

丹江口水库马口鱼肠道寄生蠕虫群落结构

刁丙文^{1,2} 王桂堂¹ 吴山功^{1,2} 高典^{1,2} 邹红^{1,2} 姚卫建¹ 聂品¹

(1. 中国科学院水生生物研究所,淡水生态与生物技术国家重点实验室,武汉 430072 2. 中国科学院研究生院,北京 100039)

摘要: 从 2004 年 8 月到 2005 年 11 月在丹江口水库调查的 847 尾马口鱼 (*Opsariichthys bidens*) 肠道内共检得寄生蠕虫 14 种,其中线虫 7 种,复殖吸虫 4 种,棘头虫 2 种,绦虫 1 种。该寄生蠕虫群落以广谱性寄生虫为主。杜父鱼驼形线虫 (*Camallanus cotti*)、头槽绦虫 (*Bothriocphalus acheilognathi*)、卡斯杆咽线虫 (*Rhabdochona cascadilla*) 和木村小棘吻虫 (*Micracanthorhynchina motomurai*) 为群落的核心种。研究表明,寄生蠕虫群落随着马口鱼的体长和食性的改变而发生显著的变化。群落核心种的感染强度与马口鱼体长呈显著性相关。种间相关性分析表明群落结构呈非随机组合,种间感染强度存在显著的相关性。同时群落种间关系受到马口鱼的体长和食性以及季节变化的显著影响。群落种群间在宿主较大个体或夏秋季节中更容易形成显著的种间相关性。

关键词: 马口鱼; 蠕虫; 群落; 种间关系

中图分类号: Q958.9 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3207(2009)02-0177-06

近年来鱼类寄生虫生态学得到寄生虫学家的广泛关注。鱼类寄生虫群落的物种组成和生物多样性受到宿主的食性、活动能力、系统进化、自身免疫力以及外部环境等方面的影响^[1-3]。岛屿理论认为宿主的个体和种群大小对寄生虫群落的物种多样性起决定性作用^[4]。鱼类肠道内寄生蠕虫多数具有复杂的生活史(生活周期中至少有一个中间宿主),其感染主要通过宿主摄食中间宿主而引起,因此肠道内寄生虫群落受宿主食性的影响显著。一些鱼类在不同生活阶段食性会发生显著的改变,这必然导致宿主体内的寄生虫物种组成随之产生一定的变化;因此,寄生虫群落结构在宿主的不同的生活阶段可能会有所不同。寄生虫群落是由两种或两种以上的种群组成,那么寄生虫种群间是否存在相互作用,以及寄生虫群落结构的形成是随机的还是有规律的?目前多数寄生虫学家认为鱼类寄生虫群落结构是种间相互作用到随机组合的连续统一体^[5]。强烈的种间相互作用和完全的种间随机组合是种间关系的两个极端,多数群落内的种间关系只是在这两个极端间变动。由于影响群落结构的因素纷繁芜杂(生物和非生物因素),因此在不同报道中的群落结构特征往往表现出条件依赖性^[10]。Tim i和 Poulin^[8,9,11]

以及 Kennedy^[6,12]等曾研究了时间、空间和中间宿主等因素对群落结构的影响。但是鱼类体长和食性的变化对群落结构的影响很少引起大家的注意,且在连续季节内群落结构的变化规律也很少有报道。

马口鱼 (*Opsariichthys bidens*) 是东亚广泛分布的一种凶猛的小型鲤科鱼类,在中国南北各大水系、水库、溪流皆有分布^[15]。在其个体发生过程中食性随着体长的增长而发生着改变。小型个体主要以浮游动物和小型无脊椎动物为食,中等个体捕食大型无脊椎动物,大型个体食物中含有小型鱼类^[16]。

本文的目的是探讨(1)马口鱼肠道寄生蠕虫群落组成和寄生蠕虫群落特征,(2)寄生蠕虫群落和种群随宿主体长和食性的改变发生的变化,(3)宿主的体长和季节对寄生虫群落内种间关系的影响。

1 材料与方法

1.1 采样地点和方法 丹江口水库(110°08′—110°34′E, 32°14′—32°58′N),位于长江中游第一大支流汉江上游,水域面积约 800km²,最大水深约 80m。

从 2004 年 8 月至 2005 年 11 月逐月(除 2005 年 10 月)在丹江口水库对马口鱼进行随机取样,每

收稿日期: 2007-04-03 修订日期: 2008-08-19

基金项目: 国家自然科学基金面上项目(30371102 30571413)资助

作者简介: 刁丙文(1981—),男,汉族,河南邓州人;博士研究生;主要从事鱼类病害研究。E-mail xbingwen1981@sina.com.cn

通讯作者: 王桂堂 E-mail gwang@ihb.ac.cn

次样本量都大于 50 条。根据《中国动物志, 硬骨鱼纲鲤形目 (II)》^[15] 鉴定马口鱼, 并在 12h 内测量其体长, 鉴定性别, 解剖。在显微镜下鉴定寄生虫种类和统计数量。

1.2 群落特征分析 马口鱼肠道寄生蠕虫的群落分析分别在内群落 (Infracommunity) 和组分群落 (Component community) 两个水平上进行。寄生虫生态学学术语主要参考文献 [17]。本文统计的一些参数为: 感染率 (Prevalence)、感染丰度 (Abundance)、物种丰度 (Species richness)、感染强度 (Intensity)。群落物种多样性用辛普森指数 (Simpson index) 和香农-威纳指数 (Shannon-Wiener index) 来衡量, 内群落多样性用 Brillouin 指数表示。均匀度用以香农-威纳指数为基础的 $E = H/H_{max}$ 进行计算。

1.3 相关性和显著性检验 在统计群落内种间关系和寄生虫与马口鱼体长、性别和季节间的相互关系时只统计总感染率大于 10% 的核心种^[18]。感染率和感染强度与马口鱼体长的相关性分别用 Pearson 相关系数 (r) 和 Spearman 秩相关系数 (r_s) 检验。马口鱼不同性别间寄生虫的感染率和感染强度差异分别用 X^2 检验和非参数检验 (Mann-Whitney U 检验)。本文应用种间关系分析的方法来探讨马口鱼寄生蠕虫群落特征。另外, 采用了两种统计检验方法: 2×2 列联表 X^2 检验^[19] 和 Spearman 秩相关系数检验。Spearman 秩相关系数检验以寄生虫的感染强度为变量。分析中马口鱼体长以 2cm 为间隔人为划分为 7 个组: I, 体长 < 8cm; II, $8\text{cm} \leq$ 体长 < 10cm; III, $10\text{cm} \leq$ 体长 < 12cm; IV, $12 \leq$ 体长 < 14; V, $14\text{cm} \leq$ 体长 < 16cm; VI, $16\text{cm} \leq$ 体长 < 18cm; VII, 体长 $\geq 18\text{cm}$ 。

2 结果

本研究共检查马口鱼 847 尾, 平均体长为 (12.8 ± 2.3) cm。调查共发现肠道寄生蠕虫 14 种, 其中线虫 7 种, 复殖吸虫 4 种, 棘头虫 2 种, 绦虫 1 种, 感染率、平均丰度和感染强度 (表 1)。马口鱼肠道寄生虫蠕虫群落以广谱性寄生虫为主, 如木村小棘吻虫 (*Micracanthorhynchina motomurai*)、杜父鱼驼形线虫 (*Camallanus cotti*)、头槽绦虫 (*Bothriocephalus acheilognathi*)、卡斯杆咽线虫 (*Rhabdochona cascadilla*) 等。在所有的寄生蠕虫

中, 木村小棘吻虫的感染率和平均丰度最高, 分别达到 63.05% 和 5.33 ± 9.39 , 其次是杜父鱼驼形线虫, 感染率和平均丰度分别为 44.86%、 1.78 ± 4.36 。除这两种寄生虫外, 头槽绦虫和卡斯杆咽线虫也有比较高的感染率, 分别为 20.31% 和 12.75%。这 4 种寄生虫的总感染率都大于 10%, 是群落的核心种。木村小棘吻虫为群落的优势种, Berger-Paker 优势度指数 = 0.612。

结果表明, 87.49% 的马口鱼上至少寄生了一种蠕虫, 每条鱼平均寄生虫种数 (Species richness) 1.64 ± 1.111 (0-7), 平均感染强度 (Mean intensity) 达到 $8.71 \pm 11.55\%$ 。群落物种多样性指数分别为: 辛普森指数 (Simpson index) = 0.571, 香农-威纳指数 (Shannon-Wiener index) = 1.196。内群落水平上的 Brillouin 指数 (BI) = 0.238 ± 0.287 , 该指数随鱼的体长增长而增大, 呈显著正相关 ($r_s = 0.09$, $p < 0.05$), 即物种多样性随体长增长而增长。群落均匀度指数 $E = 0.4531$ 。感染率与体长呈不显著负相关关系 ($r = 0.390$, $p > 0.05$), 同时内群落总感染强度与体长呈显著负相关关系 ($r_s = -0.208$, $p < 0.05$)。然而物种丰度与体长却不显著正相关关系 ($r_s = 0.01$, $p > 0.05$)。感染率和总感染强度在不同性别间不存在显著差异 ($X^2 = 1.817$, $p > 0.05$, $U = 69938.5$, $p > 0.05$)。

将群落核心种木村小棘吻虫、杜父鱼驼形线虫、头槽绦虫和卡斯杆咽线虫作进一步的统计分析, 结果表明, 杜父鱼驼形线虫、头槽绦虫、卡斯杆咽线虫和木村小棘吻虫的感染强度和感染率随马口鱼体长变化 (图 1)。杜父鱼驼形线虫、头槽绦虫、卡斯杆咽线虫的感染强度都呈现出随宿主体长的增长先增后减的趋势, 但木村小棘吻虫的感染强度变化趋势却呈现出“V”字型。相关性检验表明杜父鱼驼形线虫和头槽绦虫的感染强度与体长分别呈显著正相关关系 ($r_s = 0.238$, $p < 0.05$; $r_s = 0.150$, $p < 0.05$), 卡斯杆咽线虫和木村小棘吻虫的感染强度与体长分别呈显著负相关关系 ($r_s = -0.159$, $p < 0.05$; $r_s = -0.115$, $p < 0.05$)。寄生虫感染率随体长增长的变化趋势是: 木村小棘吻虫的感染率呈现“V”字型变化, 杜父鱼驼形线虫的感染率随体长增长而增长, 头槽绦虫、卡斯杆咽线虫则呈现先增后减的趋势。

表 1 马口鱼肠道寄生蠕虫感染情况

Tab. 1 Infection of the helminthes parasitic in the intestine of the Chinese hook snout carp *Opsariichthys bidens* (G ünther)

寄生蠕虫种类 Parasite species	感染率 Prevalence (%)	感染丰度 Abundance	感染强度 Intensity	
			Range	Mean
复殖吸虫 Digenea				
朝鲜鲫吸虫 <i>Cara sotran a koreanum</i>	0. 59	0.01 ±0. 08	1	1. 00
河泸源吸虫 <i>Genarchopsis goppo</i>	0. 35	0.01 ±0. 01	1- 4	2. 00 ±1. 73
斜睾合肠吸虫 <i>Coitocaecum plugiordis</i>	2. 24	0.03 ±0. 01	1- 4	1. 42 ±0. 77
异肉吸虫 <i>Allocreadium</i> sp.	2. 13	0.04 ±0. 37	1- 6	2. 00 ±1. 65
绦虫 Cestoda				
头槽绦虫 <i>Bothriocephalus acheilognathi</i>	20. 31	0. 26 ±0. 59	1- 5	1. 28 ±0. 61
线虫 Nematoda				
卡斯杆咽线虫 <i>Rhabdohona cascadilla</i>	12. 75	0. 92 ±5. 93	1- 98	7. 24 ±15. 22
杜父鱼驼形线虫 <i>Camallanus cotti</i>	44. 86	1. 78 ±4. 36	1- 48	3. 97 ±5. 81
刺盖线虫 <i>Spinitectus</i> sp.	3. 90	0.06 ±0. 01	1- 7	1. 61 ±1. 35
鲤带巾线虫 <i>Cuculianus cyprini</i>	0. 59	0.01 ±0. 00	1	1. 00
毛细线虫 <i>Capillaria</i> sp.	8. 97	0. 17 ±0. 03	1- 8	1. 91 ±1. 55
胃瘤线虫 <i>Eustrongylides</i> sp.	1. 89	0.03 ±0. 01	1- 3	1. 38 ±0. 62
幼旋尾线虫 <i>Agamospirura</i> sp.	2. 36	0.06 ±0. 02	1- 12	2. 35 ±3. 42
棘头虫 Acanthocephala				
木村小棘吻虫 <i>Micracanth orhynchina motomurai</i>	63. 05	5. 33 ±9. 39	1- 84	8. 46 ±10. 65
鲢异棘虫 <i>Athyrium acanthus parasiluri</i>	0. 35	0. 00	1	1. 00

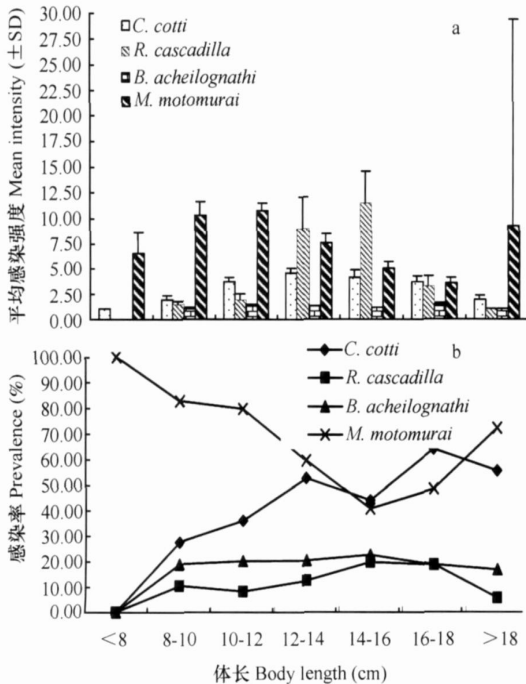


图 1 马口鱼肠道寄生蠕虫在不同体长组宿主中的平均感染强度 (a)和感染率 (b)的变化 (各体长组的样本量依次是: 5, 58, 260, 265, 177, 64, 18)

Fig. 1 Changes of mean intensity and prevalence of the helminthes in the Chinese hook snout carp of different body length groups

种间关系分析表明: 马口鱼肠道寄生蠕虫群落结构是非随即组合的, 不同种间存在一定的相互关系。两种统计方法得到了一致的种间关系, 但在显著性水平上有所不同 (表 2)。2 × 2 列联表 X^2 检验支持杜父鱼驼形线虫和卡斯杆咽线虫间有显著的正相关, 头槽绦虫和木村小棘吻虫间有显著的正相关, 卡斯杆咽线虫和木村小棘吻虫间有显著的负相关。种间感染强度的 Spearman 秩相关检验支持杜父鱼驼形线虫与卡斯杆咽线虫间以及杜父鱼驼形线虫与头槽绦虫间有显著的正相关, 同时杜父鱼驼形线虫与木村小棘吻虫间以及卡斯杆咽线虫与木村小棘吻虫间都呈现显著的负相关。这两种方法总的来看都支持杜父鱼驼形线虫与卡斯杆咽线虫间有显著的正相关和卡斯杆咽线虫与木村小棘吻虫间有显著负相关性。Spearman 秩相关检验要比列联表 X^2 检验灵敏些, 检查出更多的显著相关的种间对。不同体长组内种间关系统计结果表明 (表 3): 种间关系在不同体长组的结果与总体结果相似, 但只有个别体长组达到显著水平。同时杜父鱼驼形线虫和头槽绦虫在体长 ≥ 16 cm 时呈负相关, 这与它们在该体长段的感染率变化趋势相吻合。种间关系在不同季节中发生着变化, 总体表现出在夏秋季节更容易出现显著的种间相关关系 (表 4)。

表 2 马口鱼肠道寄生蠕虫群落种间关系 2×2 列联表 X^2 检验 (右上方) 和 Spearman 秩相关检验 (左下方)

Tab. 2 Species pairwise association between the intestinal helminthes in the Chinese hooksnout carp *Opsariichthys bidens* examined by the chi-square test (above the diagonal) and the Spearman's rank correlation coefficient (below the diagonal)

	杜父鱼驼形线虫 <i>C. cotti</i>	卡斯杆咽线虫 <i>R. asadilla</i>	头槽绦虫 <i>B. aetheiognathi</i>	木村小棘吻虫 <i>M. mokmurai</i>
杜父鱼驼形线虫		+ 9.0783 ^a	+ 2.8519	- 3.2395
卡斯杆咽线虫	0.136 ^a		- 0.5636	- 14.906 ^b
头槽绦虫	0.088 ^a	- 0.030		+ 6.639 ^c
木村小棘吻虫	- 0.115 ^a	- 0.175 ^a	0.063	

* $p < 0.05$ 下同 Note * $p < 0.05$ The same as follows

表 3 群落种间 Spearman 相关系数在不同体长组宿主间的变化

Tab. 3 Variation of the Spearman's rank correlation coefficients of the intestinal helminthes parasitic in the Chinese hooksnout carp of different body length groups

	I & II	III	IV	V	VI	VII
杜父鱼驼形线虫-卡斯杆咽线虫	- 0.058	0.118	0.029	0.257 ^a	0.265 ^a	- 0.250
杜父鱼驼形线虫-头槽绦虫	0.029	0.179 ^a	0.101	0.058	- 0.106	- 0.246
杜父鱼驼形线虫-木村小棘吻虫	- 0.211	- 0.008	- 0.081	- 0.045	- 0.073	- 0.017
卡斯杆咽线虫-头槽绦虫	- 0.013	- 0.005	0.053	- 0.129	- 0.143	- 0.108
卡斯杆咽线虫-木村小棘吻虫	- 0.057	- 0.123 ^a	0.029	- 0.368 ^b	- 0.294 ^a	- 0.309
头槽绦虫-木村小棘吻虫	0.161	0.000	0.056	0.170 ^b	0.250 ^a	0.408

表 4 群落种间 Spearman 相关系数在不同季节间的变化

Tab. 4 Variation of the Spearman's rank correlation coefficients of the intestinal helminthes parasitic in the Chinese hooksnout carp in different seasons

寄生虫 Parasite	2004			2005		
	Autumn	Winter	Spring	Summer	Autumn	Winter
杜父鱼驼形线虫-卡斯杆咽线虫	0.366 ^a	- 0.132	0.040	0.130	0.340 ^a	0.194
杜父鱼驼形线虫-头槽绦虫	- 0.034	0.110	0.103	0.118	- 0.068	- 0.074
杜父鱼驼形线虫-木村小棘吻虫	- 0.271 ^a	- 0.073	0.047	0.021	0.065	0.126
卡斯杆咽线虫-头槽绦虫	- 0.052	- 0.004	0.019	0.040	- 0.030	- 0.095
卡斯杆咽线虫-木村小棘吻虫	- 0.406 ^a	0.173	- 0.052	- 0.040	- 0.022	- 0.136
头槽绦虫-木村小棘吻虫	0.148	0.016	0.171 ^a	0.223 ^a	0.105	- 0.019

3 讨论

马口鱼肠道寄生蠕虫群落表现出较高的物种多样性和丰度,这可能与宿主的食性直接相关。寄生虫的感染率和感染强度在马口鱼的雌雄个体上没有显著差异,表明不同性别的马口鱼可能在食性、行为甚至于免疫等方面没有显著差别。寄生蠕虫群落以广谱性寄生虫为主,如木村小棘吻虫、杜父鱼驼形线虫、头槽绦虫、卡斯杆咽线虫、胃瘤线虫等。

岛屿生物地理学理论认为年龄和体长较大的宿主个体往往感染较多寄生虫种类和具有较高的物种多样性^[4]。本文的马口鱼中寄生虫群落多样性与体长呈现显著正相关,物种丰度与体长呈正相关等结果完全符合这一理论。然而寄生蠕虫的总感染率和内群落总感染强度却与体长分别呈负相关。这主要由于马口鱼在个体增长过程中食性发生改变造成

的。一般来说,如果宿主食性不发生改变,寄生虫的感染率和感染强度总是与体长成正相关。

肠道寄生蠕虫群落中各个种群随宿主体长和食性的改变而变化。马口鱼的食物中包含了昆虫、甲壳类、腹足类、浮游动物、小鱼和虾等^[16]。而这些食物大部分都是寄生虫的中间宿主。在已报道的棘头虫生活史中,其中间宿主有昆虫、软体动物、甲壳类^[20]。杆咽线虫属的中间宿主主要是底栖蜉蝣类昆虫^[21]。杜父鱼驼形线虫和头槽绦虫具有相同的中间宿主-剑水蚤。木村小棘吻虫、杜父鱼驼形线虫、头槽绦虫和卡斯杆咽线虫在马口鱼体长达 14—16cm 左右时感染情况发生显著改变,可能在这一阶段马口鱼的食物发生了极大的改变。Johansson, et al.^[16] 在分析珠江水系马口鱼食物成分时发现当马口鱼体长达到 10cm 后,食物中鱼虾的含量达 35% 以上;此后呈对数增长。宿主体长的增长和

食物的改变,必然引起寄生虫感染情况发生变化,如图1,卡斯杆咽线虫和头槽绦虫的感染率和感染强度的变化与马口鱼食性随体长的变化非常吻合。木村小棘吻虫在马口鱼体长 $< 14\text{cm}$ 时呈现出的感染率不断下降而感染强度不断增长,可能是由于马口鱼对木村小棘吻虫的中间宿主摄食逐渐减少和寄生虫聚集效应造成的。此后木村小棘吻虫和杜父鱼驼形线虫在马口鱼体长 $> 14\text{cm}$ 中却表现出感染强度逐渐下降而感染率逐渐上升的趋势,这可能是由于在该阶段马口鱼除了直接通过摄食中间宿主感染这两种寄生虫外还有其他途径。

种间相关分析表明马口鱼肠道寄生蠕虫群落结构是非随机组合的,群落中4个核心种之间具有显著相关性(正相关或负相关)(表2)。Holmes和Price^[21]认为当寄生群落的物种比较丰富,感染率和感染强度较高时,往往可能存在种间相互作用,群落结构呈现非随机组合。群落中各个种间的相关性往往可能由不同的因素所决定;种间正相关往往由于种间存在相互依赖,或寄生虫在宿主中有相同的生活周期所造成的;而负相关则由于种间的相互排挤,竞争或其他感作用,或具有不同的生活周期。同时,Poulin和Valtonen^[11]等认为寄生虫在终末宿主内群落的种间关系也可能是它们在中间宿主中的种间关系的直接转移。

马口鱼肠道寄生蠕虫群落受马口鱼的体长和食性以及季节变化的显著影响。当样本按不同体长组和季节进行种间关系分析时发现这些种间关系并不完全一致(表3、4)。在不同体长组内大部分寄生虫间呈现出与总群落大致相同的种间关系,但只有少数体长组达到显著相关水平,并且主要出现在体长较大的马口鱼上。这与Rohde *et al.*^[23]和Timi和Poulin^[9]的结果相似,他们认为宿主的体长影响着群落结构。较大的宿主往往有较多寄生虫种类,较高的感染率和感染强度,因此更容易形成非随机的群落结构。同样夏秋季节寄生虫往往有较高的感染水平,所以群落也就容易形成非随机的群落结构。

头槽绦虫和杜父鱼驼形线虫的种间关系在体长 $\geq 16\text{cm}$ 的马口鱼上由正相关转变为负相关,而这一阶段马口鱼其食性也发生了明显改变。因此宿主食性的改变促使寄生虫种间关系随之发生改变。

参考文献:

[1] Kennedy C R, Bush A O. Patterns in helminth communities why are birds and fish different [J]. *Parasitology*, 1986, **93**: 205—

- 215
- [2] Kadlec D, Jankovskí A, Jarkovská J *et al* Parasite communities of freshwater fish under flood conditions [J]. *Parasitol Res*, 2003, **89**: 272—283
- [3] Dogiel V A, Petrushevskii G K, Polyanski Yu I Parasitology of fishes [M]. Robert Cunningham and Sons Ltd, Aik Press 1961
- [4] Kuris A M, Blaustein A R, Ali J J Host as islands [J]. *The American Naturalist*, 1980, **116**(4): 570—586
- [5] Poulin R, Luque J L. A general test of the interactive-isolationist continuum in gastrointestinal parasite communities of fish [J]. *International Journal for Parasitology*, 2003, **33**: 1623—1630
- [6] Kennedy C R. The dynamics of intestinal helminth communities in eels *Anguilla anguilla* in a small stream: long-term changes in richness and structure [J]. *Parasitology*, 1993, **107**: 71—78
- [7] Esch G W, Kennedy C R, Bush A O, *et al* Patterns in helminth communities in freshwater fish in Great Britain: alternative strategies for colonization [J]. *Parasitology*, 1988, **96**: 519—532
- [8] 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**: 1235—1243
- [9] Timi J T, Poulin R. Parasite community structure within and across host populations of a marine pelagic fish: how repeatable is it [J]? *International Journal for Parasitology*, 2003, **33**: 1353—1362
- [10] Dezfali B S, Giarli L, DeBaggi S *et al* Associations and interactions among intestinal helminths of the brown trout *Salmo trutta* in northern Italy [J]. *J Helminthol*, 2001, **75**(4): 331—336
- [11] Poulin R, Valtonen E T. Interspecific associations among larval helminths in fish [J]. *International Journal for Parasitology*, 2001, **31**: 1589—1596
- [12] Kennedy C R, Moriarty C. Long-term stability in the richness and structure of helminth communities in eels *Anguilla anguilla* in Lough Derg River, Shannon, Ireland [J]. *J Helminthol*, 2002, **76**(4): 315—322
- [13] Yang T B, Miao S Y, Liao X H, *et al* Studies on the cavity helminth community of *Gymnocypris przewalskii przewalskii* in Qinghai Lake [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 1999, **23**(2): 134—140 [杨廷宝, 苗素英, 廖翔华, 等. 青海湖裸鲤体腔寄生蠕虫种群动态与宿主食性关系. 水生生物学报, 1999, **23**(2): 134—140]
- [14] Fellis K J, Esch G W. Community structure and seasonal dynamics of helminth parasites in *Lepomis cyanellus* and *L. macrochirus* from Charlie's Pond, North Carolina: host size and species as determinants of community structure [J]. *J Parasitol*, 2004, **90**(1): 41—49
- [15] Chen Y Y. Fauna Sinica-Osteichthys Cypriniformes II [M]. Beijing: Science Press 1998 [陈宜瑜. 中国动物志, 硬骨鱼纲鲤形目 (II). 北京: 科学出版社, 1998]
- [16] Johansson F, Radman P, Andersson J. The relationship between ontogeny, morphology, and diet in the Chinese hook snout carp (*Opsariichthys bidens*) [J]. *Ichthyol Res*, 2006, **53**: 63—69

- [17] Bush A O, Lafferty K D, Lotz JM, *et al*. Parasitology meets ecology on its own terms [J]. *Journal of Parasitology*, 1997, **83**: 575—583
- [18] Bush A O, Aho T M, Kennedy C R. Ecological versus phylogenetic determinants of helminth parasite community richness [J]. *Evolutionary Ecology*, 1990, **4**: 1—20
- [19] Chen Z S, Yang D W, Zeng H, *et al*. Studies on community ecology of helminthes parasite in *Mugil cephalus* in Guangdong Province, China [J]. *Acta Ecologia Sinica*, 2001, **21** (6): 1003—1008 [陈志胜, 杨大伟, 曾华, 等. 鲮鱼寄生蠕虫群落生态研究. 生态学报, 2001, **21** (6): 1003—1008
- [20] Zhang J Y, Qiu Z Z, Ding X J *et al*. Parasites and parasitic diseases of fishes [M]. Beijing: Science Press, 1999 [张剑英, 邱兆祉, 丁雪娟, 等. 鱼类寄生虫与寄生虫病. 北京: 科学出版社, 1999]
- [21] Hirasawa R, Urabe M, Yumaa M. Relationship between intermediate host taxon and infection by nematodes of the genus *Rhabdochona* [J]. *Parasitology International*, 2004, **53**: 89—97
- [22] Holmes J C, Price P W. Communities of parasites Cap 9 [A]. In: Kikkawa J, Anderson D. I (Eds), Community Ecology: Pattern and Process [C]. Blackwell Scientific Publications Oxford, 1986
- [23] Rohde K, Worthen W B, Heap M, *et al*. Nestedness in assemblages of metazoan ecto- and endoparasites of marine fish [J]. *Int J Parasitol*, 1998, **28**: 543—549

COMMUNITY STRUCTURE OF THE INTESTINAL HELMINTHS OF THE CHINESE HOOK SNOUT CARP, *OPSARIICHTHYS BIDENS* (GÜNTHER), FROM THE DANJANGKOU RESERVIOR

XI Bing-Wen^{1,2}, WANG Gui-Tang¹, WU Shan-Gong^{1,2}, GAO Dian^{1,2}, ZOU Hong^{1,2}, YAO Wei-Jian¹ and NIE Pin¹
 (1. State Key Laboratory of Freshwater Ecology and Biotechnology, Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430072
 2. Graduate School of the Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039)

Abstract Many parasite community structures in fish have been demonstrated non-random, but the results were not consistent at any time. Some environmental factors and host traits are likely to influence the parasite community structure. Here we address this question using data on the intestinal helminthes community of the Chinese hooksnout carp *Opsariichthys bidens* from the Danjiangkou Reservoir, China, and focus on the impacts caused by host body length and season variation.

During the time from February 2004 to November 2005, 848 specimens of *O. bidens* were collected and examined. In total, 14 species of the intestinal helminthes were found: 7 nematodes, 4 digenaeans, 2 acanthocephalans and 1 cestode. The result showed that 87.49% of *O. bidens* were parasitized by at least one parasite species and their mean intensity was 8.71 ± 11.557 . The mean infracommunity diversity was Brillouin index = 0.238 ± 0.287 . The infracommunity diversity showed significantly positive correlation with host's total length (Spearman rank correlation coefficient $r_s = 0.09$, $p < 0.05$), but prevalence showed not apparent negatively correlation (Pearson correlation coefficient $r = 0.390$, $p > 0.05$). The nematodes *Camallanus cotti* and *Rhabdochona cascadilla*, the cestode *Bothriocphalus acheilognathi* and the acanthocephalan *Micracanthorhynchina motomurai* with higher prevalence and intensity were the core species of this community. The infection intensities of the core species were significantly correlated with the host's body length ($r_s = 0.238 - 0.159$, $0.150 - 0.115$, $p < 0.05$).

Spearman rank correlation and chi-square tests indicated there were significantly positive or negative correlations between the core species. Both of the two methods supported that the intensities between *C. cotti* and *R. cascadilla*, *R. cascadilla* and *M. motomurai* showed significantly positive or negative correlations ($p < 0.05$). The parasite community structure of *O. bidens* were proved to be not random.

Variation of the Spearman's rank correlation coefficients of the intestinal helminthes in seven body length groups, which was arbitrarily divided as $L < 8\text{cm}$, $8\text{cm} \leq L < 10\text{cm}$, $10\text{cm} \leq L < 12\text{cm}$, $12\text{cm} \leq L < 14\text{cm}$, $14\text{cm} \leq L < 16\text{cm}$, $16\text{cm} \leq L < 18\text{cm}$, $L \geq 18\text{cm}$ respectively, showed that the changes of diet and body length of the host had significant impact. The parasite community in host with longer body length inclined to have significantly interspecific correlation. Also the parasite community in summer and autumn show the same tendency.

Key words *Opsariichthys bidens*, Helminth, Community, Interspecific correlation