班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫的群落生态研究

杨金鹏[1,2]，张晨曦[3]，群　培[1,4,5]，何文佳[1,4,5]，
李洪池[1,4,5]，卓玛央宗[6]，古桑德吉[7]，郝翠兰[8]，潘瑛子[1,4,5]

（1.西藏自治区农牧科学院水产科学研究所，西藏 拉萨 850032；2.西藏农牧大学，西藏 林芝 860013；3.西藏自治区自然科学博物馆，西藏 拉萨 850000；4.西藏土著鱼类繁育与利用技术工程研究中心，西藏 拉萨 850032；5.西藏自治区渔业与种质资源利用重点实验室，西藏 拉萨 850032；6.西藏自治区拉萨市墨竹工卡县工卡镇农牧综合服务中心，西藏 拉萨 850200；7.西藏自治区农牧科学院，西藏 拉萨 850032；8.新疆农业大学动物医学学院，新疆 乌鲁木齐 830052）

摘　要：班公湖位于青藏高原西部，是呈东西向延伸的高原内陆湖泊，西藏裂腹鱼为该湖代表性土著鱼类，研究其肠道寄生蠕虫群落，对认识高原极端环境下寄生虫生态特征具有重要价值。2020年8月和11月采集并检查27尾西藏裂腹鱼，检出肠道寄生蠕虫5种，包括线虫3种、棘头虫2种，其中束首线虫未定种为优势种，感染率77.78%，平均丰度3.48±3.45只/尾，感染强度为1～13只/尾；裸鲤棘头虫为次优势种；其余3种寄生虫的感染率、平均丰度和感染强度均处于较低水平。群落Margalef丰富度指数为0.79，Shannon-Wiener多样性指数为0.94，Pielou均匀度指数为0.67。裸鲤棘头虫、新棘吻虫和束首线虫未定种呈聚集分布，而对盲囊线虫和杆咽线虫未定种呈均匀分布。种间关联分析表明：仅束首线虫与杆咽线虫未定种存在显著负关联（$\chi^2=3.86$，$p<0.05$），其余物种间无显著关联。

关键词：寄生蠕虫；群落结构；种间关系；西藏裂腹鱼；群落生态；班公湖

中图分类号：Q959　　**文献标识码**：A

Study on the community ecology of intestinal helminths in *Schizothorax labiatus* from the Pangong Tso, Xizang Autonomous Region, China

Yang Jinpeng[1,2], Zhang Chenxi[3], Qunpei[1,4,5], He Wenjia[1,4,5], Li Hongchi[1,4,5],
Zhuomayangzong[6], Gusangdeji[7], Hao Cuilan[8], Pan Yingzi[1,4,5]

(1. Institute of Fishery Science, Xizang Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences, Lhasa Xizang 850032, China; 2. Xizang Agricultural and Animal Husbandry University, Nyingchi Xizang 860013, China; 3. Xizang Natural Science Museum, Lhasa Xizang 850000, China; 4. Engineering Research Center for Indigenous Fish Breeding and Utilization, Lhasa Xizang 850032, China; 5. Key Laboratory of Fishery Germplasm Utilization, Xizang Lhasa 850032, China; 6. Agriculture and Animal Husbandry Service Center, Gongka Town, Medro-Gongka, Lhasa Xizang 850200, China; 7. Xizang Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences, Lhasa Xizang 850032, China; 8. College of Veterinary Medicine, Xinjiang Agricultural University, Urumqi Xinjiang 830052, China)

Abstract: Pangong Lake, an east-west-trending endorheic basin on the western Qinghai-Xizang Plateau, hosts the endemic fish *Schizothorax labiatus*. This species is a representative host for studying intestinal helminth communities in native fish. Such research holds substantial scientific value, as it advances our understanding of parasite ecological traits under the plateau's extreme high-altitude conditions. A total of 27 *S. labiatus* individuals were sampled and dissected in August and November 2020, and 5 intestinal helminth species (3 nematodes, 2 acanthocephalans) were detected. *Streptocara* sp. was the dominant species with a prevalence of 77.78% and mean abundance of 3.48±3.45 per fish (infection intensity 1−13). *Echinorhynchus gymnocyprii* was the subdominant species, while the other three parasites showed low infection levels. The helminth community had a Margalef richness index of 0.79, Shannon-Wiener diversity index 0.94 and Pielou evenness index 0.67.

收稿日期：2026-02-08

基金项目：国家自然科学基金项目（31960738；32403088）。

作者简介：杨金鹏（2004—），男，本科在读，研究方向为高原鱼类病害与养殖，E-mail：2271965346@qq.com。

通信作者：潘瑛子（1984—），女，硕士，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。

E. gymnocyprii, *Neoechinorhynchus* sp. and *Streptocara* sp. presented aggregated distribution; *Contracaecum* sp. and *Rhabdochona* sp. were evenly distributed. Interspecific correlation analysis showed a significant negative correlation between *Streptocara* sp. and *Rhabdochona* sp. ($\chi^2=3.86$, $p<0.05$), with no significant correlation among other species pairs.

Key words: intestinal helminths; community structure; interspecific relationship; *Schizothorax labiatus*; community ecology; Pangong Tso

班公湖(Pangong Tso),又称措木昂拉仁波,位于中国西藏自治区阿里地区日土县,呈东西走向。班公湖总面积约 667 km^2,湖水平均深度 5 m,最大水深达 31 m,属内流湖泊[1]。受淡水补给自东向西锐减的影响,湖水东段为淡水,中部为半咸水湖,西部为咸水湖[2]。班公湖中分布着多种土著鱼类,主要包括西藏裂腹鱼 *Schizothorax labiatus* 和高原裸裂尻鱼班公湖亚种 *Schizopygopsis stoliczkae bangongensis*[3-4]等。西藏裂腹鱼亦称班公湖裂腹鱼,早期文献中常称西藏弓鱼,是湖内的代表性经济鱼类物种,隶属于鲤形目(Cypriniforme)、鲤科(Cyprinidae)、裂腹鱼亚科(Schizothoracinae)、裂腹鱼属 *Schizothorax*,主要以藻类和底栖无脊椎动物为食[4]。裂腹鱼亚科鱼类伴随着青藏高原的急剧隆升而演化,对高原极端环境具有高度适应性[5]。

寄生虫作为与鱼类宿主协同演化[6-7],并受水环境深刻影响的生物类群[8],其群落结构必然受到极端环境因子与宿主特殊适应性的共同塑造。近年来,西藏鱼类寄生虫研究取得了一系列进展[9-19]。在哲古措[11]、羊卓雍措[12-13]、色林措[14]、巴松措[15]、雅鲁藏布江干流段[16-18]和支流拉萨河[19]等水域开展的调查工作,初步揭示了裂腹鱼亚科、鳅科及鮡科鱼类寄生虫的群落结构、季节动态、空间分布模式及种间关系等群落生态特征,并明确了寄生偏好性。本研究选取班公湖的特有代表性鱼类西藏裂腹鱼,系统开展其肠道寄生蠕虫的区系调查和群落生态学研究,旨在阐明班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫的物种组成、感染情况、群落特征、分布类型和种间关系,从而为研究环境对高原鱼类寄生虫群落组建的影响提供数据,并为研究青藏高原极端环境下宿主—寄生虫协同进化关系奠定基础。

1 材料与方法

1.1 样品采集

于 2020 年 8 月和 11 月对班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫进行采样。以西藏裂腹鱼肛门为起点,沿腹部中线向前剪开体壁,打开腹腔,分离并取出完整肠道;剪开肠道,用手术刀刮取肠道内壁黏液及内容物,置于 10 cm×10 cm 的两片玻璃板中央,轻压使黏液与内容物均匀铺展;在显微镜下挑取虫体,进行形态观察、种类鉴定和数量统计。

1.2 寄生虫物种鉴定

依据《鱼病学》[8]、《鱼类寄生虫学》[20]中的分类检索表和形态特征描述,对采集到的寄生蠕虫进行形态学鉴定。

1.3 数据处理

对班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫的感染情况和群落结构特征进行统计,主要包括各寄生蠕虫种群的相关参数,具体计算方法和判定依据如下[8,20]:

1)感染率:某种寄生虫感染的鱼类样本数与鱼类样本总数的比值。

2)感染强度:某种寄生虫感染数量两个极值(最小值和最大值)的范围来表示。

3)平均丰度:某种寄生虫总数与鱼类样本总数的比值,以 $\overline{x}\pm s$ 表示。

4)Margalef 物种丰富度指数(R):用于量化样本中物种的丰富程度,其公式为

$$R=(S-1)/\ln n \tag{1}$$

式中:S 表示寄生虫的物种数;n 表示群落中所有寄生虫数量的总和。

5)Shannon-Wiener 多样性指数(H):用于量化鱼类寄生虫群落物种多样性和构成复杂性的综合指标,其公式为

$$H=-\sum p_i \ln p_i \tag{2}$$

式中:p_i 表示第 i 种寄生虫的数量与所有寄生虫数量的比值。

6)Pielou 均匀度指数(E):用于量化群落中各个物种个体分布的均匀程度,其公式为

$$E=\left(1-\sum p_i^2\right)/(1-1/S) \tag{3}$$

7)Berger-Parker 优势度指数(D):用于量化群落中优势物种的突出程度,其公式为

$$D=n_{\max}n^{-1} \tag{4}$$

式中:$n_{\max}$表示感染最多的某种寄生虫的数

量总和。

8)种群分布类型判定:用方均比($V/\overline{X}$)进行判定,即方差(V)与各寄生蠕虫种群的平均个体数($\overline{X}$)的比值衡量。当 $V/\overline{X}<1$ 时,为均匀分布;$V/\overline{X}=1$ 时,为随机分布;$V/\overline{X}>1$ 时,为聚集分布。聚集指数 CI 用于量化寄生虫在宿主群体中的聚集程度,计算公式为

$$CI=V/\overline{X}-1 \quad (5)$$

9)种间关联性判定:用卡方(χ^2)检验,其公式为

$$\chi^2=N(ad-bc)^2/(a+b)(c+d)(a+c)(b+d) \quad (6)$$

式中:a 为同时感染寄生虫物种 A 与 B 的宿主数量;b 为感染物种 A 的宿主数量;c 为感染物种 B 的宿主数量;d 为两种寄生虫均不感染的宿主数量。

10)种间关联性质判定:对 a 与 a' 的大小进行比较,其计算公式为

$$a'=(a+b)(a+c)/N \quad (7)$$

式中:a 为实际观察值;a' 为期望值。

采用 Ochiai 关联指数(I)量化种间的关联程度,其公式为

$$I=a/\sqrt{a+b}\sqrt{a+c} \quad (8)$$

2　结果与分析

采集班公湖西藏裂腹鱼共计 27 尾,其中雌性 18 尾,雄性 9 尾。宿主全长为 21.00～49.00 cm,平均 29.40 cm,体质量为 86.40～1 453.30 g,平均 302.07 g。班公湖西藏裂腹鱼肠道共检出寄生蠕虫 5 种,其中线虫 3 种,棘头虫 2 种,线虫分属于束首线虫属 *Streptocara*、对盲线虫属 *Contracaecum* 和杆咽线虫属 *Rhabdochona*;棘头虫分属于棘吻虫属 *Echinorhynchus* 和新棘吻虫属 *Neoechinorhynchus*。

2.1　班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫的感染情况

通过对班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫的感染情况进行调查,表 1 显示:西藏裂腹鱼肠道中束首线虫未定种 *Streptocara* sp.的感染率最高,达 77.78%;其次是裸鲤棘头虫 *Echinorhynchus gymnocyprii*,感染率为 48.15%;其余寄生蠕虫感染率均低于 12%。在西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫感染强度方面,束首线虫未定种的感染强度最高,可达 13 只/尾;裸鲤棘头虫的感染强度次之,达12 只/尾;新棘吻虫未定种 *Neoechinorhynchus* sp.的感染强度最高为 6 只/尾;对盲囊线虫未定种 *Contracaecum* sp.和杆咽线虫未定种 *Rhabdochona* sp.的感染强度均为 1 只/尾。在平均丰度方面,西藏裂腹鱼肠道寄生的束首线虫未定种的平均丰度最高,为 3.48±3.45 只/尾;其次是裸鲤棘头虫的平均丰度为1.96±3.20 只/尾;其余 3 种寄生虫在西藏裂腹鱼肠道寄生的平均丰度均处于较低水平。

进一步对班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落特征进行统计,Margalef 物种丰富度指数为 0.79,Shannon-Wiener 多样性指数为 0.94,Pielou 均匀度指数为 0.67,Berger-Parker 优势度指数为 0.59,综上可知该群落的优势物种为束首线虫未定种。

表 1　班公湖西藏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·尾$^{-1}$)	平均丰度/(只·尾$^{-1}$)
束首线虫未定种 *Streptocara* sp.	94	21	77.78	1～13	3.48±3.45
对盲囊线虫未定种 *Contracaecum* sp.	3	3	11.11	1	0.07±0.27
杆咽线虫未定种 *Rhabdochona* sp.	2	2	7.41	1	0.11±0.32
裸鲤棘头虫 *Echinorhynchus gymnocyprii*	53	13	48.15	1～12	1.96±3.20
新棘吻虫未定种 *Neoechinorhynchus* sp.	7	2	7.41	1～6	0.26±1.16

2.2　班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫种群的分布类型

通过对班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫种群的分布类型进行分析,结果显示:班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生裸鲤棘头虫、束首线虫未定种和新棘吻虫未定种的方均比均大于 1,其余未定种的方均比小于 1,由此可以看出裸鲤棘头虫、束首线虫未定种和新棘吻虫未定种在班公湖西藏裂腹鱼肠道呈聚集分布,而对盲囊线虫未定种和杆咽线虫未定种在班公湖西藏裂腹鱼肠道呈均匀分布。在呈聚集分布的 3 种寄生蠕虫中,聚集指数最高的为裸鲤棘头虫,其次是新棘吻虫未定种和束首线虫未定种,其中裸鲤棘头虫和新棘吻虫未定种的种群密集程度相近且最高(表 2)。

表 2 班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫种群的分布类型

肠道寄生蠕虫种群	方均比	聚集指数
束首线虫未定种 *Streptocara* sp.	3.41	2.41
对盲囊线虫未定种 *Contracaecum* sp.	0.96	−0.04
杆咽线虫未定种 *Rhabdochona* sp.	0.92	−0.08
裸鲤棘头虫 *Echinorhynchus gymnocyprii*	5.23	4.23
新棘吻虫未定种 *Neoechinorhynchus* sp.	5.22	4.22

2.3 班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落的种间关系

2.3.1 种间关联性

通过对班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫的种间关联进行分析，结果显示：束首线虫未定种与杆咽线虫未定种之间存在显著关联（$\chi^2=3.86>3.84$），且该关联为负关联（$a'=2.33$，$a=1$，$a'>a$），关联指数 $I=0.13$。其余寄生蠕虫两两间的 χ^2 值均小于 3.84，表明群落中其他物种两两间均未表现出明显的种间关联性（表 3）。

表 3 班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落种间关联的 χ^2 值

肠道寄生蠕虫种群	束首线虫未定种 *Streptocara* sp.	对盲囊线虫未定种 *Contracaecum* sp.	杆咽线虫未定种 *Rhabdochona* sp.	裸鲤棘头虫 *Echinorhynchus gymnocyprii*
对盲囊线虫未定种 *Contracaecum* sp	0.96			
杆咽线虫未定种 *Rhabdochona* sp.	**3.86**	0.27		
裸鲤棘头虫 *Echinorhynchus gymnocyprii*	0.01	2.01	3.63	
新棘吻虫未定种 *Neoechinorhynchus* sp.	0.62	0.17	0.27	2.33

注：表中粗体数字表示大于临界值 3.84 的 χ^2 值。

2.3.2 共感染情况

通过对班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫的共感染情况进行统计，结果显示：多数宿主（92.59%）被感染，且以只感染 1 种寄生蠕虫的宿主最多（宿主频数为 48.00%），同时感染 2 种寄生蠕虫的宿主次之（宿主频数为40.00%），3 种寄生蠕虫同时感染的宿主最少（宿主频数为12.00%），尚未发现 4 种及以上寄生蠕虫同时感染的情况（表 4）。

2.3.3 群落结构特征指数

通过对班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫的群落结构特征与西藏其他水域进行比较，结果显示：Margalef 丰富度指数（$R=0.79$）在所列群落中居于首位。在较小的调查样本量（$n=27$）下，该群落的物种组成得到了较为高效的呈现。该群落的物种数 Shannon-Wiener 多样性指数（$H=0.94$）与 Pielou 均匀度指数（$E=0.67$）在比较的群落中均处于中等水平（表 5）。

表 4 班公湖西藏裂腹鱼寄生蠕虫的共感染情况

	未感染的宿主	被感染的宿主		
感染的寄生蠕虫物种数/种	0	1	2	3
宿主数量/尾	2	12	10	3
宿主频数/%	100.00	48.00	40.00	12.00
占宿主总数的百分比/%	7.41		92.59	

表 5 西藏不同水域鱼类肠道寄生蠕虫的群落结构特征指数比较

水域	班公湖	羊卓雍措[12]	哲古措[11]		拉萨河[19]	雅鲁藏布江尼木段[18]
宿主种类	西藏裂腹鱼	高原裸鲤	高原裸鲤		拉萨裸裂尻	巨须裂腹鱼
采样时间	2020−08、2020−11	2020−07	2018−09	2018−12	2004−07	2021−01
宿主数量/尾	27	180	39	31	27	30
寄生蠕虫物种数/种	5	5	3	3	6	4
Margalef 指数	0.79	0.59	—	—	—	0.55
Shannon-Wiener 指数	0.94	1.26	0.70	0.85	1.54	0.50
Pielou 均匀度指数	0.67	0.83	—	—	—	0.37
Berger-Parker 指数	0.59	0.50	0.76	0.67	0.37	0.84
优势物种	束首线虫未定种	聂氏似短节绦虫	线虫		希蚋杆咽线虫	杆咽线虫

3　讨论与结论

本研究报道了班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫的感染情况，检出班公湖西藏裂腹鱼肠道中共寄生了 5 种蠕虫，主要包括束首线虫未定种、对盲囊线虫未定种、杆咽线虫未定种、裸鲤棘头虫和新棘吻虫未定种，其中，束首线虫未定种为群落的优势物种，裸鲤棘头虫、束首线虫未定种和新棘吻虫未定种在宿主肠道内呈聚集分布，对盲囊线虫未定种和杆咽线虫未定种呈均匀分布，且该群落中寄生虫除束首线虫未定种与杆咽线虫未定种外，其余两两之间均未表现出明显的种间关联性。

3.1　班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落的结构特征

通过对班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫的调查，发现束首线虫未定种为西藏裂腹鱼肠道蠕虫群落的优势物种，其感染率（77.78%）、平均丰度（3.48±3.45 只/尾）及感染强度（1～13 只/尾）均高于其他寄生蠕虫。裸鲤棘头虫是西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落的次优势物种，其感染率（48.15%）与平均丰度（1.96 ± 3.20 只/尾）虽低于束首线虫未定种，但仍远高于其他 3 种寄生蠕虫。对盲囊线虫未定种、杆咽线虫未定种和新棘吻虫未定种感染率均低于 12%，且平均丰度（0.07～0.26 只/尾）和感染强度（最高为 1 或 6 只/尾）均较低，在群落中的优势不明显。将该群落的特征指数与西藏其他水域[11-12,18-19]比较后结果显示：其 Margalef 丰富度指数（$R=0.79$）在所列群落中居于首位。在较小的调查样本量（$n=27$）下，该群落的物种组成得到了较为高效的呈现。同时，该群落的 Shannon-Wiener 多样性指数（$H=0.94$）与 Pielou 均匀度指数（$E=0.67$）在比较的群落中均处于中等水平。这些特征，既不同于高多样性、高均匀度的羊卓雍措高原裸鲤肠道寄生蠕虫群落[13]，也区别于低多样性、高优势度的雅鲁藏布江尼木段巨须裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落[18]。

环境过滤和扩散限制通常被认为共同作用于生物群落的形成和演变[21]。环境过滤决定物种能否在特定环境中生存，而扩散限制则决定物种能否到达该生境[21]。本研究观察到西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫具有较高的物种检出率，并存在单一优势种突出、中等多样性、均匀度并存的格局，提示西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫的群落构建可能受中等强度的环境过滤与对宿主特异性适应的共同驱动。班公湖特殊的水文环境和西藏裂腹鱼肠道的特定条件构成了中等强度的环境过滤压力，筛选出如束首线虫未定种等具备较强环境适应能力的物种成为优势种群，然而，该过滤压力尚未强到仅允许极少数物种生存，因而维持了群落中等水平的物种多样性。同时，优势种在宿主中的大量感染，也离不开扩散和对宿主定位的能力。束首线虫未定种高达 77.78%的感染率及较高的平均丰度，表明其能有效克服在西藏裂腹鱼种群内部的扩散限制，从而成功感染。而其他低感染率物种的共存，可能反映了它们在环境适应性或扩散能力上的局限。

3.2　班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落的分布类型

本研究在班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落中发现了寄生虫分布类型的种间差异，其中裸鲤棘头虫、新棘吻虫未定种和束首线虫未定种在宿主种群中呈聚集分布，而对盲囊线虫未定种和杆咽线虫未定种则呈均匀分布。这一并存现象提示，在同一种宿主体内，不同寄生虫物种所采取的生存策略存在差异。裸鲤棘头虫、新棘吻虫未定种和束首线虫未定种的分布类型可能与宿主个体生理或行为上的差异性密切相关。在野生鱼类种群中，宿主在免疫能力、摄食行为及微栖息地选择上的差异，可能导致部分个体更易频繁接触和感染寄生虫，从而成为高感染负荷的个体[22]。此外，寄生虫感染后可能削弱宿主免疫或改变宿主行为，进一步增加其再次感染的风险，加剧聚集程度[23]。同时，寄生虫抗原的多样性也会降低宿主群体免疫的效力从而导致感染分布的不均，强化寄生虫在部分宿主中的高感染[23]。这种少数宿主携带了大多数寄生虫的聚集模式，有助于将高感染限制在少数宿主个体内部，在生态学上被认为可以减轻寄生虫对宿主种群的总体危害，维持长期的寄生关系[22,24]，是寄生虫中最常见的分布类型[25]，且有利于物种间的

共存[26]。而对盲囊线虫未定种和杆咽线虫未定种在宿主种群中仍呈现出均匀分布的格局，这种相对均匀的分散模式[8,22]，可能反映了不同于聚集分布的生态适应。主要推论是当宿主感染寄生虫的种内竞争过于激烈时，均匀分布有利于减少个体间对空间或营养资源的直接竞争。通过降低单个宿主的寄生虫感染数量，从而缓解种内甚至种间竞争，减轻对宿主的危害，使该寄生虫种群能在宿主中长期存续。此外，不同寄生虫物种可能通过生态位分化实现共存[9]，如寄生虫可能特异性地占据不同宿主的肠道微生境，或在不同宿主物种间形成优势分布，以此缓解种间竞争。因此，后续研究有必要将班公湖其他鱼类纳入调查范围，以探究在多种宿主共存的环境中，寄生虫群落是否通过不同种群感染不同宿主这种生态位分化形式来缓解种间竞争，以促进物种共存与种群维持。

3.3 班公湖西藏裂腹鱼肠道寄生蠕虫群落的种间关系

本研究寄生虫群落中大多数寄生蠕虫物种间无显著的关联性，仅束首线虫未定种和杆咽线虫之间存在显著的负关联（$\chi^2=3.86>3.84$，$p<0.05$；$a=1$，$a'=2.33$，$a'>a$）。这表明在西藏裂腹鱼中，这两种寄生虫同时出现的频率较低。已有研究认为，对营养和特定生境的直接竞争是负关联产生的主要原因[27]。此外，由一种寄生虫诱导的宿主非特异性免疫对另一种寄生虫所产生的抑制作用，也是导致种间负关联的潜在原因[27]。本研究中宿主感染率极高（92.59%），但单一物种感染是最主要的模式（占被感染宿主的48.00%），3种寄生虫同时感染的情况非常少见（12.00%），未发现4种及以上共感染。以上结果共同反映出，尽管班公湖西藏裂腹鱼感染率极高，但其可能对寄生蠕虫及其共存存在较强的筛选，如生态位资源、宿主免疫压力等，使得多数宿主个体难以同时承载多种寄生虫建立的稳定感染。这种种间关系与在丹江口水库马口鱼[28]、雅鲁藏布江尼木段巨须裂腹鱼[18]中观察到的情况类似，多数物种之间缺乏稳定且强烈的种间协同或竞争关系，各种群的存在相对独立，这可能反映了在类似筛选机制下鱼类肠道寄生蠕虫构建的一种共性模式。Duncan等[27]认为寄生虫种之间的相互作用并非固定不变的，会随着宿主状态、环境条件及感染阶段的变化而发生改变。本研究所揭示的群落结构特征，是特定时空条件下相互作用的反映，其背后的具体机制，以及这种格局是否会随季节、宿主或环境变化而发生动态变化，仍有待进一步研究。另外，本研究的局限性主要表现在受采样条件限制，仅收集了2020年8月和11月两个时间点的27尾西藏裂腹鱼样本，样本量相对较小且为混合样本，难以全面反映寄生虫群落的季节动态与年际变化；其次，现有结果难以区分寄生虫感染模式的短期波动与长期稳定趋势，从而限制了对群落构建机制及其驱动因素的深入推断。因此，基于当前数据所揭示的种间关联与分布格局等结论应谨慎解读，相关机制性解释尚需更大样本量、多时间点及多区域采样的研究加以验证。

参考文献：

[1] 王苏民，窦鸿身.中国湖泊志 [M].北京：科学出版社，1998：1-580.

[2] 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.

[3] 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.

[4] 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.

[5] 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.

[6] Hu Y B，Yu L J，Fan H Z，et al.Genomic signatures of coevolution between nonmodel mammals and parasitic roundworms [J]. Molecular Biology and Evolution，2021，38(2)：531-544.

[7] Ebert D. Host-parasite coevolution：insights from the Daphnia-parasite model system [J]. Current Opinion in Microbiology，2008，11(3)：290-301.

[8] 汪建国.鱼病学 [M].北京：中国农业出版社，2013.

[9] 李明，潘瑛子，王桂堂.西藏鱼类寄生虫—物种多样性与生态学[M].北京：中国农业出版社，2026：151.

[10] 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.

[11] 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.

[12] 潘瑛子,杨欣兰,曾本和,等.西藏羊卓雍措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.

[13] 潘瑛子,扎西拉姆.西藏羊卓雍措高原裸鲤肠道寄生蠕虫的群落生态[J].水生生物学报,2023,47(6):903-909.

[14] 潘瑛子.色林措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.

[15] 郝翠兰,群培,李嘉豪,等.西藏巴松措6种土著鱼类寄生复口吸虫的感染情况与分布模式[J].水生生物学报,2026,50(8):1-11.

[16] 潘瑛子.西藏黑斑原鮡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.

[17] 潘瑛子,付佩佩,王且鲁,等.西藏黑斑原鮡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.

[18] 龚君华,群培,潘瑛子,等.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[J].西藏农业科技,2026,48(1):9-16.

[19] 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.

[20] 潘炯华,张剑英,黎振昌.鱼类寄生虫学[M].北京:科学出版社,1990.

[21] Leibold M A, Holyoak M, Mouquet N, et al. The metacommunity concept: a framework for multi-scale community ecology [J]. Ecology Letters, 2004, 7(7): 601-613.

[22] 聂品.寄生虫种群生态研究的综述[J].水生生物学报,1990,14(4):359-367.

[23] Galvani A P. Immunity, antigenic heterogeneity, and aggregation of helminth parasites [J]. Journal of Parasitology, 2003, 89(2): 232-241.

[24] Poulin R. Explaining variability in parasite aggregation levels among host samples [J]. Parasitology, 2013, 140(4): 541-546.

[25] Shaw D J, Grenfell B T, Dobson A P. Patterns of macroparasite aggregation in wildlife host populations [J]. Parasitology, 1998, 117(6): 597-610.

[26] Morand S, Poulin R, Rohde K, et al. Aggregation and species coexistence of ectoparasites of marine fishes [J]. International Journal for Parasitology, 1999, 29(5): 663-672.

[27] Duncan A B, Godoy O, Michalakis Y, et al. Interspecific interactions among parasites in multiple infections [J]. Trends in Parasitology, 2024, 40(11): 1042-1052.

[28] 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.