

马正勇, 孙希, 范立兵, 等. 基于 eDNA 技术的长江上游三峡变动回水区春季鱼类多样性研究[J]. 水利水电技术(中英文), 2026, 57(9): 183-192. DOI: 10.13928/j.cnki.wrahe.2026.09.014

MA Zhengyong, SUN Xi, FAN Libing, et al. Spring fish diversity in fluctuating backwater zone of Three Gorges Reservoir, Upper Yangtze River using eDNA metabarcoding [J]. Water Resources and Hydropower Engineering, 2026, 57(9): 183-192. DOI: 10.13928/j.cnki.wrahe.2026.09.014

基于 eDNA 技术的长江上游三峡变动回水区 春季鱼类多样性研究

马正勇¹, 孙 希¹, 范立兵¹, 罗静文¹, 李晓涵¹, 王 春¹, 王 丽², 张先炳²

(1. 长江重庆航道工程局, 重庆 400011; 2. 重庆交通大学, 重庆 400074)

摘 要:【目的】三峡变动回水区鱼类资源的持续动态监测对评估保护措施成效、制定针对性管理策略具有重要意义。在长江十年禁渔的背景下, 非侵入式 eDNA 技术为获取鱼类资源信息提供了一种高效且便捷的途径。【方法】选取长江上游三峡变动回水区广阳坝河段为研究区域, 采用 eDNA 技术对三峡变动回水区内鱼类多样性进行调查, 分析三峡变动回水区的鱼类群落组成, 评估三峡变动回水区内鱼类种类, 为三峡变动回水区鱼类多样性保护提供数据支撑。【结果】eDNA 技术共检测出 63 种鱼类, 隶属 5 目 10 科 48 属, 其中鲤形目最多, 占比 73%; 相对序列丰度分布较大的种类有鲤(*Cyprinus carpio*)、鳙(*Hypophthalmichthys nobilis*)、汪氏近红鲌(*Ancherythroculter wangi*)、草鱼(*Ctenopharyngodon idella*), 驱动鱼类群落空间分布格局的关键环境因子为流速和电导率; 长江上游变动回水区广阳坝河段鱼类 α 多样性差异不大, Shannon 多样性指数平均值为 1.67, Simpson 多样性指数平均值为 0.63, 不同样点间的物种 β 多样性主要受其周转组分主导; 长江上游变动回水区广阳坝河段定居型喜缓流生境的鱼类占比较大, 产沉性卵的鱼类占据主要地位。【结论】三峡变动回水区广阳坝河段鱼类群落结构正在由河流生态系统向河库型生态系统重新分布, 喜急流的长江上游珍稀特有鱼类栖息地逐渐向上游国家级珍稀特有鱼类保护区移动。

关键词: 环境 DNA; 长江上游变动回水区; 鱼类群落; 多样性; 生态类群; 环境因子; 保护策略; 影响因素

DOI: 10.13928/j.cnki.wrahe.2026.09.014

开放科学(资源服务)标志码(OSID):

中图分类号: S932

文献标志码: A

文章编号: 1000-0860(2026)09-0183-10



Spring fish diversity in fluctuating backwater zone of Three Gorges Reservoir, Upper Yangtze River using eDNA metabarcoding

MA Zhengyong¹, SUN Xi¹, FAN Libing¹, LUO Jingwen¹, LI Xiaohan¹, WANG Chun¹,
WANG Li², ZHANG Xianbing²

(1. Changjiang Chongqing Waterway Engineering Bureau, Chongqing 400011, China; 2. Chongqing Jiaotong

收稿日期: 2025-05-05; 修回日期: 2025-09-07; 录用日期: 2025-09-10; 网络出版日期: 2025-12-01

基金项目: 国家自然科学基金(42007213); 重庆市自然科学基金创新发展联合基金项目(CSTB2023NSCQ-LZX0157)

作者简介: 马正勇(1971—), 男, 工程师, 学士, 研究方向为航道整治及生态航道建设。E-mail: 937838860@qq.com

通信作者: 王 丽(1986—), 女, 副教授, 博士, 主要从事生态水力学研究。E-mail: syauwangli@126.com

©Editorial Department of Water Resources and Hydropower Engineering. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license.

Abstract: [Objective] Continuous dynamic monitoring of fish resources in the fluctuating backwater zone of the Three Gorges Reservoir is essential for evaluating the effectiveness of conservation measures and for formulating targeted management strategies. Against the backdrop of the 10-year fishing moratorium on the Yangtze River, non-invasive environmental DNA (eDNA) metabarcoding offers an efficient and convenient means of acquiring information on fish assemblages. [Methods] The Guangyangba section in the fluctuating backwater area of the Three Gorges Reservoir, the Upper Yangtze River was selected as the study area. The eDNA metabarcoding was employed to investigate fish diversity within the fluctuating backwater zone of the Three Gorges Reservoir, analyze the fish community composition, and assess fish species within the area, thereby providing data support for conservation of fish diversity in the fluctuating backwater zone. [Results] A total of 63 fish species were detected by eDNA metabarcoding, belonging to 5 orders, 10 families, and 48 genera, with *Cypriniformes* being the most abundant, accounting for 73 % of all records. The species with relatively high relative sequence abundance included *Cyprinus carpio* (common carp), *Hypophthalmichthys nobilis* (bighead carp), *Ancherythroculter wangi*, and *Ctenopharyngodon idella* (grass carp). Key environmental factors driving the spatial distribution patterns of fish communities were identified as flow velocity and conductivity. α -diversity among fish in the Guangyangba section of the fluctuating backwater zone in the Upper Yangtze River exhibited minimal variation, with an average Shannon diversity index of 1.67 and an average Simpson diversity index of 0.63. β -diversity among different sampling sites was governed primarily by turnover components. Resident species favouring slow-flow habitats and those producing demersal eggs dominated the Guangyangba section. [Conclusion] The fish community structure in the fluctuating backwater zone of the Three Gorges Reservoir is undergoing a redistribution from a riverine to a river-reservoir ecosystem, with habitats preferred by rheophilic, rare, and endemic fish species of the Upper Yangtze River progressively shifting upstream towards the national nature reserve for rare and endemic fish species.

Keywords: environmental DNA; fluctuating backwater zone of Upper Yangtze River; fish community; diversity; ecological guild; environmental factors; conservation strategies; influence factors

0 引 言

淡水鱼类多样性是水生生态系统健康与稳定的核心表征, 常作为关键的生态系统健康状况指标^[1]。然而, 在全球范围内, 淡水鱼类生态系统正面临严峻的生物多样性危机^[2]。据研究评估, 全球超过五分之一的淡水鱼类物种已处于灭绝或濒危状态, 表明加强其监测与保护的紧迫性^[3]。长江是我国淡水鱼类多样性最为丰富的河流, 孕育了全国近半数的淡水鱼类资源(约 416 种), 并拥有极高比例的特有种类(约 178 种)^[4]。三峡工程的建设形成了世界罕见的巨型水库系统, 其中重庆江津至长寿江段处于独特的“变动回水区”位置。该区域水文情势受大坝调度与天然径流/泥沙过程交互作用影响显著, 水流、泥沙输移及河床生境已发生深刻改变^[5], 对该区域依赖特定水文条件的鱼类繁殖与栖息构成了威胁, 2007 年农业农村部设立了长江重庆段四大家鱼国家级水产种质资源保护区。持续的人类活动扰动(如航道整治)叠加水库运行效应导致该区域鱼类资源及其多样性发生变化, 但变化情况尚不清楚。因此, 三峡变动回水区鱼类资源的持续动态监测对评估保护措施成

效、制定针对性管理策略具有重要意义。

目前关于三峡变动回水区鱼类资源研究大多以生物学为基础, 采用传统捕捞的方法来估计渔业产量和预报鱼类种群数量, 在生境巨变下该区域鱼类群落格局的响应机制有待进一步研究。传统依赖渔具(如刺网、地笼、电捕)的鱼类调查方法存在明显局限: 耗时费力、易对生物造成损伤或干扰(尤其对珍稀濒危物种)、部分种类鉴定困难, 且在复杂生境(如山区河流)或禁渔水域实施难度与风险高^[6]。环境 DNA (environmental DNA, eDNA) 技术通过捕获水体中的生物遗留遗传物质, 克服了上述方法的局限性^[7]。该技术因高灵敏度、对目标生物及其栖息地干扰小、采样便捷高效等特点, 在国内外鱼类多样性监测中迅速推广。在长江流域, eDNA 技术已被应用于评估梯级水电开发的影响^[8]、解析山区河流鱼类组成^[9]以及外来种/濒危种检测^[10]等多个方面。关晓玉等^[11]基于环境 DNA 技术检测出贵州山区河流鱼类 89 种, 包含 5 种外来鱼类和 4 种珍稀濒危鱼类; CHENG 等^[12]基于环境 DNA 进行了季节性乌江干流鱼类调查, 探讨大规模梯级水电开发对鱼类多样性格局变化的影响。特别是在当前长江十年禁渔的严格政策背景

下, eDNA 技术为获取鱼类资源信息提供了一种高效的替代途径。

本研究以三峡变动回水区核心段——长江广阳坝河段为对象, 于 2022 年 5 月开展基于 eDNA 宏条形码的鱼类群落调查, 旨在解析该水域春季鱼类群落的物种组成与多样性特征; 评估不同空间点位(9 个采样点)的群落结构差异; 分析鱼类生态类型(栖息水层、生境偏好、洄游性、产卵类型)的分布格局。研究成果可为三峡变动回水区, 特别是广阳坝河段春季鱼类资源的本底信息补充、生态特征认知以及适应性保护策略的制定提供支撑。

1 材料与方法

1.1 研究区域与样本采集

选取三峡水库变动回水区的长江上游广阳坝河段作为研究区域, 按照河道不同生境类型, 共布设 9 个采样点位(见图 1), 采样点 1—2 为河道干流, 采样点 3—4 为深槽浅滩鱼类生境区, 采样点 5—7 为河流干支流交汇区, 采样点 8—9 为河流支流, 2022 年 5 月(春季)开展水样采集(已获相关部门批准)。采集过程中, 使用便携式水质测定仪 YSI 6600 同步记录 pH、水温、电导率、溶解氧, 采用便携式流量流速测量仪 LS300-A 测量各采样点的流速, 采用 DT-SYE-SSY 便携式手持超声波水深检测仪监测采样点水深。采样操作: 于水面下 0.3~0.6 m 处采集水样, 并立即转移至 1 L 无菌采样袋中。每个点位重复采集 3 份平行样本(每个平行样本无菌采样袋采集 1 L 水样), 相邻样本采集点间距 5~10 m。

所有采样设备及用具均预先在 10% 次氯酸钠溶

液中浸泡 ≥ 60 min 消毒, 随后依次经自来水冲洗、纯净水(冲洗 3 min)漂洗并晾干备用, 采样过程中采样人员全程佩戴一次性无菌手套^[13]。所有水样经密封后, 置于便携式冰箱中低温(约 4℃)保存运输至实验室。

1.2 eDNA 富集与提取

在实验室中于 8 h 内通过真空泵抽滤系统经 0.22 μm 混合纤维素滤膜过滤。为消除交叉污染, 单次抽滤前后以 10% 次氯酸钠彻底消毒装置^[13], 并设置空白过滤阴性对照。随后用无菌镊子将滤膜折叠移入 2 mL 离心管, 管身标记样品编号, 密封后-20℃冻存待 DNA 提取。

DNA 提取采用 PowerWater DNA Isolation Kit (Qiagen), 参照 LI 等^[14]方法独立操作。提取液以 100 μL AE 缓冲液洗脱, 所得 DNA 溶液暂存于-20℃直至扩增。全程设置空白滤膜对照以监控提取过程污染^[13]。

1.3 PCR 扩增与高通量测序

采用 Teleo2 引物扩增线粒体 12S rRNA 基因片段; Teleo2 正反向引物的序列分别是 (F: GTCGGTAAACTCGTGCCAGC; R: GGGTATCTAATCCAGTTTG)。PCR 扩增采用 TransStart FastPfu DNA Polymerase, 20 μL 反应体系为 4 μL 的 5 $\times$ FastPfu Buffer, 2 μL 的 2.5 mM dNTPs, 0.8 μL 的 Forward Primer (5 μM), 0.8 μL 的 Reverse Primer (5 μM), 0.4 μL 的 FastPfu Polymerase, 10ng 的模板 DNA 和 ddH₂O 至 20 μL 。PCR 扩增程序: 95℃预变性 5 min; 30 个循环(95℃变性 30 s, 55℃退火 30 s, 72℃延伸 45 s); 72℃终延伸 10 min, 10℃恒温保存。每轮扩增设置无菌水模板作为阴性对照以监控污

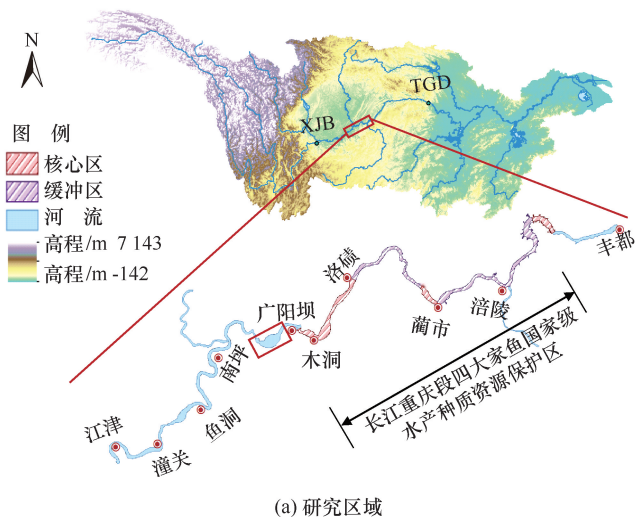
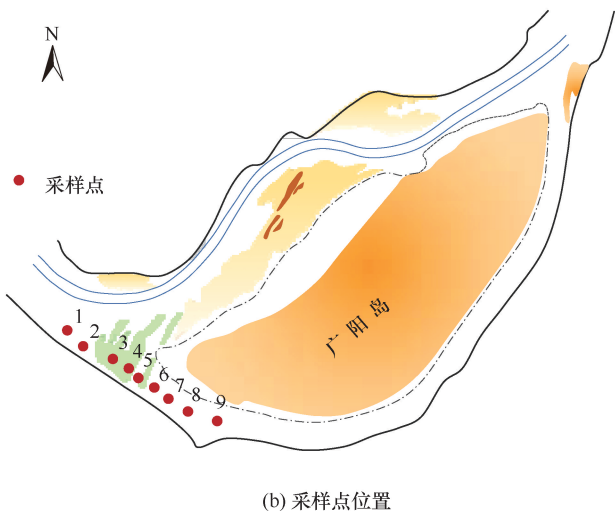


图 1 研究区位置
Fig. 1 Study area location

染。所有样品均进行 3 次独立 PCR 重复, 扩增产物等体积混匀后经 2% 琼脂糖凝胶电泳验证。使用 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (AP-GX-250 G, Axygen, 美国) 纯化。阴性对照未扩增出目的条带, 将检测合格的环境 DNA 样本送至上海凌恩生物科技有限公司采用 Illumina NovaSeq PE150 (Shanghai BIOZERON Co., Ltd.) 平台测序。

1.4 生物信息学分析

使用 Trimmomatic (<http://www.usadellab.org/cms/uploads/supplementary/Trimmomatic>) 对数据进行预处理, 对初始序列进行质控过滤(过滤 reads 尾部质量值 20 以下的碱基; 丢弃质控后 50 bp 以下的 reads; 去除含有模糊字符的、不能被组装的 reads; 对重叠长度大于 10bp 的序列按重叠顺序进行组合)。基于 UPARSE v10.0 (<http://drive5.com/uparse/>), 以 97% 相似度聚类 OTUs 并利用 UCHIME 剔除嵌合体。将代表序列比对 MitoFish (<http://mitofish.aori.u-tokyo.ac.jp/>) 和 NCBI 数据库 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), 依据阈值 (Identity > 97%, Cover > 90%, E-value<10⁻⁵) 完成物种注释。注释结果与研究区域历史鱼种记录比对, 筛除流域内不存在的物种。保留余下的物种进行后续分析, 其中鱼种分类主要基于 FishBase 网站 (<https://fishbase.us>)。除此之外, 通过删除比例小于 0.1% 的低频序列来消除因标签跳转或交叉污染可能造成的结果偏差, 鱼类物种分类参考《中国动物志》《四川鱼类志》。

1.5 数据处理与分析

在鱼类种类组成研究中, 序列相对丰度采用鱼类序列丰度占采样点总体序列丰度的比值计算。优势种根据优势度 Y 来确定, $Y>0.02$ 的种类为优势种。计算公式如下

$$Y = \frac{T_i}{T} \times \frac{N_i}{N}$$

式中, T_i 为出现第 i 种鱼的样点数; T 为总样点数; N_i 为第 i 种鱼类序列丰度; N 为总序列丰度。

为分析变动回水区鱼类多样性特征, 首先进行研究河段鱼类群落 α 多样性分析, 计算 Chao1 (Chao1 index) 指数来反映群落的丰富度, 香农指数 (Shannon index, H') 和辛普森指数 (Simpson) 来反映群落的多样性程度, 用 Pielou 均匀度指数来评估群落内各物种分布的均匀程度。 β 多样性采用 Jaccard 距离 (Jaccard dissimilarity) 进行计算, 基于各样点的物种的“存在-缺失”数据 (presence-absence data), 反映样点之间的物种组成差异^[15-17]。

生态类型划分^[18]: 基于历史文献, 系统解析目标鱼类的生态类型构成并基于检测出的鱼类种类计算生态类型的比例。具体分类标准包括: (1) 垂直分布: 表层、中层、底层类群; (2) 栖息偏好: 流水型、缓流型; (3) 繁殖特性: 黏性卵、漂流性卵、沉性卵、贝宿主型卵; (4) 生活史策略: 洄游性、定居性。研究所有的统计分析均使用 R 语言 (version 4.2.2) 中的 vegan 包和 ape 包进行计算, 使用 R 语言中的 ggplot2 和 origin 进行作图。

2 结果分析

2.1 基于 eDNA 技术的长江上游三峡变动回水区春季鱼类物种组成

长江上游三峡变动回水区春季鱼类调查共检测出 63 种鱼类, 隶属 5 目 10 科 48 属。在目水平上, 监测到的物种鲤形目最多, 有 46 个物种, 占比 73%; 鲈形目有 11 种, 占比为 17.4 %; 其次是鲇形目有 3 个物种, 占比为 4.8%; 鲇形目有 2 种, 占比 3.2%; 最少的为鲑形目, 仅仅只有 1 种, 占比 1.6%。在科水平上, 鳅科、塘鳢科、银鱼科 3 科均只有 1 种鱼类, 占比均为 1.6%; 太阳鱼科、鲇科、鮡科、北美鲇科均为 2 种, 占比为 3.2%; 鲢科只有 3 种鱼类, 占比为 4.8%; 虾虎鱼科为 4 种, 占比均为 6.3%; 鲤科的鱼类物种数最多, 共有 45 种, 占比 71.4%。在种类上, 鲤形目最多, 有 46 种, 其次是鲈形目 9 种 (见图 2)。

监测到相对序列丰度较高的前 10 种鱼类为鲤 (*Cyprinus carpio*)、鳙 (*Hypophthalmichthys nobilis*)、汪氏近红鲌 (*Ancherythroculter wangi*)、草鱼 (*Ctenopharyngodon idella*)、真吻虾虎鱼 (*Rhinogobius similis*)、赤眼鳟 (*Squaliobarbus curriculus*)、大鳍鱮 (*Hemibagrus macropterus*)、蛇鮈 (*Saurogobio dabryi*)、张氏鲮 (*Hemiculter tchangii*)、似鲮 (*Pseudobrama simoni*) (见图 3)。监测到的入侵种有长鳍真鲷 (*Ictalurus furcatus*) 和斑点黑鲈 (*Micropterus punctulatus*)。

对鱼类物种数据 “Hellinger” 转化后进行趋势对应分析 (DCA), 第一排序轴小于 3, 故选用 RDA 模型来揭示驱动鱼类群落空间分布格局的关键环境因子。RDA 分析结果表明, 前两轴累计解释变化率为 43.9%, 蒙特卡洛置换检验分析结果表明所有环境因子对鱼类群落结构影响均未达到显著水平 ($p>0.05$), 对鱼类群落分布影响解释率由高到低分别为流速 (0.81)、电导率 (0.60)、pH (0.48)、水深 (0.43)、温度 (0.37)、溶解氧 (0.18) (见图 4)。

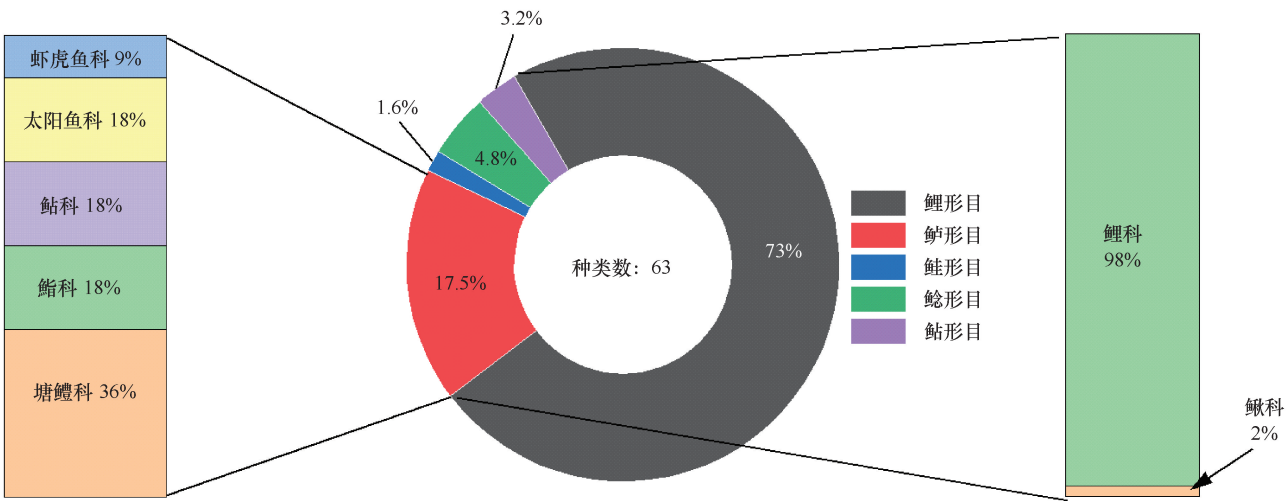


图 2 长江上游三峡变动回水区鱼类物种组成

Fig. 2 Fish species composition in fluctuating backwater zone of Three Gorges Reservoir, Upper Yangtze River

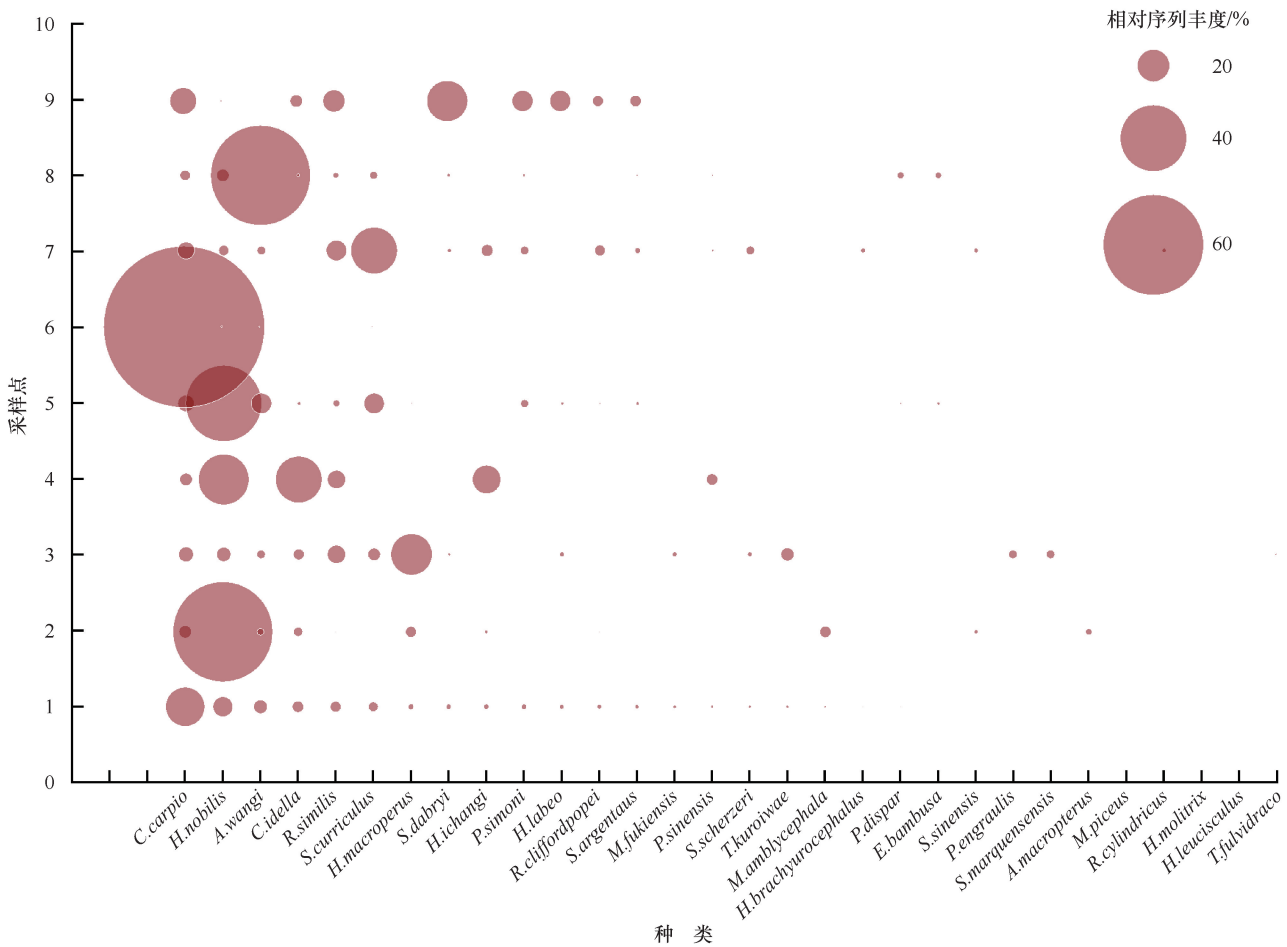


图 3 长江上游三峡变动回水区采样点相对序列丰度分布前 30 的种类

Fig. 3 Top 30 species with highest relative sequence abundance at sampling sites in fluctuating backwater zone of Three Gorges Reservoir, Upper Yangtze River

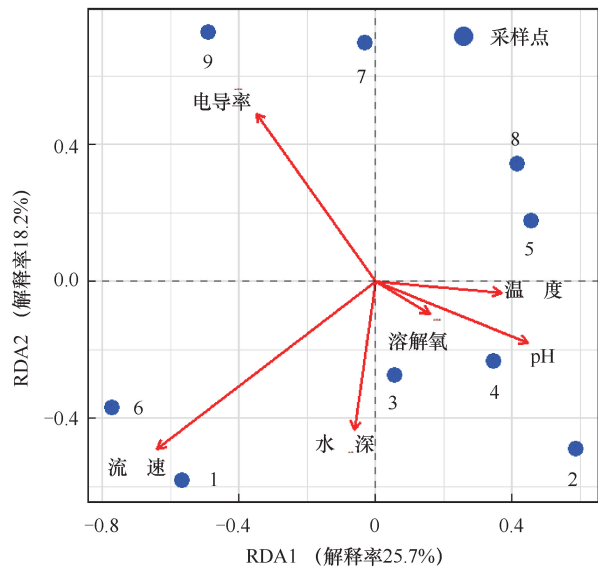


图4 长江上游三峡变动回水区鱼类群落结构与环境因子的 RDA 分析

Fig.4 RDA analysis of fish community structure and environmental factors in fluctuating backwater zone of Three Gorges Reservoir, Upper Yangtze River

2.2 基于 eDNA 技术的长江上游三峡变动回水区春季鱼类多样性

研究基于 eDNA 序列 OTU 计算研究区的 Chao1 指数、Shannon-Wiener 多样性指数、Simpson 优势度指数和 Pielou 均匀度指数，分析评估长江上游三峡变动回水区鱼类 α 多样性。研究区域采样点 Chao1 指数平均值为 47.14，采样点 3 的 Chao1 指数最高，达

到 64，采样点 1 的 Chao1 指数最低，为 37.2。Shannon-Wiener 多样性指数最大的为采样点 7，数值为 2.4，最小的为采样点 1，数值为 0.52。Simpson 优势度指数数值最大的为采样点 7，为 0.86，最小的是采样点 1，数值为 0.21。Pielou 均匀度用于衡量群落的均匀度，其中采样点 7 的数值最大，达到了 0.46，而采样点 1 的数值最小，仅为 0.11（见图 5）。

基于物种出现-缺失数据计算 β 多样性 (Jaccard 相异性指数) 及其周转 (turnover) 和嵌套 (nestedness) 组分。空间尺度上，样点间 β 多样性 (0.233) 主要受周转组分驱动 (0.119)，嵌套组分贡献率较低 (0.114)，周转组分相对贡献率达 51.1%（见图 6）。

2.3 长江上游三峡变动回水区春季鱼类生态类群分析

长江上游三峡变动回水区共检测出 63 种鱼类，隶属 5 目 10 科 48 属。基于鱼类个体已知的生态学特征，将检测出的鱼类生态学类型从产卵类型、栖息水层、洄游类型和生境偏好进行统计分析，来评价鱼类群落变化。在产卵类型方面，检测出产沉性卵鱼类占比最高，为 39.7%，漂流性卵和浮性卵次之，占比为 30.3%，产黏性卵鱼类占比为 27%，产浮性卵和喜贝产卵占比最小。在鱼类偏好栖息水层方面，中层鱼类占比较高，为 41.3%；底层鱼类次之，占比为 38.1%；中上层鱼类占比最少为 20.6%。在洄游类型

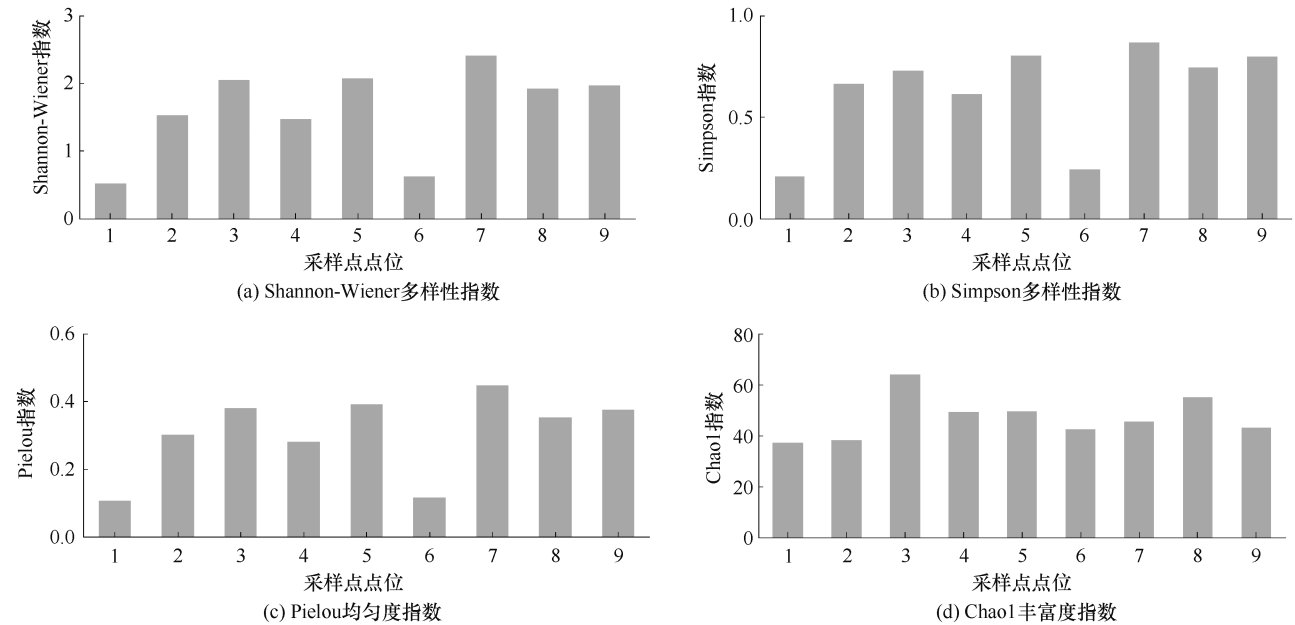


图5 长江上游三峡变动回水区鱼类 α 多样性指数

Fig.5 α-diversity indices of fish in fluctuating backwater zone of Three Gorges Reservoir, Upper Yangtze River

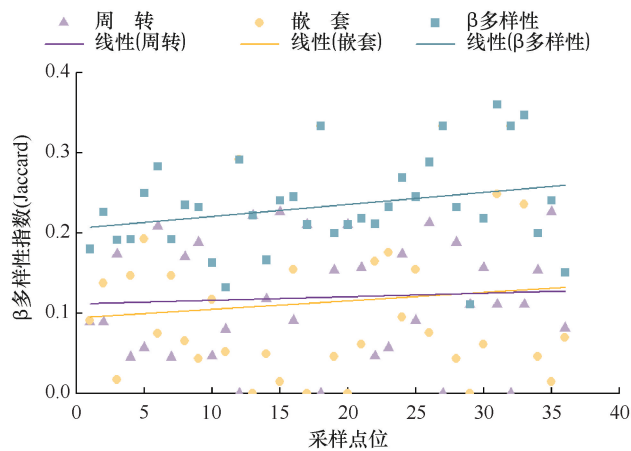


图 6 长江上游三峡变动回水区鱼类 β 多样性指数
Fig. 6 β -diversity indices of fish in fluctuating backwater zone of Three Gorges Reservoir, Upper Yangtze River

方面, 定居型鱼类占比 69.8%, 洄游鱼类占比 30.2%。在生境偏好方面, 喜静缓流鱼类占 63.5%, 偏好流水性鱼类占 36.5%(见图 7)。

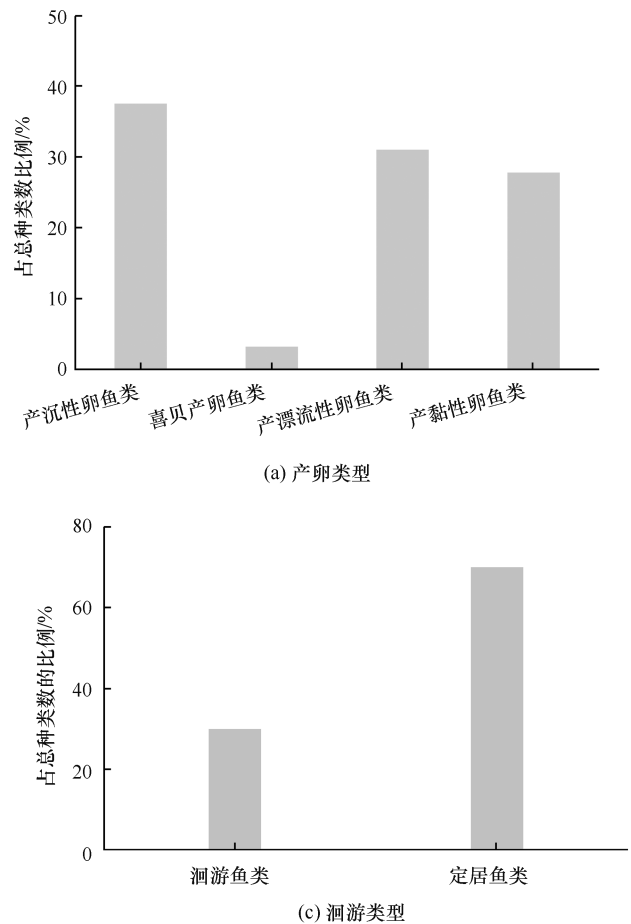
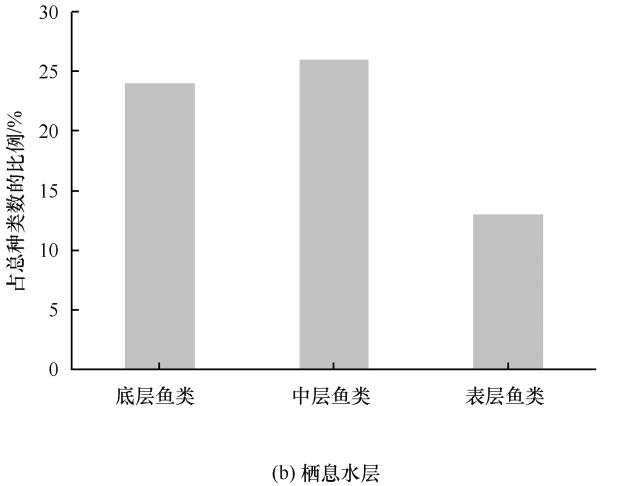
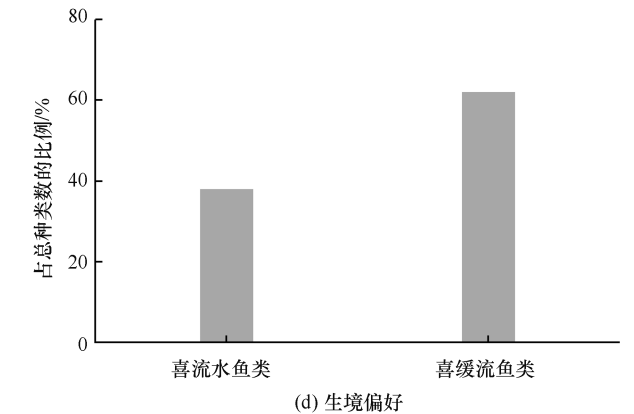


图 7 长江上游三峡变动回水区鱼类生态类型

Fig. 7 Ecological types of fish in fluctuating backwater zone of Three Gorges Reservoir, Upper Yangtze River

3 结果讨论

3.1 基于 eDNA 技术的长江上游三峡变动回水区春季鱼类群落组成

三峡库区巴南河段有研究者采用传统渔具蓄水前捕获鱼类 12 种, 三峡蓄水后捕获鱼类 16 种。2006—2010 年期间, 李祥艳等^[19-20]在长江上游三峡库首、库中和库尾采用三层刺网、流刺网、沉网、滚钩等传统捕捞方式捕获鱼类 36 种, 2019—2020 年, 运用复合刺网和地笼在三峡库区巴南江段采集到鱼类 52 种。本研究采用 eDNA 技术对长江上游三峡变动回水区广阳坝河段的鱼类群落组成进行了监测, 共鉴定出鱼类 63 种。其中, 绝大多数物种(如鲤 *Cyprinus carpio*、鳊 *Hypophthalmichthys nobilis*、汪氏近红鲃 *Ancherythroculter wangi*、草鱼 *Ctenopharyngodon idella*、蛇鮈 *Saurogobio dabryi* 等)在历史调查中已有记录^[21], 研究区域鱼类区系符合长江流域典型特征, 鲤形目(Cypriniformes)鲤科(Cyprinidae)物种构成主

要类群^[22]。监测记录显示: 鲈形目 (Perciformes): 引入种大口黑鲈 (*Micropterus salmoides*)、原生种波氏吻鰕虎鱼 (*Rhinogobius cliffordpopei*) 与真吻鰕虎鱼 (*Rhinogobius similis*); 鲇形目 (Siluriformes): 怀头鲇 (*Silurus soldatovi*)、引进种斑点叉尾鮰 (*Ictalurus punctatus*); 特有物种: 长江上游特有张氏鰻 (*Hemiculter tchangi*)。值得注意的是, eDNA 技术不仅成功检出传统方法记录的鱼种, 还检出了真吻鰕虎鱼、峨眉鱥 *Acheilognathus omeiensis*、宜良西昌白鱼 *Anabarilius liui* 等历史调查中未见的新物种。这一结果凸显了 eDNA 技术对传统生物监测方法的补充价值及其在鱼类多样性监测中的潜力。

监测未检出部分历史记录的特有鱼类 (如长江鲟 *Acipenser dabryanus*、高体近红鲌 *Ancherythroculter kurematsui*、黑尾近红鲌 *A. nigrocauda*、裸腹片唇鲌 *Platysmacheilus nudiventris* 等)。其中, 长江鲟 (达氏鲟) 历史上分布于金沙江下游至长江中上游, 2022 年 7 月 21 日被 IUCN 列为野外灭绝 (EW) 物种, 近年来其增殖放流活动集中于长江上游。本次春季调查在三峡变动回水区未检出长江鲟 eDNA 信号, 表明该物种在该区域分布密度极低, 现存栖息范围可能收缩至江津以上江段。需指出, 本研究仅反映春季鱼类多样性状况, 未来需建立连续监测体系以指导三峡变动回水区鱼类资源保护。

3.2 长江上游三峡变动回水区春季鱼类多样性

α 多样性分析显示采样点 3 的 Chao1 指数最高, 表明其物种丰富度最大, 而采样点 1 的该指数最低。采样点 7 的 Shannon 多样性指数、Simpson 指数和 Pielou 均匀度均为各点位最高, 反映其群落多样性与生境异质性最优, 该现象与广阳岛支汊-主流交汇区的水文连通性密切相关。采样点 1 各指数均最低, 其弯道凹岸强紊流环境产生的高剪切应力显著抑制鱼类定居。历史数据显示: 董智玲^[23] 2021 年春季采用 eDNA 技术监测检出 44 种鱼类; 杨威 2021 年夏季在广阳坝河段采用 eDNA 技术检出 40 种鱼类; 该区段传统捕捞记录为 40~74 种鱼类, 均以鲤形目为主导类群^[24]。可以看出, 监测结果与前期监测结果保持一致。多样性指数一般范围 (1.5~3.5), 长江上游三峡变动回水区鱼类群落的 Shannon-Wiener 指数平均值为 1.67 处于较丰富的水平。环境 DNA 技术目前可以说是对传统鱼类资源调查的一个重要补充工具, 在对鱼类组成调查和鱼类多样性研究中起着重要作用并有着巨大的发挥空间。因此, 它被视为一种可以用来迅速了解长江鱼类种类数量及空间分布情况的辅助手

段^[25-26]。

3.3 长江上游三峡变动回水区春季鱼类生态类群组成

研究河段鱼类产卵类型 (沉性卵、漂流性卵、黏性卵并存) 反映了其特定的种群结构特征。研究河段监测到的鱼类产卵类型以产沉性卵居多, 产漂流性卵的鱼类较历史资料在逐渐减少。三峡变动回水区的水文情势剧变, 导致漂流性卵鱼类 (如圆口铜鱼、长鳍吻鲈) 繁殖所需的临界流量与流速条件缺失, 造成历史产卵场功能退化。此水文扰动驱动群落结构演替, 促使产沉性卵鱼类逐渐成为优势类群^[27]。长江上游干流仅有的流水河段宜宾至江津河段成为产漂流性卵的珍稀特有鱼类繁殖与生存的重要栖息地, 应加大保护力度。从鱼类生境偏好来看, 该河段鱼类主要集中在栖息于中底层水域、喜好缓流或静水型生境, RDA 结果表明鱼类群落分布格局主要受到流速和电导率的影响。该区域河床基质以沙砾石与砂砾为主, 低流速区泥沙易沉积并富集有机质, 为底栖鱼类提供了适宜生境^[28]。与此同时, 适应急流、高浊度环境的物种减少, 部分原非本地种或非优势的缓流适应种已出现分布扩张趋势^[29-30]。从鱼类生活史特征来看, 三峡变动回水区定居性鱼类占优势, 占比 69.8%。随着三峡蓄水, 三峡变动回水区鱼类鲤、张氏鰻、似鲃等喜缓流生境的鱼类占据优势地位, 洄游性鱼类的栖息地分布向三峡变动回水区上游移动^[31]。

水库蓄水后, 变动回水区的水动力条件与泥沙输移格局与之前相比变化较大, 直接导致鱼类栖息地特征发生不同程度的变化^[25]。该区域鱼类生境条件呈现季节性差异: 4 月—9 月主要受天然径流主导, 而 10 月—次年 3 月则显著受水库调度运行控制^[26]。这种生境条件的演变深刻影响了鱼类的空间分布格局及种群结构^[4]。水库蓄水后, 变动回水区的鱼类以产沉性卵、偏好中底层水域、定居型为主, 说明该河段鱼类群落结构正在由河流生态系统向河库型生态系统转变^[32]。

4 结 论

研究选取长江上游变动回水区广阳坝河段为研究区域, 采用 eDNA 技术对三峡变动回水区广阳坝河段鱼类多样性进行监测, 评估三峡变动回水区广阳坝河段鱼类种类分布情况, 为三峡变动回水区鱼类多样性保护提供数据支撑。

(1) 长江上游三峡变动回水区广阳坝河段春季鱼类多样性指数平均值为 1.67, 说明长江上游三峡变

动回水区广阳坝河段鱼类种类处于较丰富的水平;

(2) 长江上游三峡变动回水区广阳坝河段鱼类群落结构正在由河流生态系统向水库型生态系统转变, 喜急流的长江上游珍稀特有鱼类栖息地逐渐向上游国家级珍稀特有鱼类保护区移动。

参考文献 (References):

- [1] WANG L, CHEN Q W, ZHANG J Y, et al. Incorporating fish habitat requirements of the complete life cycle into ecological flow regime estimation of rivers[J]. *Ecohydrology*, 2020, 13(4): e2204.
- [2] SHI Y, WANG S P, LIN X L, et al. Unraveling fish diversity and assembly patterns in a temperate river: Evidence from environmental DNA metabarcoding and morphological data [J]. *Ecological Indicators*, 2023, 156: 111111.
- [3] LI Z, LI F L, QIN S, et al. Environmental DNA biomonitoring reveals the human impacts on native and non-native fish communities in subtropical river systems [J]. *Journal of Environmental Management*, 2024, 349: 119595.
- [4] CAO L, SHAO W H, YI W J, et al. A review of conservation status of freshwater fish diversity in China[J]. *Journal of Fish Biology*, 2024, 104(2): 345-364.
- [5] YANG H L, SHEN L, HE Y F, et al. Status of aquatic organisms resources and their environments in Yangtze River system (2017—2021)[J]. *Aquaculture and Fisheries*, 2024, 9(5): 833-850.
- [6] VAN DRIESCHE C, EVERTS T, NEYRINCK S, et al. Using environmental DNA metabarcoding to monitor fish communities in small rivers and large Brooks: Insights on the spatial scale of information[J]. *Environmental Research*, 2023, 228: 115857.
- [7] VAN DRIESCHE C, EVERTS T, NEYRINCK S, et al. Experimental assessment of downstream environmental DNA patterns under variable fish biomass and river discharge rates [J]. *Environmental DNA*, 2023, 5(1): 102-116.
- [8] CHENG R L, LUO Y, ZHANG Y F, et al. eDNA metabarcoding reveals differences in fish diversity and community structure in heterogeneous habitat areas shaped by cascade hydropower [J]. *Ecology and Evolution*, 2023, 13(7): e10275.
- [9] FENG X, LI B, CHEN Y F, et al. Species-level monitoring of rare and invasive fishes using eDNA metabarcoding in the middle and upper Yarlung Zangbo River, Tibet[J]. *Water Biology and Security*, 2023, 2(1): 100089.
- [10] THOMSEN P F, KIELGAST J, IVERSEN L L, et al. Monitoring endangered freshwater biodiversity using environmental DNA [J]. *Molecular Ecology*, 2012, 21(11): 2565-2573.
- [11] 关晓玉, 严哈璐, 尹智力, 等. 基于环境 DNA 技术的贵州山区河流鱼类多样性影响因素初步探究[J]. *湖泊科学*, 2025, 37(4): 1128-1139.
- GUAN X Y, YAN H L, YIN Z L, et al. Preliminary exploration of factors influencing fish diversity in Guizhou mountain rivers based on environmental DNA technology[J]. *Journal of Lake Sciences*, 2025, 37(4): 1128-1139.
- [12] CHENG R L, ZHOU X X, ZHANG Y F, et al. eDNA reveals spatial homogenization of fish diversity in a mountain river affected by a reservoir cascade[J]. *Journal of Environmental Management*, 2024, 361: 121248.
- [13] PONT D, MEULENBROEK P, BAMMER V, et al. Quantitative monitoring of diverse fish communities on a large scale combining eDNA metabarcoding and qPCR[J]. *Molecular Ecology Resources*, 2023, 23(2): 396-409.
- [14] LI W Q, JIA H, ZHANG H. Evaluating the effectiveness of the eRNA technique in monitoring fish biodiversity-A case study in the Qingdao offshore, China [J]. *Global Ecology and Conservation*, 2024, 51: e02888.
- [15] QIAN M M, WANG Z Y, ZHOU Q, et al. Environmental DNA unveiling the fish community structure and diversity features in the Yangtze River basin [J]. *Environmental Research*, 2023, 239: 117198.
- [16] SAHU A, KUMAR N, PAL SINGH C, et al. Environmental DNA (eDNA): Powerful technique for biodiversity conservation [J]. *Journal for Nature Conservation*, 2023, 71: 126325.
- [17] 林阳, 李时轩, 周伟龙, 等. 百山祖国家公园植物群落 α 和 β 多样性对海拔梯度的响应[J]. *生态学报*, 2024, 44(17): 7700-7712.
- LIN Y, LI S X, ZHOU W L, et al. α and β diversity patterns of woody plant communities along an elevation gradient in Baishanzu National Park[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2024, 44(17): 7700-7712.
- [18] 孟宝, 张继飞, 叶华, 等. 长江上游珍稀特有鱼类国家级自然保护区鱼类产卵场功能现状分析及保护启示[J]. *长江流域资源与环境*, 2019, 28(11): 2772-2785.
- MENG B, ZHANG J F, YE H, et al. Current situation and protection enlightenment of the function of fishing spawning grounds in the national nature reserve for the rare and endemic fishes, upper reaches of the Yangtze River[J]. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 2019, 28(11): 2772-2785.
- [19] 李祥艳, 田辉伍, 蒲艳, 等. 长江上游宜宾江段鱼类早期资源现状研究[J]. *渔业科学进展*, 2022, 43(4): 93-104.
- LI Y X, TIAN H W, PU Y, et al. Study on the status of the early-stage fish resources at Yibin Section in the upper reaches of the Yangtze River[J]. *Progress in Fishery Sciences*, 2022, 43(4): 93-104.
- [20] 张伟, 翟东东, 熊飞, 等. 三峡库区鱼类群落结构和功能多样性[J]. *生物多样性*, 2023, 31(2): 87-99.
- ZHANG W, ZHAI D D, XIONG F, et al. Community structure and functional diversity of fishes in the Three Gorges Reservoir [J]. *Biodiversity Science*, 2023, 31(2): 87-99.
- [21] 危起伟. 长江上游珍稀特有鱼类国家级自然保护区科学考察报告[M]. 北京: 科学出版社, 2012.
- WEI Q W. Scientific Investigation Report on National Nature Reserve for the Rare and Endemic Fishes in the Upper Reaches of the Yangtze River[M]. Beijing: Science Press, 2012.
- [22] 唐成, 邓华堂, 田辉伍, 等. 长江上游珍稀特有鱼类国家级自然保护区干流段鱼类群落结构特征分析[J]. *水产学报*, 2023, 47(2): 81-100.

TANG C, DENG H, TIAN H W, et al. Analysis on the characteristics of fish community structure in the main stream section of the National Nature Reserve for Rare and Endemic Fish in the upper reaches of the Yangtze River[J]. Journal of Fisheries of China, 2023, 47(2): 81-100.

[23] 董智玲,陈莎莎,吕宏森,等. 基于环境 DNA 技术的长江上游重庆市江北段鱼类多样性研究[J]. 生态毒理学报, 2023, 18(6): 1-15.

DONG Z L, CHEN S S, LYU H S, et al. Study on fish diversity in Chongqing Jiangbei section of upper reaches of Yangtze River based on environmental DNA technology[J]. Asian Journal of Ecotoxicology, 2023, 18(6): 1-15.

[24] 杨威,舒政博,张先炳,等. 基于环境 DNA 宏条形码的三峡水库变动回水区鱼类多样性研究[J]. 水生态学杂志, 2025, 46(2): 122-133.

YANG W, SHU Z B, ZHANG X B, et al. Fish diversity in the backwater area of Three Gorges Reservoir based on eDNA metabarcoding[J]. Journal of Hydroecology, 2025, 46(2): 122-133.

[25] 徐观兵,王丽,杨胜发,等. 三峡水库变动回水区蓄水期鱼群空间分布及生境特征[J]. 长江科学院院报, 2021, 38(12): 46-52.

XU G B, WANG L, YANG S F, et al. Spatial distribution and habitat characteristics of fish swarm in fluctuating backwater zone of Three Gorges Reservoir in impoundment period [J]. Journal of Yangtze River Scientific Research Institute, 2021, 38(12): 46-52.

[26] WANG L, XIE Q R, YANG S F, et al. Dam-induced difference of fish habitat distribution in the fluctuating backwater zone of the Three Gorges Dam[J]. Ecohydrology, 2024, 17(5): e2657.

[27] 杨志. 长江上游干流梯级水电开发对鱼类群落的影响研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2022.

YANG Z. Effects of Cascade Hydropower Development in the Main Stream of the Upper Reaches of the Yangtze River on Fish Communities[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2022.

[28] REN S, ZHANG B W, WANG W J, et al. Sedimentation and its response to management strategies of the Three Gorges Reservoir, Yangtze River, China[J]. Catena, 2021, 199: 105096.

[29] DODDS W K, PERKIN J S, GERKEN J E. Human impact on freshwater ecosystem services: A global perspective [J]. Environmental Science & Technology, 2013, 47(16): 9061-9068.

[30] LIU F, WANG Z X, XIA Z J, et al. Changes in fish resources 5years after implementation of the 10-year fishing ban in the Chishui River, the first river with a complete fishing ban in the Yangtze River Basin [J]. Ecological Processes, 2023, 12(1): 51.

[31] XIA C, WANG X Y, SONG J, et al. Length and weight relationships of six freshwater fish species from the main channel of Yangtze River in China[J]. Egyptian Journal of Aquatic Research, 2023, 49(3): 417-420.

[32] CHEN Q W, LI Q Y, LIN Y Q, et al. River damming impacts on fish habitat and associated conservation measures [J]. Reviews of Geophysics, 2023, 61(4): e2023RG000819.

(责任编辑 王璐)