

雅鲁藏布江尼木段巨须裂腹鱼 肠道寄生蠕虫的群落生态学研究

龚君华^{1,2,3}, 群培^{1,2,3}, 潘瑛子^{1,2,3}, 郝翠兰⁴

(1.西藏自治区农牧科学院水产科学研究所, 西藏 拉萨 850032; 2.西藏土著鱼类繁育与利用技术工程研究中心, 西藏 拉萨 850032; 3.西藏自治区渔业与种质资源利用重点实验室, 西藏 拉萨 850032; 4.新疆农业大学动物医学学院, 新疆 乌鲁木齐 830052)

摘要:为阐明雅鲁藏布江中游巨须裂腹鱼(*Schizothorax macropogon*)肠道寄生蠕虫的物种组成、群落结构特征、种群空间分布类型及种间关联性,以补充该重要土著鱼类寄生虫本底资料,从而为理解高原鱼类寄生虫的分布格局及宿主—寄生虫相互关系提供基础数据。于雅鲁藏布江中游尼木段采集30尾巨须裂腹鱼样本,通过形态学方法鉴定其肠道寄生蠕虫种类,计算其感染参数、群落结构指数、运用方均比分析种群空间分布类型,并基于 χ^2 检验与共感染模式解析种间关系。结果表明:共鉴定出4种肠道寄生蠕虫,分别为深槽绦虫未定种(*Bathypostrongylus* sp.)、对盲囊线虫未定种(*Contracaecum* sp.)、杆咽线虫未定种(*Rhabdochona* sp.)和新棘吻虫未定种(*Neoechinorhynchus* sp.)。其中,对盲囊线虫的感染率最高(50.00%),杆咽线虫次之(23.33%),深槽绦虫和新棘吻虫的感染率均较低(<7.00%);杆咽线虫的最大感染强度(70只/尾)与平均丰度(6.53±17.06只/尾)均居首位,为群落的优势物种(Berger-Parker优势度指数为0.84)。群落的Margalef物种丰富度指数为0.55,Shannon-Wiener多样性指数为0.50,Pielou均匀度指数为0.37。空间分布分析表明:对盲囊线虫和杆咽线虫呈聚集分布,新棘吻虫趋向均匀分布,深槽绦虫表现为随机分布。种间关联性分析显示,各物种间均无显著相关性;共感染分析进一步证实,宿主中仅出现单一或双重感染,且对盲囊线虫是唯一可与其他3种寄生虫分别共生的物种。综上,雅鲁藏布江巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落结构简单,由4个物种构成,优势物种突出,不同种群呈现聚集、均匀与随机3种分布格局,反映了其生态策略的多样性。

关键词:寄生蠕虫;群落结构;分布类型;种间关系;巨须裂腹鱼;雅鲁藏布江;西藏

中图分类号:S941

文献标识码:A

Study on the Community Ecology of Intestinal Helminths in *Schizothorax macropogon* from the Yarlung Zangbo River (Nyemo section), Xizang Autonomous Region, China

GONG Junhua^{1,2,3}, Qunpei^{1,2,3}, PAN Yingzi^{1,2,3}, HAO Cuilan⁴

(1. Institute of Aquatic Sciences, Xizang Autonomous Region Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences, Lhasa Xizang 850032, China; 2. Indigenous Fish Breeding and Utilization Engineering Research Center of Xizang Autonomous Region, Lhasa Xizang 850032, China; 3. Key Laboratory of Fishery and Germplasm Resources Utilization of Xizang Autonomous Region, Lhasa Xizang 850032, China; 4. College of Veterinary Medicine, Xinjiang Agricultural University, Urumqi Xinjiang 830052, China)

Abstract: To clarify the species composition, community structure, spatial distribution patterns, and interspecific relationships of intestinal parasitic helminths in *Schizothorax macropogon* from the middle reaches of the Yarlung Zangbo River (Xizang, China), this study aims to supplement the baseline data on parasites of this important indigenous fish species and provide fundamental information for understanding the

收稿日期:2024-12-23

基金项目:国家自然科学基金项目(32403088;32403085)。

作者简介:龚君华(1972—),男,助理研究员,主要从事鱼类资源保护与利用研究,E-mail:897455794@qq.com。

通信作者:潘瑛子(1984—),女,副研究员,主要从事高原鱼类病害与养殖研究,E-mail:pyingzi_tibet@163.com;

郝翠兰(1987—),女,副教授,主要从事水生动物保护学研究,E-mail:haocuilan@126.com。

distribution patterns of plateau fish parasites and host-parasite interactions. A total of 30 *S. macropogon* specimens were collected from the Nyemo reach of the middle Yarlung Zangbo River. Intestinal parasitic helminths were identified using morphological methods, and infection parameters as well as community indices were systematically calculated. The spatial distribution patterns of populations were analyzed using the mean-variance ratio method, while interspecific relationships were analyzed based on the χ^2 test and co-infection patterns. The results showed that four intestinal parasitic helminths were identified, namely *Bathybothrium* sp., *Contracaecum* sp., *Rhabdochona* sp., and *Neoechinorhynchus* sp. Among them, *Contracaecum* sp. exhibited the highest infection rate (50.00%), followed by *Rhabdochona* sp. (23.33%), while *Bathybothrium* sp. and *Neoechinorhynchus* sp. had lower infection rates (<7.00%). *Rhabdochona* sp. showed both the highest maximum infection intensity 70 ind./host and mean abundance 6.53 ± 17.06 ind./host, making it the dominant species in the community (Berger-Parker dominance index=0.84). The community's Margalef richness index was 0.55, Shannon-Wiener diversity index was 0.50, and Pielou evenness index was 0.37. Spatial distribution analysis indicated that *Contracaecum* sp. and *Rhabdochona* sp. were aggregated, *Neoechinorhynchus* sp. tended toward a uniform distribution, and *Bathybothrium* sp. showed a random distribution. Interspecific association analysis revealed no significant correlations among the species. Co-infection analysis further confirmed that only single or double infections occurred in the hosts, with *Contracaecum* sp. being the only species that could co-infect with each of the other three parasite species. The intestinal parasitic helminth community of *S. macropogon* in the Yarlung Zangbo River is simple, consisting of four species with a clearly dominant species. Different populations exhibited aggregated, uniform, and random distribution patterns, reflecting diversity in their ecological strategies.

Key words: parasitic helminths; community structure; distribution patterns; interspecific relationship; *Schizothorax macropogon*; Yarlung Zangbo River; Xizang

雅鲁藏布江(Yarlung Zangbo River)发源于喜马拉雅山中段北麓的杰马央宗冰川,是西藏境内的第一大河,也是世界上海拔最高的河流,该河在中国境内分为上游、中游和下游 3 段^[1-2]。其流经拉萨市尼木县的江段被称为尼木段,隶属于雅鲁藏布江中游江段^[2]。

目前,雅鲁藏布江中游江段共分布有 16 种鱼类,主要包括异齿裂腹鱼(*Schizothorax oconnori*)、拉萨裸裂尻鱼(*Schizopygopsis youngusbandi*)、巨须裂腹鱼(*Schizothorax macropogon*)、拉萨裂腹鱼(*Schizothorax waltoni*)、双须叶须鱼(*Ptychobarbus dipogon*)和尖裸鲤(*Oxygymnocypris stewartii*)等 6 种裂腹鱼亚科(Schizothoracinae)鱼类,以及黑斑原鲃(*Glyptosternum maculatum*)等鲃科(Sisoridae)鱼类和高原鳅属(*Triplophysa*)的若干鱼类^[2]。巨须裂腹鱼隶属于鲤形目(Cypriniformes)鲤科(Cyprinidae)裂腹鱼属(*Schizothorax*),俗称胡子鱼,为杂食性鱼类,以底栖生物和着生硅藻等藻类为食,是雅鲁藏布江中游重要的土著鱼类^[1-2]。该物种在生态环境部和中国科学院联合发布的《中国生物多样性红色名录——脊椎动物卷(2020)》中被评定为易危物种(VU)^[3],并于 2021 年被列入《国家重点保护野生动物名录》,定级为二级水生野生保护动物^[4]。

高原地区(如青藏高原、阿尔卑斯山等)的鱼类寄生虫研究多集中于高山、冷水性湖泊和河

流。Hanzelová 等^[5]指出阿尔卑斯山区某湖泊的北极红点鱼的绦虫感染率高达 90%;Поспехов 等^[6]在上科列姆河流域的高山湖泊中的 7 种鱼类上共鉴定出 34 种寄生虫,反映出该类环境中寄生虫种类较为丰富。青藏高原等典型高寒水域具有低温、强紫外线辐射以及生态系统简单脆弱等特点,这些独特的环境压力塑造了特殊的鱼类区系(以裂腹鱼亚科和条鳅类鱼类为主),同时对其寄生虫群落的组成产生了深刻影响。在中国高原鱼类寄生虫研究方面,杨廷宝和丁金水等^[7-9]先后对青海湖鱼类寄生棘头虫和青海省部分水库鱼类感染舌状绦虫进行了调查;李文祥等^[10]对西藏拉萨河鱼类内寄生蠕虫的种类组成及其群落特征进行研究,在 7 种鱼类中共发现了 10 种蠕虫;刘利林等^[11]报道了新疆塔里木河水系中叶尔羌高原鳅的寄生虫区系组成。2019 年以来,潘瑛子等^[12-18]对西藏雅鲁藏布江黑斑原鲃、哲古错和羊卓雍错高原裸鲤、色林错裸鲤等水域鱼类宿主的寄生虫区系及群落生态学进行了详细研究报道;同期,田胜利等^[19-21]对帕米尔高原的叶尔羌河流域的长身高原鳅、塔里木裂腹鱼和斑重唇鱼的寄生线虫感染情况展开了研究。

巨须裂腹鱼作为雅鲁藏布江中游重要的土著经济鱼类,其资源状况一直备受关注。据 2008 年 8 月—2009 年 8 月,以及 2012 年 4—8 月对雅鲁藏布江拉孜至尼木江段共 857 尾样本的调查,在当时的捕捞强度下,雄性种群已处于完全开发状

态,而雌性种群则呈现过度捕捞趋势^[22]。近 10 余年来,针对该物种的研究多集中于野外资源量调查与评估^[23-25]、生物学特性^[22,26-36]及人工繁育与驯养^[10,27,37]等方面。然而,与其食性和生存环境密切相关的寄生虫学研究却相对匮乏,目前仅见于雅鲁藏布江支流拉萨河。李文祥等^[10]在拉萨河的 8 尾巨须裂腹鱼(平均体长 24.13 ± 4.48 cm)肠道中,检出异肉吸虫未定种(*Allocreadium* sp.)、对盲囊线虫未定种(*Contracaecum* sp.)、希蚘杆咽线虫(*Rhabdochona hellichi*)和青海新棘吻虫(*Neoechinorhynchus qinghaiensis*)等 4 种寄生蠕虫。迄今为止,西藏其他高原水系中巨须裂腹鱼寄生虫种类组成及群落结构的系统研究仍鲜见报道。

宿主与寄生虫在长期协同演化中形成的密切关系,使得寄生虫群落结构可作为反映宿主健康状况及其所处水体环境变化的敏感指标。巨须裂腹鱼是水生态系统中不可或缺的一员,具有较高的保护价值。目前,其寄生虫基础生态学资料仍较为匮乏。查明巨须裂腹鱼寄生虫的群落特征,不仅是评估其健康风险、开展针对性保护的必要前提,也是理解高原特殊环境中宿主—寄生虫相互作用机制不可或缺的生态学基础。因此,本研究聚焦雅鲁藏布江中游尼木段的巨须裂腹鱼,系统调查其肠道寄生蠕虫的种类组成,并分析其群落结构特征、种群分布格局及种间关系,旨在阐明巨须裂腹鱼寄生虫的物种多样性及区系组成特征,以填补该流域在鱼类寄生虫生态学研究方面的空白,同时为探索西藏特殊高原环境与鱼类宿主—寄生虫协同演化关系提供基础生态学依据,从而为这一珍稀土著鱼类的健康评估与保护提供科学支撑。

1 材料与方法

1.1 寄生蠕虫样本收集

于 2021 年 1 月在雅鲁藏布江尼木段随机采集 30 尾巨须裂腹鱼样本,随即送至西藏自治区农牧科学院水产科学研究所鱼病实验室。解剖时,首先分离出巨须裂腹鱼的肠道组织,将其剪开后,用手术刀刮取肠道内容物及内壁黏液,置于 $10 \text{ cm} \times 10 \text{ cm}$ 的玻璃板中央,覆盖大玻璃板轻轻挤压,使内容物和黏液分散展开。随后在便携式体视显微镜(重庆光电 HG880323)下观察,

挑取全部虫体,记录其数量并依据形态进行初步分类。

1.2 寄生蠕虫物种鉴定

对线虫、绦虫和棘头虫分别经乳酚透明法或苏木素染色法制片后,使用 Nikon Eclipse Ni-U 正置显微镜进行形态学观察,并依据《鱼类寄生虫学》中记述的分类学特征进行科、属及物种鉴定^[38]。

1.3 数据处理

统计感染强度,计算感染率、平均丰度、方差与平均值的比值(简称方均比)等。计算公式和统计、判定方法如下:

1.3.1 感染强度

指在所有被感染宿主中,某种寄生虫数量的最小值到最大值的范围。

1.3.2 感染率

指感染某种寄生虫的宿主数占检查宿主总数的百分比,计算公式为:

$$\text{感染率}(\%) = (\text{感染该寄生虫的宿主数} / \text{检查的宿主总数}) \times 100\% \quad (1)$$

1.3.3 平均丰度

某种寄生虫在所有被检宿主(包括感染和未感染个体)中的平均数量,计算公式为:

$$\text{平均丰度} = \text{该寄生虫的个体总数} / \text{检查宿主总数} \quad (2)$$

结果以“平均值±标准差”表示。

1.3.4 Margalef 物种丰富度指数

用于衡量群落的物种丰富度,计算公式为:

$$R = (S - 1) / \ln n \quad (3)$$

式中: S 为寄生蠕虫的物种数, n 为所有寄生蠕虫的个体总数。在总个体数相同的情况下, R 值越高,表明群落的物种组成越丰富。

1.3.5 Shannon-Wiener 多样性指数

用于综合反映群落的物种多样性和均匀度,计算公式为:

$$H = - \sum p_i \ln p_i \quad (4)$$

式中: p_i 为第 i 种寄生蠕虫的个体数占所有寄生蠕虫总个体数的比例。 H 值越高,表示群落的多样性水平越高;在物种数固定的情况下,其值随各物种个体数分布均匀度的增加而增加。

1.3.6 Pielou 均匀度指数

用于衡量群落中不同物种个体数分布的均匀程度,计算公式为:

$$E = (1 - \sum p_i^2) / (1 - 1/S) \quad (5)$$

其中, E 值范围为 0 至 1。 E 值越接近 1, 说明群落中各物种的个体数分布越均匀, 则群落均匀度越高; E 值越接近 0, 则表示群落均匀度越低。

1.3.7 Berger-Parker 优势度指数

用于表征群落中优势物种的支配程度, 计算公式为:

$$D = n_{\max} n^{-1} \quad (6)$$

式中: n_{\max} 为数量最多的寄生虫物种的个体总数, n 为所有寄生蠕虫个体总数。 D 值越接近 1, 表示群落由一个物种绝对主导, 多样性较低; D 值越低(越接近 0), 则表示没有明显的优势物种, 物种分布相对更均匀。

1.3.8 种群分布类型判定

利用方差 V 与平均值 \bar{X} 的比值, 即方均比 V/\bar{X} 进行判定。其中, V 为某种寄生虫在宿主种群中数量的方差, \bar{X} 为平均个体数。若 $V/\bar{X} < 1$, 为均匀分布; 若 $V/\bar{X} = 1$, 为随机分布; 若 $V/\bar{X} > 1$, 为聚集分布。

1.3.9 种间关联性判定

采用卡方(χ^2)检验。计算公式为:

$$\chi^2 = N(ad - bc)^2 / (a + b)(c + d)(a + c)(b + d) \quad (7)$$

式中: a 为寄生蠕虫物种 A 与物种 B 同时感染的宿主数量, b 为仅感染物种 A 的宿主数量, c 为仅感染物种 B 的宿主数量, d 为两者均未感染的宿主数量, N 为鱼类宿主样本总数, 即 $N = a + b + c + d$ 。在显著性水平 $p = 0.05$, 自由度 $df = 1$ 时, χ^2 的理论临界值为 3.84。若计算所得 $\chi^2 > 3.84$, 则认为两个物种间存在显著关联。

1.3.10 种间关联性质判定

通过比较实际观测值 a 与理论期望值 a' 的

大小进行判定, 计算公式为:

$$a' = (a + b)(a + c) / N \quad (8)$$

若 $a > a'$, 表明两物种共同出现的实际频率高于随机期望, 两个物种为正关联; 若 $a < a'$, 表明两物种共同出现的实际频率低于随机期望, 两个物种为负关联。

1.3.11 关联程度测定

若经 χ^2 检验证实两个物种间存在显著关联, 则使用 Ochiai 关联指数测定其关联程度, 计算公式为:

$$I = a / \sqrt{a + b} \sqrt{a + c} \quad (9)$$

I 值越接近 1, 表明正关联程度越强; I 值越接近 0, 则表明负关联程度越强或关联性微弱。

2 结果与分析

2.1 巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落的物种组成

本研究共测量 30 尾巨须裂腹鱼, 包括雌性 21 尾, 雄性 9 尾, 其全长范围为 27.90~56.00 cm, 平均全长为 43.88 ± 6.76 cm, 体重范围为 256.60~1 565.90 g, 平均体重为 894.50 ± 353.97 g。解剖检查共发现 4 种肠道寄生蠕虫, 分别隶属于深槽绦虫属、对盲囊线虫属、杆咽线虫属和新棘吻虫属(表 1)。

2.2 巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫的感染情况

对巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫的感染情况分析显示(表 2), 对盲囊线虫的感染率最高, 为 50.00%, 其次是杆咽线虫, 为 23.33%, 深槽绦虫和新棘吻虫的感染率均低于 7.00%; 杆咽线虫的平均丰度最高, 为 (6.53 ± 17.06) 只/尾, 且对宿主的最高感染数量可达 70 只/尾; 对盲囊线虫次之, 为 (1.17 ± 1.49) 只/尾, 最高感染量可达 5 只/尾; 深槽绦虫和新棘吻虫的平均丰度最低, 最高感染数量均为 1 只/尾。

表 1 雅鲁藏布江尼木段巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落的物种组成

寄生虫分类单元	门	纲	目	科	属	种
绦虫 cestode	扁形动物门 Platyhelminthes	绦虫纲 Cestoda	头槽目 Bothrioceph- alidea	三枝钩科 Triaenophoridae	深槽绦虫属 <i>Bathybothrium</i>	未定种 sp.
线虫 nematode	线虫动物门 Nematoda	色矛纲 Chromadorea	蛔目 Ascaridida	异尖科 Anisakidae	对盲囊线虫属 <i>Contracaecum</i>	未定种 sp.
			旋尾目 Spirurida	杆咽科 Rhabdochoniida	杆咽线虫属 <i>Rhabdochona</i>	未定种 sp.
棘头虫 acanthocephalan	棘头动物门 Acanthocephala	始新棘头虫纲 Eoacanthoceph- ala	新棘头虫目 Neoacantho- cephala	新棘吻科 Neoechino- rhynchidae	新棘吻虫属 <i>Neoechinorhyn- chus</i>	未定种 sp.

表2 雅鲁藏布江尼木段巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫的感染情况

肠道寄生蠕虫	寄生蠕虫数量 /只	被感染的宿主数量 /尾	感染率 /%	感染强度 /只	平均丰度 /只·尾 ⁻¹
深槽绦虫未定种 <i>Bathybothrium</i> sp.	1	1	3.33	1	0.03±0.18
对盲囊线虫未定种 <i>Contracaecum</i> sp.	35	15	50.00	1~5	1.17±1.49
杆咽线虫未定种 <i>Rhabdochona</i> sp.	196	7	23.33	2~70	6.53±17.06
新棘吻虫未定种 <i>Neoechinorhynchus</i> sp.	2	2	6.67	1	0.07±0.25

2.3 巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落特征、优势物种及种群分布类型

巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落的 Margalef 物种丰富度指数为 0.55, Shannon-Wiener 多样性指数为 0.50, Pielou 均匀度指数为 0.37, Berger-Parker 优势度指数为 0.84, 杆咽线虫是该群落的优势物种。

种群分布类型的分析结果为:深槽绦虫的方均比等于 1.00, 其分布特征与随机分布一致;新棘吻虫的方均比为 0.97, 呈现出均匀分布的趋

势;对盲囊线虫和杆咽线虫方均比分别为 1.90 和 44.55, 呈聚集分布。

2.4 巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落的种间关系

2.4.1 种间关联性

对 4 种寄生蠕虫进行种间关联性分析, 即计算两两物种间的 χ^2 值, 并与临界值 3.84 进行比较。结果显示, 所有种群两两之间的 χ^2 值均小于 3.84, 表明在本次调查中, 各种群之间均不存在显著的种间关联(表 3)。

表3 雅鲁藏布江尼木段巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落种间 χ^2 值

肠道寄生蠕虫种群	深槽绦虫未定种 <i>Bathybothrium</i> sp.	对盲囊线虫未定种 <i>Contracaecum</i> sp.	杆咽线虫未定种 <i>Rhabdochona</i> sp.
对盲囊线虫未定种 <i>Contracaecum</i> sp.	1.03		
杆咽线虫未定种 <i>Rhabdochona</i> sp.	0.31	1.68	
新棘吻虫未定种 <i>Neoechinorhynchus</i> sp.	0.07	2.14	0.65

2.4.2 共感染情况

雅鲁藏布江尼木段巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫共感染的宿主频数见表 4。共感染的寄生蠕虫物种数最高为 2 种, 对盲囊线虫可分别与深槽绦虫、杆咽线虫或新棘吻虫共同感染同一宿主。在 30 尾宿主样本中, 未感染任何寄生蠕虫的个体最多, 为 13 尾, 单独感染某种寄生蠕虫和同时感染 2 种寄生蠕虫的宿主频数相近, 分别为 9 尾和 8 尾。

表4 雅鲁藏布江尼木段巨须裂腹鱼寄生蠕虫共感染的宿主频数分布

	未感染的宿主 (n=13)	被感染的宿主 (n=17)	
共感染的物种数	0	1	2
宿主频数	—	9	8
共感染频率的百分比/%	—	52.94	47.06
占宿主总数的百分比/%	43.33	56.67	

3 讨论与结论

3.1 讨论

3.1.1 巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫的群落结构

1) 寄生蠕虫种类组成与物种鉴定。本研究在雅鲁藏布江尼木段 30 尾巨须裂腹鱼肠道内共检出 4 种寄生蠕虫, 分别为深槽绦虫未定种、对盲囊线虫未定种、杆咽线虫未定种和新棘吻虫未定种。此结果与李文祥等^[10]在雅鲁藏布江支流拉萨河巨须裂腹鱼中的报道在具体物种组成上有所不同。该研究同样记录了 4 种寄生蠕虫, 分别为异肉吸虫未定种、对盲囊线虫未定种、希蚋杆咽线虫(*Rhabdochona hellich*)和青海新棘吻虫(*Neoechinorhynchus qinghaiensis*)。

Moravec 等^[39]研究认为, 杆咽线虫属分类体系较为混乱, 存在大量同物异名, 需结合详尽的形态学特征进行厘定。该研究强调, 锯齿结构和唇部形态是关键的鉴别依据, 例如希蚋杆咽线虫

有 14 枚大小相近的锯齿与 4 片发育良好的唇,且雄虫具 9 对肛前乳突与 6 对肛后乳突。本研究的样品在光学显微镜下,雄虫的肛前乳突数量为 8~11 对,肛后乳突为 6 对,但因观察角度所限未能准确辨识锯齿数量。希蚋杆咽线虫已知可寄生于亚洲的裂腹鱼类^[39],但在当前样本形态学证据尚不充分、分子信息亦无法提供决定性支持的情况下,将本样本暂定为未定种是更为审慎的处理方式。

对于新棘吻虫,本研究中仅采集到 2 条雌虫,体长分别为 2.91 mm 和 3.14 mm,其大小范围与已报道寄生于青海湖裸鲤(*Gymnocypris przewalskii*)的青海新棘吻虫(体长 1.82~5.33 mm)存在重叠^[40]。然而,分子比对结果显示,本样本与青海新棘吻虫 ITS 区域(登录号:MW851291)的序列一致性较低,为 94.28%,这一显著的遗传差异表明,本研究发现的虫体与青海新棘吻虫虽同属,但应为不同物种,故将其鉴定为新棘吻虫未定种。

2) 寄生蠕虫群落特征及其影响因素。本研究中,巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落物种丰富度(Margalef 指数 $R = 0.55$)、多样性(Shannon-Wiener 指数 $H = 0.50$)和均匀度(Pielou 指数 $E = 0.37$)均处于较低水平。群落结构呈现明显的优势种支配现象,杆咽线虫未定种在感染强度与平均丰度上均占据绝对优势,Berger-Parker 优势度指数高达 0.84。对盲囊线虫未定种则表现出最高的感染率,为 50%,而深槽绦虫与新棘吻虫的感染水平极低。此群落结构与李文祥等^[10]的研究存在明显区别。在拉萨河巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落中,Shannon-Wiener 多样性指数更高,为 1.24,且优势物种为青海新棘吻虫和希蚋杆咽线虫。对盲囊线虫、希蚋杆咽线虫和青海新棘吻虫的感染率均为 37.5%,除对盲囊线虫外,均高于本研究对应虫种的感染率。造成这种群落结构差异的原因可能是多方面的:首先,生境与中间宿主的差异是重要因素。拉萨河与雅鲁藏布江尼木段在水文条件、浮游动物与底栖生物群落结构上可能不同,导致同种鱼类宿主摄食的中间宿主种类与数量存在差异,从而直接影响其肠道寄生蠕虫的组成。其次,采样季节的不同可能引起种群动态波动。拉萨河样本采集于 7 月(夏季),而本研究的采样时间为 1 月(冬季)。水

温等环境因子的季节变化对寄生虫的生命周期、宿主免疫状态及传播效率均有显著影响,可导致寄生虫种群出现动态消长^[41-43],从而塑造出不同的群落结构。此外,宿主样本量的影响也不容忽视。Marques 等^[44]的研究表明,当鱼类宿主样本量较小时(特别是宿主数量不足 40 尾时),感染率、平均丰度等参数更易受随机效应影响而被低估。相较于拉萨河研究仅 8 尾宿主样本,本研究的 30 尾宿主样本更能可靠地反映雅鲁藏布江尼木段巨须裂腹鱼在当时时空节点下肠道寄生蠕虫群落的真实状况。

3.1.2 巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫种群的分布类型

寄生虫种群在宿主体内的空间分布格局,是揭示其生态适应与宿主-寄生虫互作关系的关键数据。Poulin^[45]研究认为,聚集分布是后生动物寄生虫种群普遍遵循的空间类型,可视为寄生虫生态学的首要普遍规律。该分布模式下,寄生虫个体高度集中于少数宿主体内,而多数宿主仅被少量的寄生虫感染甚至未被感染,从而有效降低寄生虫对宿主种群的总体危害,是维持宿主-寄生虫系统长期稳定的重要策略^[45-47]。本研究结果部分支持这一规律:对盲囊线虫未定种(方均比 1.9)与杆咽线虫未定种(方均比 44.55)均呈现典型的聚集分布,少数宿主体内极高的感染强度(最高达 70 只/尾)贡献了主要的种群丰度。这种格局通常源于宿主个体在易感性、免疫、能力或接触风险上的异质性,以及寄生虫在宿主体内的直接繁殖^[47]。

然而,本研究在同一宿主种群中观察到的另两种寄生虫,却呈现不同的分布类型。新棘吻虫未定种的方均比接近 1(0.97),提示其感染强度在各宿主间较为均质;而深槽绦虫的方均比恰好为 1,显示其离散程度与随机分布相似。这一现象提示,在特定的生态或生物学条件下,寄生虫种群可能呈现多样化的分布策略或表现形式。均匀分布可能反映了强烈的密度制约效应,例如,宿主针对该寄生虫的有效免疫应答限制了其过度增殖,或寄生虫种内竞争导致感染负荷均质化^[47]。这或可解释为新棘吻虫与宿主之间已达到一种动态平衡的感染状态。深槽绦虫的随机分布则可能暗示其感染过程更多地受机遇因素支配,例如,其复杂生活史中中间宿主的随机被摄食,或其在终末宿主鱼类体内缺乏有效的聚集

性繁殖。

3.1.3 巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫的种间关系

基于 χ^2 检验的种间关联性分析显示,雅鲁藏布江尼木段巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落中的4种寄生蠕虫种群间均不存在显著的关联性。这与吴金英等^[48]对鲮(*Mugil cephalus*)消化道寄生蠕虫群落中观察到的模式一致,可能表明不同寄生蠕虫种群在宿主体内的分布相对独立,尚未形成紧密的、具有显著互作(竞争抑制或协同共生)的稳定关系。对共感染情况的进一步分析为这一结论提供了有力佐证。在17个被感染的宿主个体中,共感染物种数最多仅为2种,未发现3种或4种寄生虫同时感染的情况;且对盲囊线虫是唯一被观察到可分别与其他3种寄生蠕虫中任意1种形成共感染的物种。从感染的宿主频数看,单一感染(9尾,52.94%)和双重感染(8尾,47.06%)的频率相近,构成了感染格局的主体。

综上所述,雅鲁藏布江尼木段巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落呈现种间无显著关联的特征,即某种寄生虫的感染与否,并不限制或促进其他寄生虫的成功寄生。这种相对独立的种间关系,可能与种群生态位的分化、各自相对独立的生活史等有关。4种寄生虫可能占据着宿主肠道内不同的生态位,生境与资源利用重叠较少,且依赖互不相同的中间宿主与传播途径,从而避免了直接的竞争或协作,使得群落的构建更多地表现为一种随机的共栖,而非稳定的共生组合。

3.2 结论

本研究通过对雅鲁藏布江尼木段巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫的调查研究,主要得出以下结论:共鉴定出4种寄生蠕虫,包括深槽绦虫未定种、对盲囊线虫未定种、杆咽线虫未定种和新棘吻虫未定种,其种类组成与拉萨河种群存在差异,表明寄生虫群落可能存在地理异质性。该群落结构简单,多样性、均匀度与物种丰富度均较低,并由杆咽线虫占据绝对优势。在空间分布类型上,对盲囊线虫与杆咽线虫呈聚集分布,新棘吻虫显示均匀分布趋势,深槽绦虫则显示随机分布趋势,表明在同一宿主种群内,不同寄生虫可采取不同的分布策略。种间关联性分析进一步表明,各物种在宿主体内的分布相互独立,缺乏显著的生态关联,群落内各种群间并无显著关

联,这可能源于其生态位分化或(和)独立的生活史。

本研究首次阐明了雅鲁藏布江中游干流尼木段巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫的群落生态特征,为理解高原鱼类寄生虫的分布格局及宿主—寄生虫相互关系提供了基础数据。

参考文献:

- [1] 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.
- [2] 纪锋,马波,王炳谦,等.雅鲁藏布江中游渔业资源环境科考报告[M].北京:中国农业出版社,2019.
- [3] 生态环境部,中国科学院.中国生物多样性红色名录——脊椎动物卷(2020)[R/OL].(2023-05-18)[2024-12-15].<https://www.mee.gov.cn/xxgk2018/xxgk/xxgk01/202305/W020230522536559098623.pdf>.
- [4] 国家林业和草原局,农业农村部.国家重点保护野生动物名录[R].北京,2021.
- [5] HANZELOVA V, SCHOLZ T, GERDEAUX D, et al. Endoparasitic helminths of fishes in three Alpine lakes in France and Switzerland[J]. REVUE SUISSE DE ZOOLOGIE, 1999, 106(3): 581-590.
- [6] ПОСПЕХОВ В, АТРАШКЕВИЧ Г, ОРЛОВСКАЯ О. Паразиты рыб горных озер бассейна верхней Колымы. 1. озера Большой и Малый дарпир[J]. Вестник Северо-Восточного научного центра ДВО РАН, 2021(4): 89-108.
- [7] 杨廷宝.青海湖鱼类寄生棘头虫在宿主肠中的位置选择[J].中山大学学报(自然科学版), 1995, 34(2): 79-83.
- [8] 杨廷宝,廖翔华.青海湖裸鲤寄生湟鱼棘头虫的种群季节动态研究(英文)[J].中山大学学报(自然科学版).2000,39(2):78-82.
- [9] 丁金水.青海省水库部分鱼类舌状绦虫病初步调查[J].水利渔业,1999(4):45-46.
- [10] 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(2): 1-8.
- [11] 刘利林,谢从新,陈生熬,等.叶尔羌高原鳅寄生虫病的鉴定分析与防治[J].科学养鱼,2013(9):54-55.
- [12] 潘瑛子.西藏黑斑原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.
- [13] 潘瑛子,付佩佩,陈美群.西藏鱼类寄生虫区系研究现状与影响因素分析[J].中国水产科学,2019,26(6): 1230-1238.
- [14] 潘瑛子,付佩佩,王且鲁,等.西藏黑斑原鳃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.
- [15] 潘瑛子,付佩佩,周建设,等.西藏哲古措2种土著鱼

- 类消化道寄生虫的群落结构及感染状况[J].中国水产科学,2020,27(11):1295-1304.
- [16] 潘瑛子,杨欣兰,曾本和,等.西藏羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生虫的种群生态[J].中国水产科学,2022,29(1):149-156.
- [17] 潘瑛子,扎西拉姆.西藏羊卓雍错高原裸鲤肠道寄生虫的群落生态[J].水生生物学报,2023,47(6):903-909.
- [18] 潘瑛子.色林错裸鲤感染匙形双穴吸虫的种群动态和寄生偏好[J].水生生物学报,2023,47(6):924-930.
- [19] 田胜利,郝翠兰,张文润,等.叶尔羌河流域长身高原鳅寄生线虫的感染情况及分布类型[J].淡水渔业,2022,52(1):45-51.
- [20] 冯龙基,郝翠兰,田胜利,等.叶尔羌河塔里木裂腹鱼肠道寄生线虫的种类鉴定与系统发育分析[J].中国兽医科学,2022,52(4):475-484.
- [21] 王瑾璞,刘彦君,石彩霞,等.叶尔羌河流域鲁道夫对盲囊线虫的分子鉴定及遗传多样性分析[J].中国兽医科学,2024,54(4):526-532.
- [22] 刘洁雅.西藏巨须裂腹鱼个体生物学和种群动态研究[D].塔里木:塔里木大学,2016.
- [23] 李雷,马波,金星,等.西藏雅鲁藏布江中游裂腹鱼类优先保护等级定量评价[J].中国水产科学,2019,26(5):914-924.
- [24] 李雷,吴松,王念民,等.雅鲁藏布江中游桑日至加查江段渔业资源群落结构特征[J].水产学杂志,2021,34(1):40-45.
- [25] 杨汉运,黄道明,谢山,等.雅鲁藏布江中游渔业资源现状研究[J].水生生态学杂志,2010,31(6):120-126.
- [26] 刘海平,刘孟君,刘艳超.西藏巨须裂腹鱼早期发育特征[J].水生生物学报,2019,43(2):367-378.
- [27] 刘海平,王金林,次仁罗杰,等.巨须裂腹鱼的亲鱼驯化[J].科学养鱼,2018(7):11-12.
- [28] 陈美群,谭猛,刘海平.西藏两种裂腹鱼肉质构特征比较分析[J].水生生物学报,2018,42(6):1224-1231.
- [29] 魏玉众,张桂蓉,霍斌,等.雅鲁藏布江中游6种裂腹鱼乳酸脱氢酶同工酶的比较研究[J].淡水渔业,2017,47(5):3-8.
- [30] SHAO J, MA B, YANG X, et al.Length-weight and length-length relationships of three endemic fish species from the Yarlung Tsangpo River, China[J].Journal of Applied Ichthyology,2016,32(6):1337-1339.
- [31] 涂志英,袁喜,王从锋,等.亚成体巨须裂腹鱼游泳能力及活动代谢研究[J].水生生物学报,2012,36(4):682-688.
- [32] 朱秀芳,陈毅峰.巨须裂腹鱼年龄与生长的初步研究[J].动物学杂志,2009,44(3):76-82.
- [33] 季强.六种裂腹鱼类摄食消化器官形态学与食性的研究[D].武汉:华中农业大学,2008.
- [34] 吴蓉蓉.裂腹鱼亚科代表种比较转录组及低氧相关主要基因分子进化研究[D].西宁:青海大学,2019.
- [35] GUO X Z, ZHANG G R, YAN R J, et al.Isolation and characterization of twenty-three polymorphic microsatellite loci in *Schizothorax macropogon* [J].Conservation Genetics Resources,2014,6(2):483-485.
- [36] ZHU Y, CHEN Y, CHENG Q, et al.The complete mitochondrial genome sequence of *Schizothorax macropogon* (Cypriniformes: Cyprinidae) [J].Mitochondrial DNA,2013,24(3):237-239.
- [37] 王红勇,林少卿,刘克松.巨须裂腹鱼人工孵化的最佳水温[J].江西农业,2020(2):116-117.
- [38] 潘炯华,张剑英.鱼类寄生虫学[M].北京:科学出版社,1990.
- [39] MORAVEC F, SCHOLZ T, ASH A, et al.New data on the morphology and taxonomy of three species of Rhabdochona (Nematoda: Rhabdochonidae) parasitizing fishes in India [J].Folia Parasitologica,2010,57(4):295.
- [40] 刘立庆,王宝铎,杨涛.青海湖裸鲤寄生棘头虫的研究[J].水产学报,1981,5(4):295-299,373-375.
- [41] CHUBB J C.Seasonal occurrence of helminths in freshwater fishes part II.Trematoda[J].Advances in parasitology,1979,17:141-313.
- [42] CHUBB J C.Seasonal occurrence of helminths in freshwater fishes; part III.Larval cestoda and nematoda [J].Advances in parasitology,1980,18:1-120.
- [43] CHUBB J C.Seasonal occurrence of helminths in freshwater fishes part IV.Adult cestoda, nematoda and acanthocephala[J].Advances in parasitology,1982,20:1-292.
- [44] MARQUES J, CABRAL H.Effects of sample size on fish parasite prevalence, mean abundance and mean intensity estimates[J].Journal of applied Ichthyology,2007,23(2):158-162.
- [45] POULIN R.The disparity between observed and uniform distributions; a new look at parasite aggregation [J].International journal for parasitology,1993,23(7):937-944.
- [46] ANDERSON R, GORDON D.Processes influencing the distribution of parasite numbers within host populations with special emphasis on parasite-induced host mortalities[J].Parasitology,1982,85(2):373-398.
- [47] POULIN R.Are there general laws in parasite ecology? [J].Parasitology,2007,134(6):763-776.
- [48] 吴金英,吕军仪,曾华,等.鲮鱼(*Mugil cephalus*)寄生蠕虫群落生态研究[J].生态学报,2001,21(6):1003-1008.