

doi: 10.7541/2023.2022.0144

## 西藏羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫的群落生态

潘瑛子<sup>1,2</sup> 扎西拉姆<sup>1,2</sup>

(1. 西藏自治区农牧科学院水产科学研究所, 拉萨 850032; 2. 西藏土著鱼类繁育与利用技术工程研究中心, 拉萨 850032)

**摘要:** 为研究西藏羊卓雍错Yamdrok Lake高原裸鲤肠道寄生蠕虫的群落生态, 探索寄生虫与西藏高原环境和独特的鱼类宿主三者之间的相互关系, 以肠道寄生蠕虫为对象, 于2020年7月对180尾高原裸鲤*Gymnocypris waddellii* [雌性120尾, 雄性60尾, 全长22.20—49.20 cm, 平均全长(36.76±4.18) cm, 体重77.3—896.7 g, 平均体重(425.92±148.27) g]进行了剖检, 对群落结构和种间关系等群落生态进行了分析。羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落由5个物种构成, 分别为聂氏似短节绦虫*Parabreviscolex niepini*、对盲囊线虫*Contracaecum eudypuluae*、束首线虫未定种*Streptocara* sp.、新棘吻虫未定种*Neoechinorhynchus* sp.和异肉吸虫未定种*Allocreadium* sp.。感染率从高到低依次为新棘吻虫未定种、聂氏似短节绦虫、异肉吸虫未定种、对盲囊线虫和束首线虫未定种。平均丰度从高到低依次为聂氏似短节绦虫、新棘吻虫未定种、束首线虫未定种、异肉吸虫未定种和对盲囊线虫。群落的Margalef物种丰富度指数为0.59, Shannon-Wiener多样性指数为1.26, Pielou均匀度指数为0.83, Berger-Parker优势度指数为0.50, 优势物种为聂氏似短节绦虫。有4组物种间存在正关联, 关联性从高到低依次为: 新棘吻虫未定种与异肉吸虫未定种、对盲囊线虫与新棘吻虫未定种、对盲囊线虫与异肉吸虫未定种、对盲囊线虫与束首线虫未定种。其他寄生蠕虫物种两两不存在种间关联。从感染与否看, 被感染的宿主数量超过采样群体宿主数量的一半, 其中, 以感染1种寄生虫的宿主出现频次最高, 感染2种寄生虫的宿主出现频次也较高, 3种和4种寄生虫共同感染的宿主出现频次明显降低, 未发现5种寄生虫同时感染的宿主。与同位于西藏南部, 并曾经相连的哲古措Chugutso Lake相比, 两个湖泊尽管地理位置相近, 宿主鱼类种类相同, 寄生蠕虫物种组成一致, 但羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落具有自身特点, 即更高的平均丰度, 绝大部分寄生蠕虫种群也具有更高的感染率, 群落中的优势物种也与哲古措不同。种间关联被用来判断肠道寄生蠕虫群落中各种群两两间是否存在共存或排斥关系, 即种间亲和性。在羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落中, 新棘吻虫未定种与异肉吸虫未定种种间亲和性最高。但这种关系并不稳定, 会随着水生态环境和群落中物种组成等的变化而变化。共感染的宿主出现频次变化提示, 随着一个亚群落中物种数的增加, 种间的相互作用越大, 保持共存也越难。

**关键词:** 群落生态; 寄生蠕虫; 群落结构; 种间关系; 羊卓雍错; 高原裸鲤; 西藏

**中图分类号:** Q145<sup>+</sup>.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3207(2023)06-0903-07



西藏水系格局复杂, 不仅河流众多、河网交织密布, 还孕育了世界上海拔最高、数量最多、面积最大的高原湖泊群<sup>[1]</sup>。羊卓雍错 Yamdrok Lake 是西藏南部最大的内流湖泊, 位于山南市浪卡子县(90°21'—91°05'E, 28°16'—29°11'N), 湖区属于山地灌丛草原半干旱气候, 多年平均气温2.4℃<sup>[1, 2]</sup>。湖面面积638.0 km<sup>2</sup>, 海拔4441 m, 1975—1980年平均水温7.0℃, 8月的月均水温最高, 为13.2℃, 2月的月

均水温最低, 为0.6℃, 湖水pH 9.2—9.3, 矿化度1.62—1.89 g/L, 属微咸水湖, 湖水主要依靠地表径流补给, 较大的入湖河流有6条<sup>[1, 2]</sup>。

据资料记载, 羊卓雍错分布着高原裸鲤*Gymnocypris waddellii*、异尾高原鳅*Triplophysa stewarti*和细尾高原鳅*Triplophysa stenura* 3种鱼类<sup>[3]</sup>。张春光等<sup>[4]</sup>认为西藏鱼类区系组成的单纯性与水系的复杂性构成了统一而又独特的动物地理单元, 具有明显

收稿日期: 2022-04-12; 修订日期: 2022-06-27

基金项目: 农业农村部财政专项(西藏重点水域渔业资源与环境调查)资助 [Supported by the Finance Special Project of Ministry of Agriculture and Rural Affairs]

通信作者: 潘瑛子(1984—), 女, 硕士; 研究方向为高原鱼类养殖与病害研究。E-mail: pyingzi\_tibet@163.com

的区域性<sup>[5]</sup>,高原裸鲤就是随着青藏高原的隆升而出现,并随着高原的急剧抬升而特化的类群<sup>[6]</sup>,隶属于鲤科 Cyprinidae、裂腹鱼亚科 Schizothoracinae、裸鲤属 *Gymnocypris*<sup>[7]</sup>,为藏南水系所特有<sup>[5]</sup>,主要以小型浮游动物轮虫类为主要食物,兼食小型无脊椎动物<sup>[3,8]</sup>。而这些浮游生物和底栖动物有不少是寄生蠕虫的第一中间宿主,鱼类捕食后亦可被感染,成为宿主。可以说,寄生虫的感染、生活和繁育与环境 and 宿主密切相关,在西藏特殊的地理环境及气候条件下,在特殊的鱼类宿主群体中,显示出与平原地区不一样的物种组成<sup>[9-16]</sup>。对藏南内流湖泊哲古措高原裸鲤肠道寄生蠕虫的调查研究发现了5种寄生蠕虫,其中聂氏似短节绦虫 *Parabreviscolex niepini* 是西藏特有种;该群落的Shannon-Wiener多样性指数为0.70—1.27, Berger-Parker优势度指数为0.38—0.76, 优势类群为线虫<sup>[12]</sup>。对羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫的种群生态研究,也报道了与哲古措一样的寄生蠕虫物种组成,并对每个种群的感染情况、与宿主性别和全长的关系、分布类型以及感染的宿主频次进行了研究<sup>[9]</sup>。本研究在上述研究基础上,对羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫的群落特征和不同物种间的相互关系展开研究,为研究寄生虫与西藏高原环境和独特的鱼类宿主三者之间的相互关系累积资料。

## 1 材料与方法

### 1.1 采样时间及方法

采样于2020年7月在西藏自治区农牧科学院水产科学研究所病理实验室内进行。测量并记录宿主全长及体重后进行解剖,用手术刀刮取肠道内容物及肠道壁黏液,放置于10 cm×10 cm 的玻璃板中央,盖上大小相同的玻璃板进行压片,将内容物及肠道壁黏液分散展开,挑取虫体并记录数量。物种鉴定采用文献报道<sup>[9]</sup>。

### 1.2 数据处理与分析

参考寄生虫生态学通用术语<sup>[17]</sup>,相关统计、判定方法及计算公式如下<sup>[18,19,20]</sup>:

(1)感染率 =  $N_i/N \times 100$ ;

(2)平均丰度 =  $n_i/N$ ;

(3)Margalef物种丰富度指数:  $R=(S-1)/\ln n$ ;

(4)Shannon-Wiener多样性指数:  $H = -\sum p_i \ln p_i$ ;

(5)Pielou均匀度指数:  $E=(1-\sum p_i^2)/(1-1/S)$ ;

$E$ 值越大,说明群落均匀度越高; $E$ 值越小,说明群落均匀度越低;

(6)Berger-Parker优势度指数:  $D = n_i/n$ , 优势种为感染数量最多的寄生蠕虫;

(7)用 $\chi^2$ 检验判断种间关联与否:  $\chi^2=N(ad-bc)^2/(a+b)(c+d)(a+c)(b+d)$ 。从 $\chi^2$ 表中查到 $P=0.05$ , 自由度 $df=1$ 时, $\chi^2$ 理论值为3.84。当计算所得 $\chi^2$ 值>3.84时,说明两个物种相互关联;

(8)判定种间关联的正负: 比较 $a'$ 与 $a$ 的大小,  $a'=(a+b)(a+c)/N$ 。若 $a'<a$ , 两个物种为正关联; 若 $a'>a$ , 两个物种为负关联;

(9)通过 $\chi^2$ 检验, 若两个种间存在关联, 则用Ochiai关联指数测定关联程度的大小:  $I=a/\sqrt{a+b}\sqrt{a+c}$ 。

式中,  $N$ 为鱼类样本总数,  $N_i$ 为被第 $i$ 种寄生蠕虫感染的鱼类样本数,  $S$ 为寄生蠕虫的物种数,  $n$ 为所有寄生蠕虫个体数量的总和,  $n_i$ 为第 $i$ 种寄生蠕虫的总数,  $p_i$ 为第 $i$ 种寄生蠕虫的数量与所有寄生蠕虫数量的比值。 $a$ 为寄生蠕虫物种A与物种B同时出现的宿主数量,  $b$ 为物种A出现而物种B不出现的宿主数量,  $c$ 为物种B出现而物种A不出现的宿主数量,  $d$ 为物种A与物种B均不出现的宿主数量。

## 2 结果

### 2.1 羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫的群落结构

共剖检羊卓雍错高原裸鲤180尾, 全长22.20—49.20 cm, 平均全长(36.76±4.18) cm, 体重77.3—896.7 g, 平均体重(425.92±148.27) g, 包括雌性120尾, 雄性60尾。

**羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫的群落组成** 在羊卓雍错高原裸鲤肠道内共发现5种寄生蠕虫(表1), 包括绦虫1种, 线虫2种, 棘头虫1种, 复殖吸虫1种<sup>[9]</sup>。

**羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫的感染情况** 由图1可知, 感染率从高到低依次为新棘吻虫未定种、聂氏似短节绦虫、异肉吸虫未定种、*C. eudyptulae*和束首线虫未定种。平均丰度从高到低依次为聂氏似短节绦虫、新棘吻虫未定种、异肉吸虫未定种、*C. eudyptulae*和束首线虫未定种。

**羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落的多样性和优势物种** 群落的Margalef物种丰富度指数为0.59, Shannon-Wiener多样性指数为1.26, Pielou均匀度指数为0.83, Berger-Parker优势度指数为0.50, 优势物种为聂氏似短节绦虫。

### 2.2 羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落的种间关系

**羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落的种间关联** 将羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫两两进行种间关联性分析, 计算 $\chi^2$ 值(表2)并与3.84进行比较, 可得: *C. eudyptulae*分别与束首线虫未定种、

表 1 羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫的群落组成

Tab. 1 Community composition of intestinal helminths in *G. waddellii* from Yamdrok Lake

| 寄生蠕虫种类<br>Intestinal helminths | 纲<br>Class                 | 目<br>Order                | 科<br>Family                 | 属<br>Genus                        | 种<br>Species                              |
|--------------------------------|----------------------------|---------------------------|-----------------------------|-----------------------------------|-------------------------------------------|
| 绦虫<br>Cestode                  | 绦虫纲<br>Cestoda             | 鲤蠢目<br>Caryophyllidea     | 头颊绦虫科<br>Capingentidae      | 似短节绦虫属<br><i>Parabreviscolex</i>  | 聂氏似短节绦虫<br><i>Parabreviscolex niepini</i> |
| 线虫<br>Nematode                 | 线虫纲<br>Nematoda            | 蛔目<br>Ascaridida          | 异尖科<br>Anisakidae           | 对盲囊线虫属<br><i>Contracaecum</i>     | <i>Contracaecum eudyptulae</i>            |
|                                |                            | 旋尾目<br>Spirurida          | 华首科<br>Acuariidae           | 束首线虫属<br><i>Streptocara</i>       | 束首线虫未定种<br><i>Streptocara</i> sp.         |
| 棘头虫<br>Acanthocephalan         | 始新棘头虫纲<br>Eoacanthocephala | 新棘头虫目<br>Neacanthocephala | 新棘吻科<br>Neoechinorhynchidae | 新棘吻虫属<br><i>Neoechinorhynchus</i> | 新棘吻虫未定种<br><i>Neoechinorhynchus</i> sp.   |
| 复殖吸虫<br>Digenea                | 吸虫纲<br>Trematoda           | 复殖目<br>Digenea            | 异肉科<br>Allocreadiidae       | 异肉吸虫属<br><i>Allocreadium</i>      | 异肉吸虫未定种<br><i>Allocreadium</i> sp.        |

新棘吻虫未定种、异肉吸虫未定种种间存在关联,新棘吻虫未定种与异肉吸虫未定种种间存在关联,其他寄生蠕虫物种两两不存在种间关联。

*C. eudyptulae*与束首线虫未定种间,  $a=3, a'=0.78, a>a'$ , 为正关联, 关联指数 $I=7.10$ ; *C. eudyptulae*与新棘吻虫未定种间,  $a=16, a'=8.71, a>a'$ , 为正关联, 关联指数 $I=11.31$ ; *C. eudyptulae*与异肉吸虫未定种间,  $a=9, a'=5.13, a>a'$ , 为正关联, 关联指数 $I=8.29$ ; 新棘吻虫未定种与异肉吸虫未定种间,  $a=15, a'=10.27, a>a'$ , 为正关联, 关联指数 $I=19.54$ 。4组关联种间均为正关联, 关联性从高到代依次为: 新棘吻虫未定种与异肉吸虫未定种、*C. eudyptulae*与新棘吻虫未定种、*C. eudyptulae*与异肉吸虫未定种、*C. eudyptulae*与束首线虫未定种。

羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫共感染的宿主出现频次分布 从表 3 可以看出, 在被感染的宿主中, 以只感染1种的宿主为主, 5种寄生蠕虫均有单独感染的情况。共感染时, 以2种寄生蠕虫共同感染的宿主出现频次为最高, 出现形式有: 聂氏似短节绦虫和新棘吻虫未定种、聂氏似短节绦虫和异肉吸虫未定种、聂氏似短节绦虫和*C. eudyptu-*

*lae*、*C. eudyptulae*和束首线虫未定种、*C. eudyptulae*和新棘吻虫未定种、*C. eudyptulae*和异肉吸虫未定种, 新棘吻虫未定种和异肉吸虫未定种。也就是说, 除束首线虫未定种只与*C. eudyptulae*共同感染外, 其余4种蠕虫可两两同时感染。随着共同感染寄生蠕虫物种数的增加, 宿主出现频次不断降低。

3 讨论

3.1 羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落的特点

羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落包括聂氏似短节绦虫、新棘吻虫未定种、异肉吸虫未定种、*C. eudyptulae*和束首线虫未定种, 物种组成与哲古措高原裸鲤完全一致<sup>[9]</sup>。羊卓雍错和哲古措均位于西藏南部, 被认为曾经相连, 哲古措的湖水通过西北侧的扎不曲流入羊卓雍错, 后来由于气候变化、冰川退缩、湖面变小和通道被堵等原因而分开<sup>[1]</sup>。不少研究证实, 同一地理区域鱼类的寄生蠕虫构成具有相似性<sup>[21, 22]</sup>, 这种相似性随着地理距离的增加而减弱<sup>[23—25]</sup>, 因为随着地理距离的增加, 环境相似性降低, 寄生蠕虫的适应性受到限制, 传播受到地理环境的阻碍<sup>[24]</sup>。羊卓雍错为微咸水湖, 哲古措为淡水湖, 矿化度不同, 由此可见两个湖泊在相互分离后水生生态环境已产生差异。但可以肯定的是, 作为聂氏似短节绦虫、新棘吻虫未定种和异肉吸虫未定种中间宿主的无脊椎动物在两个湖泊中都有存在。*C. eudyptulae*与束首线虫未定种为异源性寄生虫, 鱼类只是它们的中间宿主之一, 鸟类才是终末宿主, 可见, 候鸟迁徙也是两个湖泊仍然存在相同寄生蠕虫种群的原因之一。

从感染情况看, 线虫的感染率在羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落中最低, 但在哲古措中却最高, 羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落的平均丰度高于哲古措<sup>[12]</sup>。两个湖泊曾经相通, 所处地区气候条件相似, 拥有相同的鱼类宿主种群和肠道寄生

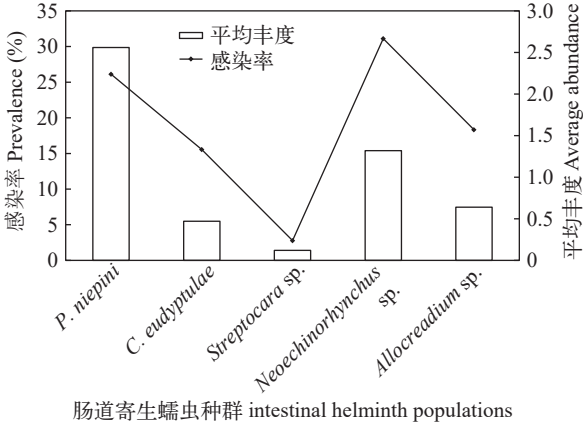


图 1 羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫的感染情况

Fig. 1 Infection of intestinal helminths in *G. waddellii* from Yamdrok Lake

蠕虫物种,影响平均丰度最主要因素可能是两个湖泊中作为中间宿主的无脊椎动物的数量差异。此外,所采集的宿主种群的年龄结构可能也在一定程度上影响寄生蠕虫的感染数量,因为时间具有累积效应<sup>[26]</sup>。

从群落的多样性和优势物种来看,哲古措高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落的Shannon-Wiener多样性指数为0.70—1.27,优势类群为线虫<sup>[12]</sup>;羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落的Shannon-Wiener多样性指数为1.26,优势物种为聂氏似短节绦虫。这可能与两个湖泊中宿主鱼类分布差异和作为中间宿主的浮游和底栖动物数量差异有关,湖泊水体理化因子也可能在其中发挥着作用,此外,作为异源寄生虫终末宿主的鸟类的数量,也可能是影响因素之一。

综上所述,两个湖泊尽管地理位置相近,宿主鱼类种类相同,寄生蠕虫物种组成一致,但羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落具有自身特点,即更高的平均丰度,绝大部分寄生蠕虫种群也具有更高的感染率,群落中的优势物种为聂氏似短节绦虫,线虫的优势度反而最低。

3.2 关于羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落的种间关系

在肠道寄生蠕虫群落中,有的种经常共存,有的种则相互排斥,两个物种在空间分布上的这种特性可以用种间关联进行判断。如果两个种共同出现的频率高于期望值,则它们具有正关联;如果两个种共同出现的频率低于期望值,则它们具有负关

联<sup>[20]</sup>。已有研究认为,正关联可能是因为物种间的相互依赖,或两个寄生虫物种间存在食物联系,具有相似的生存环境条件需求,以及在宿主体内具有相同的生活周期等<sup>[27,28]</sup>;两个寄生蠕虫物种间不存在显著关联,则说明两者之间并没有明显的协同或排斥作用<sup>[29]</sup>。推测新棘吻虫未定种与异肉吸虫未定种、*C. eudyptulae*与新棘吻虫未定种、*C. eudyptulae*与异肉吸虫未定种、*C. eudyptulae*与束首线虫未定种种间因为上述原因,从而存在正关联,但这种关系并不稳定,会随着水生态环境和群落中物种组成等的变化而变化,如在西藏黑斑原鲢消化道寄生蠕虫群落中,*C. eudyptulae*与新棘吻虫未定种、异肉吸虫未定种种间就不存在显著关联<sup>[11]</sup>。新棘吻虫未定种与异肉吸虫未定种种间关联程度最高,说明在羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落中,二者的种间亲和性最高,与西藏黑斑原鲢消化道寄生蠕虫群落一致<sup>[11]</sup>。是否在进化过程中,新棘吻虫未定种与异肉吸虫未定种已经形成了较为稳定的种间关系,还需要对不同水域不同宿主鱼类肠道寄生蠕虫群落进行研究,并对不同季节的采样结果进行分析。Poulin和Valtonen<sup>[30]</sup>认为,两个物种间的关联受到局部因素以及时间效应的影响。

鱼类肠道寄生蠕虫群落中物种共存的模式依赖于物种间的相互作用,积极的如交互隔离,表现为各个种占据不同的生态位或感染时间的交替,甚至是感染宿主在年龄、大小和性别上的差异等;消极的如竞争和他感<sup>[31]</sup>。这种物种间的相互作用对

表 2 羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫的种间 $\chi^2$ 值  
Tab. 2  $\chi^2$  values of intestinal helminths in *G. waddellii* from Yamdrok Lake

| 肠道寄生蠕虫种群<br>Intestinal helminth populations | 聂氏似短节绦虫<br><i>P. niepini</i> | <i>C. eudyptulae</i> | 束首线虫未定种<br><i>Streptocara</i> sp. | 新棘吻虫未定种<br><i>Neoechinorhynchus</i> sp. | 异肉吸虫未定种<br><i>Allocreadium</i> sp. |
|---------------------------------------------|------------------------------|----------------------|-----------------------------------|-----------------------------------------|------------------------------------|
| 聂氏似短节绦虫<br><i>P. niepini</i>                |                              |                      |                                   |                                         |                                    |
| <i>C. eudyptulae</i>                        | 0.63                         |                      |                                   |                                         |                                    |
| 束首线虫未定种 <i>Streptocara</i> sp.              | 0.51                         | 4.66                 |                                   |                                         |                                    |
| 新棘吻虫未定种 <i>Neoechinorhynchus</i> sp.        | 2.57                         | 10.48                | 2.00                              |                                         |                                    |
| 异肉吸虫未定种 <i>Allocreadium</i> sp.             | 0.03                         | 4.22                 | 0.01                              | 3.88                                    |                                    |

注:表中粗体数字表示大于3.84的 $\chi^2$ 值  
Note: Bold numbers in Tab. 4 represent  $\chi^2$  values are greater than 3.84

表 3 羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫共感染的宿主出现频次  
Tab. 3 Host frequency of intestinal helminths co-infection in *G. waddellii* from Yamdrok Lake

|                                                               | 未感染的宿主<br>Uninfected hosts (n=75) | 被感染的宿主<br>Infected hosts (n=105) |       |      |      |
|---------------------------------------------------------------|-----------------------------------|----------------------------------|-------|------|------|
|                                                               |                                   | 1                                | 2     | 3    | 4    |
| 共感染的物种数Numbers of co-infected species                         | 0                                 | 1                                | 2     | 3    | 4    |
| 共感染的宿主出现频次Host frequency of co-infection                      | —                                 | 59                               | 32    | 10   | 4    |
| 共感染宿主出现频次的百分比Percentage of host frequency of co-infection (%) | —                                 | 56.19                            | 30.48 | 9.52 | 3.81 |
| 占宿主总数的百分比Percentage of total hosts (%)                        | 41.67                             | 58.33                            |       |      |      |

于决定共感染寄生虫物种的适应性和可传播性至关重要<sup>[32]</sup>。在本研究中,从感染与否看,被感染的宿主数量超过采样群体宿主数量的一半,其中,以感染1种寄生虫的宿主出现频次最高,感染2种寄生虫的宿主出现频次也较高,3种和4种寄生虫共同感染的宿主出现频次明显降低,未发现5种寄生虫同时感染的宿主。这可能提示着,随着一个亚群落中物种数的增加,种间的相互作用越大,保持共存也越难。此外,聚集分布也被认为是影响共感染的因素,寄生虫物种聚集程度越高,共感染发生的概率就越低<sup>[33]</sup>,除束首线虫未定种以外的4种寄生蠕虫均呈聚集分布<sup>[9]</sup>可能也是影响共感染发生的因素。

综上所述,在羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落中,新棘吻虫未定种与异肉吸虫未定种种间亲和性最高,但这种关系并不稳定,会随着水生态环境和群落中物种组成等的变化而变化。共感染的宿主出现频次变化提示,随着一个亚群落中物种数的增加,种间的相互作用越大,保持共存也越难。

#### 参考文献:

- [1] Qinghai-Tibet Plateau Comprehensive Scientific Investigation Team, Chinese Academy of Sciences. Rivers and Lakes in Tibet [M]. Beijing: Science Press, 1984: 159-168. [中国科学院青藏高原综合科学考察队. 西藏河流与湖泊 [M]. 北京: 科学出版社, 1984: 159-168.]
- [2] Wang S M, Dou H S. Lakes of China [M]. Beijing: Science Press, 1998: 400-401. [王苏民, 窦鸿身. 中国湖泊志 [M]. 北京: 科学出版社, 1998: 400-401.]
- [3] Ji F, Li L. Atlas of Fishes of the Xizang Plateau [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2017: 48, 99. [纪锋, 李雷. 西藏鱼类图集 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2017: 48, 99.]
- [4] Zhang C G, Xing L. The ichthyofauna and the regionalization of fishery in the Tibet region [J]. *Journal of Natural Resources*, 1996, **11**(2): 157-163. [张春光, 邢林. 西藏地区的鱼类及渔业区划 [J]. *自然资源学报*, 1996, **11**(2): 157-163.]
- [5] Wu Y F, Tan Q J. Characteristics of the fish-fauna of the characteristics of Qinghai-Xizang Plateau and its geological distribution and formation [J]. *Acta Zoologica Sinica*, 1991, **37**(2): 135-152. [武云飞, 谭齐佳. 青藏高原鱼类区系特征及其形成的地史原因分析 [J]. *动物学报*, 1991, **37**(2): 135-152.]
- [6] Chen Y Y, Chen Y F, Liu H Z. Studies on the position of the Qinghai-Xizang Plateau region in zoogeographic divisions and its eastern demarcation line [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 1996, **20**(2): 97-103. [陈宜瑜, 陈毅峰, 刘焕章. 青藏高原动物地理区的地位和东部界线问题 [J]. *水生生物学报*, 1996, **20**(2): 97-103.]
- [7] Bureau of Water Production in Tibet Autonomous Region. Fishes and Fish Resources in Xizang, China [M]. Beijing: China Agriculture Press, 1995: 107-108. [西藏自治区水产局. 西藏鱼类及其资源 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1995: 107-108.]
- [8] Wu Y F, Wu C Z. The Fishes of the Qinghai-Xizang Plateau [M]. Chengdu: Sichuan Science and Technology Press, 1992: 452-457. [武云飞, 吴翠珍. 青藏高原鱼类 [M]. 成都: 四川科学技术出版社, 1992: 452-457.]
- [9] Pan Y Z, Yang X L, Zeng B H, et al. Population ecology of intestinal helminths of *Gymnocypris waddellii* in Yamdrok Lake, Tibet [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2022, **29**(1): 149-156. [潘瑛子, 杨欣兰, 曾本和, 等. 西藏羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生蠕虫的种群生态 [J]. *中国水产科学*, 2022, **29**(1): 149-156.]
- [10] Pan Y Z. Community structure and infection of gastrointestinal helminths in *Glypiosternon maculatum* from Tibet Autonomous Region, China [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2021, **45**(5): 1034-1044. [潘瑛子. 西藏黑斑原鲢消化道寄生蠕虫的群落结构和感染情况 [J]. *水生生物学报*, 2021, **45**(5): 1034-1044.]
- [11] Pan Y Z, Fu P P, Wang Q L, et al. Distribution patterns and interspecific relationships of gastrointestinal helminths in *Glyptosternum maculatum* from Tibet [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2021, **28**(2): 231-238. [潘瑛子, 付佩佩, 王且鲁, 等. 西藏黑斑原鲢消化道寄生蠕虫的分布类型及种间关系 [J]. *中国水产科学*, 2021, **28**(2): 231-238.]
- [12] Pan Y Z, Fu P P, Zhou J S, et al. Community structure and seasonal dynamics of gastrointestinal helminths in two native fish species in Lake Chugutso, Tibet [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2020, **27**(11): 1295-1304. [潘瑛子, 付佩佩, 周建设, 等. 西藏哲古措2种土著鱼类消化道寄生蠕虫的群落结构及感染状况 [J]. *中国水产科学*, 2020, **27**(11): 1295-1304.]
- [13] Xi B W, Oros M, Chen K, et al. A new monozoic tapeworm, *Parabreviscolex niepini* n. g., n. sp. (Cestoda: Caryophyllidae), from schizothoracine fishes (Cyprinidae: Schizothoracinae) in Tibet, China [J]. *Parasitology Research*, 2018, **117**(2): 347-354.
- [14] Li P, Xi B W, Zhao X, et al. *Myxobolus linzhiensis* n. sp. (Myxozoa: Myxobolidae) from the gill filament of *Schizothorax oconnori* Lloyd (Cyprinidae: Schizothoracinae) in Tibet, China: morphological and molecular characterization [J]. *Parasitology Research*, 2017, **116**(11): 3097-3103.
- [15] Li W X, Zhang L Q, Gao Q, et al. Endohelminths and their community characteristics in fish of the Lhasa River in Tibet of China [J]. *Chinese Journal of Zoology*, 2008, **43**(2): 1-8. [李文祥, 张立强, 高谦, 等. 西藏拉萨河鱼类内寄生蠕虫的种类组成及其群落特征 [J]. *动物学杂志*, 2008, **43**(2): 1-8.]
- [16] Kuang P R. The description of two Tracheliastes (parasitic copepodas) [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 1964,

- 5(1): 55-62. [匡溥人. 两种马颈鱼虱(寄生桡足类)的记述 [J]. 水生生物学集刊, 1964, 5(1): 55-62.]
- [17] Zhang J Y, Qiu Z Z, Ding X J, *et al.* Parasites and Parasitic Diseases of Fishes [M]. Beijing: Science Press, 1999: 291-656. [张剑英, 邱兆祉, 丁雪娟, 等. 鱼类寄生虫与寄生虫病 [M]. 北京: 科学出版社, 1999: 291-656.]
- [18] Wang J G. Ichthyopathology [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2013: 473-601, 638-648. [汪建国. 鱼病学 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2013: 473-601, 638-653.]
- [19] Yang X L. Fish Parasitology [M]. Beijing: Science Press, 2018: 42-55, 144-219. [杨先乐. 鱼类寄生虫学 [M]. 北京: 科学出版社, 2018: 42-58, 144-219.]
- [20] Bush A O, Lafferty K D, Lotz J M, *et al.* Parasitology meets ecology on its own terms: Margolis *et al.* revisited [J]. *The Journal of Parasitology*, 1997, 83(4): 575-583.
- [21] Zhang J T. Quantitative Ecology (3rd Edition) [M]. Beijing: Science Press, 2018: 146-150. [张金屯. 数量生态学(第三版) [M]. 北京: 科学出版社, 2018: 146-150.]
- [22] Lu M M, Li W X, Wang W W, *et al.* Composition and diversity of helminth communities in alimentary tracts of the mandarin fish *Siniperca chuatsi* from three lakes in the floodplain of the Yangtze River in China [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2015, 39(2): 301-306. [卢明淼, 李文祥, 王微微, 等. 长江中下游三个湖泊中鳊消化道寄生蠕虫群落的组成与多样性 [J]. 水生生物学报, 2015, 39(2): 301-306.]
- [23] Tavares L E R, Luque J L. Similarity between metazoan parasite communities of two sympatric brackish fish species from Brazil [J]. *The Journal of Parasitology*, 2008, 94(4): 985-989.
- [24] Oliva M E, Teresa González M. The decay of similarity over geographical distance in parasite communities of marine fishes [J]. *Journal of Biogeography*, 2005, 32(8): 1327-1332.
- [25] Poulin R. The decay of similarity with geographical distance in parasite communities of vertebrate hosts [J]. *Journal of Biogeography*, 2003, 30(10): 1609-1615.
- [26] Nekola J C, White P S. The distance decay of similarity in biogeography and ecology [J]. *Journal of Biogeography*, 1999, 26(4): 867-878.
- [27] Lo C M, Morand S, Galzin R. Parasite diversity/host age and size relationship in three coral-reef fishes from French Polynesia [J]. *International Journal for Parasitology*, 1998, 28(11): 1695-1708.
- [28] Gao D, Wang G T, Wu S G, *et al.* Community structure and seasonal dynamics of intestinal helminths in the common carp from the Danjiangkou Reservoir, China [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2012, 36(3): 482-488. [高典, 王桂堂, 吴山功, 等. 丹江口水库鲤肠道寄生蠕虫群落结构与季节动态 [J]. 水生生物学报, 2012, 36(3): 482-488.]
- [29] Xi B W, Wang G T, Wu S G, *et al.* Community structure of the intestinal helminths of the Chinese hooksnout carp, *Opsariichthys bidens* (Günther), from the Danjiangkou Reservoir [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2009, 33(2): 177-182. [习丙文, 王桂堂, 吴山功, 等. 丹江口水库马口鱼肠道寄生蠕虫群落结构 [J]. 水生生物学报, 2009, 33(2): 177-182.]
- [30] Wu J Y, Lü J Y, Zeng H, *et al.* Studies on community ecology of helminthes parasitic in *Mugil cephalus* in Guangdong Province, China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2001, 21(6): 1003-1008. [吴金英, 吕军仪, 曾华, 等. 鲢鱼(*Mugil cephalus*)寄生蠕虫群落生态研究 [J]. 生态学报, 2001, 21(6): 1003-1008.]
- [31] Poulin R, Valtonen E T. The predictability of helminth community structure in space: a comparison of fish populations from adjacent lakes [J]. *International Journal for Parasitology*, 2002, 32(10): 1235-1243.
- [32] Krasnov B R, Stanko M, Khokhlova I S, *et al.* Aggregation and species coexistence in fleas parasitic on small mammals [J]. *Ecography*, 2006, 29(2): 159-168.
- [33] Pedersen A B, Fenton A. Emphasizing the ecology in parasite community ecology [J]. *Trends in Ecology & Evolution*, 2007, 22(3): 133-139.

## COMMUNITY ECOLOGY OF INTESTINAL HELMINTHS IN *GYMNOCYPRIS WADDELLII* FROM YAMDROK LAKE, TIBET AUTONOMOUS REGION, CHINA

PAN Ying-Zi<sup>1,2</sup> and TASHILHAMO<sup>1,2</sup>

(1. Xizang Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences Institute of Fishery Sciences, Lhasa 850032, China; 2. Xizang Native Fish Breeding and Utilization Technology Engineering Research Center, Lhasa 850032, China)

**Abstract:** This paper studies the community ecology of intestinal helminths in *Gymnocypris waddellii* from Yamdrok Lake, Tibet Autonomous Region, China, and the interactions among the parasite community, environmental conditions of the Tibet Plateau, and unique hosts. In July 2020, 180 samples [total length: 22.20—49.20 cm; average length: (36.76±4.18) cm; weight: 77.3—896.7 g; average weight: (425.92±148.27) g], including 120 females and 60 males, were dissected for the analysis of community structure, interspecific relationship and other aspects of community ecology. Intestinal helminths in the samples consist of 5 species: *Neoechinorhynchus* sp., *Parabreviscolex niepini*, *Allocreadium* sp., *Contracaecum eudyptulae* and *Streptocara* sp., if ranked by the prevalence of infection from the highest to the lowest (or *Parabreviscolex niepini*, *Neoechinorhynchus* sp., *Streptocara* sp., *Allocreadium* sp. and *Contracaecum eudyptulae*, if ranked by the mean abundance of infection from the highest to the lowest). The Margalef index of species richness is 0.59, the Shannon-Wiener index of species diversity is 1.26, the Pielou index of species evenness is 0.83, and the Berger- Parker index of species dominance is 0.50. *Parabreviscolex niepini* is the dominant species. Positive correlations are found between 4 groups of species: *Neoechinorhynchus* sp. and *Allocreadium* sp.; *Contracaecum eudyptulae* and *Neoechinorhynchus* sp.; *Contracaecum eudyptulae* and *Allocreadium* sp.; *Contracaecum eudyptulae* and *Streptocara* sp., if ranked by the degree of correlation from the highest to the lowest. No interspecific association is observed between other species of parasitic worms. The number of infected hosts is over 50% of the sample size. The number of hosts infected with one parasite species is the highest, followed by the number of hosts infected with 2 parasite species. Hosts infected with 3 or 4 parasite species are less common, and there are no hosts infected with 5 parasite species. In comparison with the same parasite species in the same hosts from the adjacent Chugutso Lake, which was once connected with Yamdrok Lake in the south of Tibet Autonomous Region, intestinal helminth communities in hosts from Yamdrok Lake feature higher values of prevalence and mean abundance of infection, and different dominant species. Interspecific compatibility, a measure of interspecific association, is used to describe the coexistence or competitive exclusion between two intestinal helminth communities in the hosts from Yamdrok Lake. It's found that the interspecific compatibility between *Neoechinorhynchus* sp. and *Allocreadium* sp. is the highest but unstable, and it changes with the water environment and species composition in the communities. The variation in the number of hosts infected with more than one parasite species indicates that the difficulty in achieving coexistence increases when interspecific interaction grows with the increase of the number of species in a sub-community.

**Key words:** Community ecology; Parasitic helminths; Community structure; Interspecific relationship; Yamdrok Lake; *Gymnocypris waddellii*; Tibet Autonomous Region