外唇缘 厚度 TLB	壳顶 角度 AA
安徽											
枞阳	6.44	6.00	13.34	6.46	7.46	7.44	7.95	7.64	14.08	14.25	6.17
贵池	6.77	8.19	14.55	7.38	6.42	8.18	7.51	7.16	8.35	15.51	9.51
铜陵	8.44	8.05	13.95	8.36	7.41	9.64	7.56	9.84	9.46	28.65	6.32
湖北											
蔡甸	5.88	5.23	10.53	6.06	7.08	6.94	5.49	7.17	8.75	25.84	6.98
汉川	5.73	5.55	10.88	5.95	5.85	9.65	6.20	7.81	7.11	27.40	7.65
江陵	8.33	6.53	13.66	13.79	8.70	6.82	6.97	9.13	9.72	27.09	4.42
阳新	7.61	7.23	13.83	7.41	6.29	8.83	6.99	8.58	10.04	27.26	8.13
湖南											
华容	5.74	4.78	13.07	5.04	4.88	5.73	4.40	6.56	8.69	24.00	6.04
君山	7.06	5.79	12.98	6.41	7.27	8.61	5.94	6.63	10.53	20.57	11.07
南县	9.29	7.86	12.18	7.33	8.22	10.34	8.21	8.95	10.32	30.96	4.16
江苏											
丹徒	7.64	6.94	13.40	6.21	6.82	7.95	5.78	7.27	8.08	21.08	6.34
江宁	8.50	8.80	14.43	8.41	9.20	10.35	7.76	9.21	9.96	28.71	5.96
宜兴	8.35	6.57	14.44	6.78	7.21	9.31	7.04	7.94	11.30	38.89	5.20
江西											
都昌	11.13	9.51	14.53	9.44	7.33	9.51	8.05	12.59	12.84	27.76	6.53
南昌	13.23	13.04	13.76	5.17	6.07	7.53	4.43	6.26	8.20	22.09	6.24
星子	6.26	6.32	12.14	5.94	6.50	8.19	6.04	9.35	9.66	30.50	16.12
四川											
丹棱	5.41	4.62	13.43	5.08	5.64	6.52	4.37	5.88	7.09	15.22	6.14
广汉	6.29	6.64	12.75	6.67	6.89	7.97	4.95	7.21	8.06	22.42	4.54
蒲江	5.83	5.17	10.13	5.82	5.91	7.18	6.56	5.36	6.41	14.65	5.90
西昌	5.12	4.85	9.31	5.54	7.95	6.50	6.32	5.82	7.94	22.51	4.89
云南											
大理	6.86	6.06	11.49	6.77	7.02	8.25	5.61	7.15	9.89	14.14	9.24
合计											
肋壳	13.90	12.27	17.54	11.61	11.58	14.03	10.71	11.56	13.34	27.9	98.91
光亮	8.62	6.71	15.26	6.94	7.34	10.05	6.65	6.95	9.07	30.57	11.29

表 2 钉螺 11 个形态性状指标的种群间变异百分比 (%)

种群	壳高 HS	后 3 螺层 长度 LTW	次螺层 长度 LHW	体螺层 长度 LBW	体层宽 WBW	后 3 螺层 宽度 WTW	壳宽 WS	壳口长 LSM	膀胱长度 LC	外唇缘 厚度 TLB	壳项角度 AA
肋壳	63.16	61.14	43.68	60.15	63.73	64.20	61.48	47.14	45.14	25.36	38.28
光壳	44.81	27.77	37.95	23.18	14.27	40.58	23.65	10.64	12.29	44.37	71.03
合计	83.66	81.63	60.01	80.28	78.25	78.27	79.55	70.55	65.86	60.47	65.62

2.4 形态性状变异的主成分分析 对 21 个种群钉螺的 11 个形态性状进行主成分分析, KMO 统计值为 0.955, 前 3 个主成分累计占总变异的 90.27% (分别为 76.29%、7.89% 和 6.09%)。前 3 个主成分的系数矩阵见表 3。在第一主成分中, 除“外唇缘厚度”和“壳项角度”的系数分别为 0.61 和 -0.51 之外, 其余形态性状的系数均大于 0.83, 表明第一主成分主要代表钉螺个体的大小; 在第二主成分中, 除“壳项角度”的系数为 0.83 之外, 其余均小于 0.21, 表明第二主成分主要代表钉螺的形态; 在第三主成分中, 除“外唇缘厚度”的系数为 0.77 之外, 其余均少于 0.01, 表明第三主成分主要代表钉螺螺壳的厚度。肋壳钉螺种群的第三主成分方差普遍大于光壳钉螺种群的; 第一主成分方差除江苏宜

兴光壳钉螺种群之外, 也是肋壳钉螺种群的方差大于光壳钉螺种群的(图 5)。

表 3 主成分分析所得前 3 个主成分的系数

形态性状	第一主成分	第二主成分	第三主成分
	P1	P2	P3
壳高 HS	0.99	-0.12	-0.06
后 3 螺层长度 LTW	0.97	0.01	-0.05
次螺层长度 LHW	0.83	-0.17	-0.15
体螺层长度 LBW	0.95	0.11	-0.07
体层宽 WBW	0.95	0.08	-0.08
后 3 螺层宽度 WTW	0.94	-0.07	-0.09
壳宽 WS	0.94	0.20	0.01
壳口长 LSM	0.92	0.18	-0.02
膀胱长度 LC	0.89	0.14	-0.03
外唇缘厚度 TLB	0.61	0.12	0.77
壳项角度 AA	-0.51	0.83	-0.13

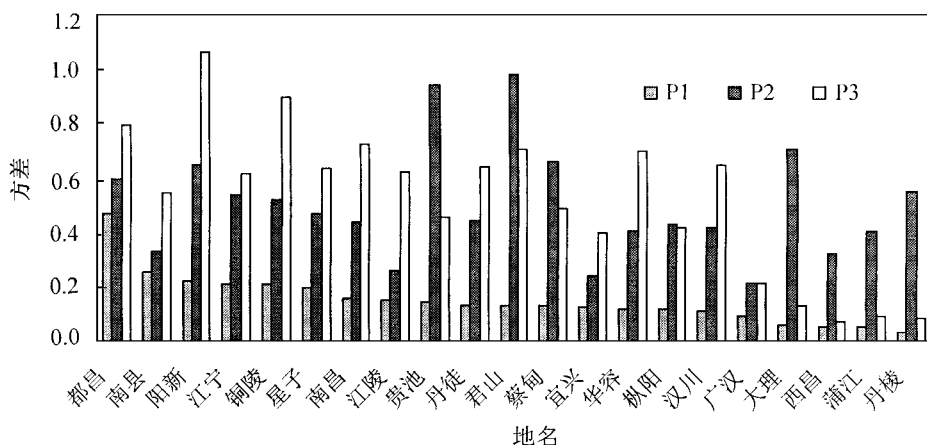


图 5 21 个湖北钉螺种群形态性状的 3 个主成分变异情况

3 讨论

钉螺不仅在我国分布广泛, 而且孳生的环境类型也相差很大, 大致可以分为 3 类: 湖沼

型、水网型和山丘型, 这 3 类还可以进一步细分, 例如湖沼型可以细分为洲垸型、江滩型和垸内型等; 山丘型可细分为丘陵型、高山型和平坝型等^[4]。此次研究的钉螺样本分别来自湖北

钉螺 7 亚种中的 3 个亚种,江苏宜兴钉螺属于丘陵亚种,壳面光滑,个体大,仅略小于指名亚种,唇嵴发达。四川广汉、蒲江、丹棱和西昌以及云南大理的钉螺属于滇川亚种,壳面光滑,贝壳大小次于指名亚种,无唇嵴。其余 15 个分别来自湖南、湖北、江西、安徽和江苏的钉螺属于指名亚种,个体比其他亚种大,壳面有肋,唇嵴发达。指名亚种钉螺在我国的分布范围最广,约占我国钉螺面积的 97% 以上,孳生的环境类型有湖沼型和水网型。丘陵亚种和滇川亚种钉螺孳生的环境类型为山丘型。丘陵亚种分布于长江中下游的丘陵地区,与指名亚种的分布区相重叠,但分布区的绝对海拔高度高于指名亚种的。滇川亚种分布在云南和四川的山区,分布范围较广。研究结果显示,无论是形态性状的变异系数、种群内个体间的距离、形态多样性指数,还是主成分分析,不同钉螺种群内个体间的形态变异程度都存在着较大差异,其中江西都昌钉螺种群内形态变异程度较大,钉螺个体间的平均欧氏距离达 2.88,四川西昌、丹棱和蒲江的变异程度较小,特别是四川西昌种群内的平均欧氏距离还不足江西都昌钉螺种群的一半,仅为 1.37。这些说明了孳生于不同环境类型的钉螺种群,其种群内的形态变异程度也不同。此外,在光壳钉螺中,丘陵亚种江苏宜兴钉螺种群与四川广汉和云南大理滇川亚种钉螺种群的地理距离相隔较远,但丘陵亚种江苏宜兴钉螺种群内的与滇川亚种中的云南大理和四川广汉钉螺种群内的形态变异程度较大,且较为接近,而四川其他 3 个地方钉螺种群内的形态变异程度较小。由于钉螺形态性状是由多基因决定的,并受环境因素影响较大,但造成这种钉螺种群内形态变异程度不同的主要原因是由基因不同引起的?还是由于环境因素引起的?都值得进一步研究分析。

在 21 个钉螺种群的 11 个形态数量性状中,都以“外唇缘厚度”这个性状指标的变异系数最大,其次是“次螺层长度”,特别是江苏宜兴的钉螺种群,其“外唇缘厚度”的变异系数达到

了 38.89%,“次螺层长度”的变异系数为 14.44%;“外唇缘厚度”是反映螺壳厚度的主要指标,说明了这两个形态性状可能是反映钉螺对环境适应性程度的指标,这有待于进一步研究。

本研究使用了种群内个体间的欧氏距离、形态多样性指数和主成分分析 3 种方法,综合地分析了不同钉螺种群内形态性状的变异程度,其分析结果相似,但他们是从不同的角度来反映钉螺种群内的形态学变异程度。种群内个体间的欧氏距离是根据同一种群内不同个体间的欧氏距离的中位数、方差和极差来反映种群内个体之间形态差异的程度;形态多样性指数是反映 11 个形态性状的不同表型等级及数量的分布,即形态多样性的丰度和均匀度;主成分分析是把 11 个形态性状指标综合成 3 个标准化因子,然后利用不同钉螺种群标准化因子的方差来说明不同种群内钉螺形态性状的变异程度,但他不能完全利用所有的变异信息,也不能像个体间的距离和多样性指数那样,去高度综合 11 个形态性状指标来评价钉螺种群内的形态变异程度,如果要利用所有变异信息,势必会增加因子数,达不到主成分分析的目的。为了消除度量衡单位的不同以及不同钉螺种群的形态性状指标均数相差悬殊所带来影响,先将原始测量数据标准化,再分别计算钉螺种群内个体间的欧氏距离和形态多样性指数,以分析钉螺种群内的螺壳形态变异程度。

参 考 文 献

- [1] Davis G M. Molecular genetics and taxonomic discrimination. *Nautilus*(suppl.), 1994, 2(1) 3 ~ 23.
- [2] 刘月英, 楼子康, 王耀先等. 钉螺亚种分化. 动物分类学报, 1981, 6(3) 253 ~ 266.
- [3] 周艺彪, 姜庆五, 赵根明等. 湖北钉螺数量性状研究中遗传变异信息的可靠性与样本量的关系. 中国血吸虫病防治杂志, 2005, 17(2) 81 ~ 85.
- [4] 赵慰先, 高淑芬主编. 实用血吸虫病学. 北京: 人民卫生出版社, 1996, 124 ~ 134.