

贺明元, 张志华, 黄智成, 等. 基于形态学鉴定与 eDNA 技术的于桥水库鱼类多样性分析[J]. 水利水电技术(中英文), 2026, 57(9): 131-143. DOI: 10.13928/j.cnki.wrahe.2026.09.010

HE Mingyuan, ZHANG Zhihua, HUANG Zhicheng, et al. Analysis of fish diversity in Yuqiao Reservoir based on morphological identification and eDNA technology[J]. Water Resources and Hydropower Engineering, 2026, 57(9): 131-143. DOI: 10.13928/j.cnki.wrahe.2026.09.010

基于形态学鉴定与 eDNA 技术的于桥水库 鱼类多样性分析

贺明元¹, 张志华¹, 黄智成¹, 滕淑芹², 张达娟¹, 李泽利³, 高 锴³, 毕相东¹

(1. 天津农学院 水产学院, 天津 300392; 2. 天津市蓟州区畜牧水产业发展服务中心, 天津 301900; 3. 天津市生态环境监测中心, 天津 300191)

摘 要:【目的】明确于桥水库鱼类多样性现状, 对比形态学鉴定与环境 DNA(eDNA)技术在鱼类资源调查中的应用效果, 为水库水生态环境保护提供数据支撑。【方法】2022—2023 年, 采用三层定置刺网与地笼在 5 个站位捕捞鱼类并进行形态学捕捞鉴定, 结合 *Pinkas* 相对重要性指数分析优势种, 通过生态位宽度与重叠模型解析种间关系; 2023 年 5—10 月同步采集各站位 eDNA 样品, 基于 12 S rDNA 基因引物进行 PCR 扩增与高通量测序, 并完成物种注释, 利用 α 多样性指数分析群落特征。【结果】形态学鉴定共捕获鱼类 24 种, 隶属于 5 目 10 科 23 属, 鲤形目占比 66.67%, 优势种为鲤、子陵吻虾虎鱼等 6 种, 占渔获物生物量的 72.34%; 主要鱼类生态位宽度范围 0.07~1.12, 无广生态位物种, 276 个种对中 25.72% 存在显著重叠, 鲤形目鲤科鱼类重叠程度最高。eDNA 技术注释鱼类 25 种, 隶属于 5 目 11 科 18 属, 鲤、鳊平均相对丰度分别达 38.53%、21.96%; S4 站位 *Chao1* 指数(41)和 *Shannon* 指数(2.236 4)最高, S18 站位最低(*Shannon* 指数 1.399 4)。两种方法共有种类占比 12.8%, 综合分析显示水库可能存在 40 种鱼类。【结论】于桥水库鱼类以鲤形目为主, 群落结构受环境异质性影响显著, eDNA 技术可有效补充形态学鉴定的局限性, 二者结合能更全面评估鱼类多样性, 为库区生态保护提供了科学依据。

关键词: 环境 DNA; eDNA 技术; 于桥水库; 鱼类多样性; 生态位宽度; 生态位重叠; 形态学鉴定; 影响因素

DOI: 10.13928/j.cnki.wrahe.2026.09.010

开放科学(资源服务)标志码(OSID):

中图分类号: S932.4

文献标志码: A

文章编号: 1000-0860(2026)09-0131-13



收稿日期: 2025-09-05; 修回日期: 2025-12-31; 录用日期: 2026-02-28; 网络出版日期: 2026-03-11

基金项目: 国家自然科学基金项目(32172978); 天津市淡水养殖产业技术体系创新团队-养殖水环境调控岗位项目(IT TFRS2021000-009); 天津市教委科研计划项目(2020ZD06, 2021KJ110); 天津市大学生创新创业训练计划项目(202410061161)

作者简介: 贺明元(1999—), 男, 硕士研究生, 主要从事水域生态学研究。E-mail: 1667381285@qq.com

通信作者: 张达娟(1981—), 女, 高级实验师, 硕士研究生导师, 博士, 主要从事水域生态学研究。E-mail: dajuanzhang@163.com

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

Analysis of fish diversity in Yuqiao Reservoir based on morphological identification and eDNA technology

HE Mingyuan¹, ZHANG Zhihua¹, HUANG Zhicheng¹, TENG Shuqin², ZHANG Dajuan¹,

LI Zeli³, GAO Kai³, BI Xiangdong¹

(1. College of Fisheries, Tianjin Agricultural University, Tianjin 300392, China; 2. Jizhou District Animal

Husbandry and Aquaculture Development Service Center, Tianjin 301900, China;

3. Tianjin Eco-Environmental Monitoring Center, Tianjin 300191, China)

Abstract: [Objective] To clarify the current status of fish diversity in Yuqiao Reservoir, compare the application effectiveness of morphological identification and environmental DNA (eDNA) technology in fish resource surveys, and provide data support for protection of the reservoir's water ecological environment. [Methods] From 2022 to 2023, fish were collected using three-layer gillnets and ground cages at five sampling sites, followed by morphological identification. Dominant species were analyzed using the Pinkas index of relative importance, and interspecific relationships were analyzed using niche breadth and overlap models. From May to October 2023, eDNA samples were collected synchronously at each sampling site. PCR amplification and high-throughput sequencing were performed based on 12 S rDNA gene primers, species annotation was completed, and community characteristics were analyzed using α -diversity indices. [Results] A total of 24 fish species were captured through morphological identification, belonging to 5 orders, 10 families, and 23 genera. Cypriniformes accounted for 66.67%. Six dominant species, including *Cyprinus carpio* and *Rhinogobius giurinus*, accounted for 72.34% of the total catch biomass. The niche breadth of major fish species ranged from 0.07 to 1.12, with no broad-niche species observed. Significant overlap was observed in 25.72% of the 276 species pairs, and the degree of overlap was highest among Cyprinidae species within Cypriniformes. A total of 25 fish species were annotated using eDNA technology, belonging to 5 orders, 11 families, and 18 genera. The average relative abundances of *Cyprinus carpio* and *Aristichthys nobilis* reached 38.53% and 21.96%, respectively. The *Chao1* index (41) and *Shannon* index (2.2364) at station S4 were the highest, while station S18 showed the lowest values (*Shannon* index 1.3994). 12.8% of species were detected by both method, and comprehensive analysis indicated that approximately 40 fish species may be present in the reservoir. [Conclusion] Fish in Yuqiao Reservoir are dominated by Cypriniformes, and the community structure is significantly influenced by environmental heterogeneity. eDNA technology can effectively complement the limitations of morphological identification, and the combination of both method enables a more comprehensive assessment of fish diversity, providing a scientific basis for ecological protection in the reservoir area.

Keywords: environmental DNA; eDNA technology; Yuqiao Reservoir; fish diversity; niche breadth; niche overlap; morphological identification; influencing factors

0 引言

鱼类作为水生态系统的高级生物类群,通过摄食、排泄等行为与浮游生物、底栖生物间产生复杂的营养联系^[1],维持了水生态系统的物质循环和能量流动^[2],其种类组成及群落结构变化可直接或间接改变饵料生物及其他生物类群丰度,进而调控整个生态系统的结构与功能,是衡量水生态系统稳定和健康的指标之一^[3]。对于饮用水源地的水库而言,鱼类群落结构的稳定关系到水质安全与生态系统的服务功能,也是制定水源地生态保护策略、评估水利工程生态影响以及优化水库生态调度的重要依据。

于桥水库是引滦入津工程中重要的调蓄水库^[4],正常蓄水水面面积 85.8 km²,总库容为 15.59×10⁸ m³,平均水深 4.5 m,是天津市饮用水和工农业用水的重要来源^[5],其生态环境状况备受关注。水利工程调

度运行在保障供水的同时,也会对库区水生态系统产生影响。因此,开展鱼类多样性监测,不仅是生态保护的需求,也是评价水利工程生态影响、优化水库生态调度方案的重要基础。历史上有关于桥水库鱼类资源调查均依赖传统网捕结合形态学鉴定的方法,早期韩桢锒等^[6]通过刺网和地笼两次调查,首次明确鉴定鱼类 36 种,主要有鲤(*Cyprinus carpio Lin-naeus*)、鲫(*Carassius auratus*)、鲢(*Hypophthalmichthys molitrix*)、鳙(*Aristichthys nobilis*)、翘嘴红鲌(*Culter alburnus*)、红鳍原鲌(*Cultrichthys erythropterus*)、赤眼鲮(*Squaliobarbus curriculus Riehardsons*)、黄颡(*Pelteobagrus fulvidraco*)等,鲤科鱼类占 67%,初步揭示了水库鱼类种类组成特征。近年来吴会民等^[7]共采集鉴定鱼类 24 种,与早期调查相比新增黄尾鲮(*Xenocypris davidi Bleeker*)、团头鲂(*Megalobrama amblycephala*)、

小黄魮鱼(*Micropercops sinhonis*)、池沼公鱼(*Hypomesus olidus*)、大银鱼(*Protosalanx hyalocranius*)等 6 种,鳃(*Elopichthys bambusa* Rieharelson)、赤眼鳟(*Squalio-barbus curriculus* Riehardsons)、贝氏鲮条(*Hemiculter bleekeri*)、逆鱼(*Pseudobrama simoni*)、斑条刺鲃(*Aeanthorliodeust aenianalis*)、中华多刺鱼(*Pungitius sinensis*)等共 10 种已消失,于桥水库鱼类多样性有所下降。传统网捕方法虽然可以获得鱼类物种的关键信息,但存在效率低、捕获时易对鱼体造成损伤、样品具有偶然性等问题,此外,形态学鉴定对专业人员依赖度高,近缘物种鉴别易出现误判,难以全面揭示水域内的物种组成,限制了鱼类多样性真实状况的评估。因此迫切需要更为高效、经济和全面的调查方法,以提高鱼类生物多样性的监测能力。

环境 DNA 宏条形码技术(Environmental DNA, eDNA)通过精准提取沉积物、水体等不同环境介质中的 DNA,针对基因组特定 DNA 片段进行扩增和高通量测序,从而解析生物群落的物种组成、分布格局和遗传多样性^[8],该技术凭借无创采样、便捷高效和检测灵敏度高等优势,有效弥补了传统渔业资源调查方法的不足,避免传统捕捞对水生生物栖息地的干扰及破坏,为生物多样性调查和研究提供新思路^[9-10],被广泛应用到鱼类资源量评估、多样性调查、外来入侵物种早期预警及濒危珍稀物种的痕量监测等关键领域^[11]。随着这项技术日益成熟,人们对河流、湖泊、水库等不同水体中鱼类多样性的研究逐步完善^[12]。在国内使用 eDNA 技术对不同水域展开一系列研究,房瑶瑶等^[13]对浙江衢江流域进行鱼类多样性初探,共检出 5 目 10 科 28 属 33 种鱼类,其中鲤形目的鲤科占据主导优势,各占总目、总科数的 81.82% 和 66.67%。徐念等^[14]则在长江中下游 24 个干流点位捕获 10 种鱼类序列,据此建立起针对长江鱼类的 eDNA 检测体系。在 eDNA 技术和形态学结合的鱼类多样性研究中,太湖——这一典型富营养化大型湖泊,采用 eDNA 技术检出鱼类 54 种,其中 37 种与形态学鉴定结果一致,45 种鱼类在《太湖鱼类志》中有记载, eDNA 的单次、单站点检出种类数均高于形态学鉴定结果^[8];在重庆玉滩湖水库,使用 eDNA 技术和形态学分别鉴定鱼类 36 种和 21 种,共有种类 15 种,结合两种监测结果共发现鱼类 42 种^[15];曲疆奇等^[1]在密云水库的研究中共监测鱼类 86 种,比形态学鉴定结果多 43 种,并且有效揭示鱼类群落结构变化,这些跨区域、跨水体的研究充分验证了 eDNA 技术的应用潜能和可靠性逐渐得到验证。

基于此,本研究在采用形态学鉴定与 eDNA 技术相结合的方法对于桥水库鱼类种类组成进行分析,比较了两种技术的适配性与互补性,并通过生态位宽度与重叠分析探讨鱼类群落结构特点,为水库生态保护与水生生态系统健康评估提供更为全面、科学的理论依据与实践参考。

1 材料与方法

1.1 站位设置

在于桥水库共布设 5 个站位(见图 1)。



图 1 于桥水库鱼类资源调查站位图

Fig. 1 Map of survey stations of fish resources in Yuqiao Reservoir

1.2 鱼类捕捞与鉴定分析

2022 和 2023 年每年 6—9 月使用三层定置刺网(长 20~50 m,高 1~6 m,网目 3~11 cm)和地笼(8~24 m,网目 2 cm)对于桥水库鱼类资源进行每月两次的调查(共采集 16 次),网具布设 24 h 后收取,将捕获到的鱼类样本初步分类装袋,冷藏保存,带回实验室进行鉴定分析。

鱼类样本种类鉴定参考《鱼类分类学》^[16]、《天津水域鱼类资源种类名录》^[17]等完成。

利用 Pinkas 相对重要性指数(*IRI*)确定每一种类在群落中的重要性,具体公式为

$$IRI = (W + N)F \times 10\,000 \quad (1)$$

式中, *W* 为一种类的生物量与其所占的比例; *N* 为一种类的尾数在整个尾数中所占的比例; *F* 为在一个特定类别中出现站点数量与所调查站点总数的比例。

以 *IRI*>1 000 为优势种,100~1 000 为显著种,10~100 为普通种,1~10 为稀有种,小于 1 为偶见种^[18]。

鱼类生态位宽度(B_{ij})与生态位重叠(Q_{ik})的计算公式为

$$B_{ij} = - \sum_{j=1}^R P_{ij} \ln P_{ij} \quad (2)$$

$$Q_{ik} = \frac{\sum_{j=1}^R P_{ij} P_{kj}}{\sqrt{\sum_{j=1}^R P_{ij}^2 \sum_{j=1}^R P_{kj}^2}} \quad (3)$$

式中, R 为调查月份次数或位点数; P_{ij} 、 P_{kj} 分别为物种 i 和物种 k 在资源状态 j 下个体数占资源总和的比例。

生态位宽度 (B_{ij}) 是指某一个种群在群落中利用各种不同资源总和, 生态位宽度值越宽则对环境适应能力越强, B_{ij} 取值范围为 $[0, R]$ 。将鱼类生态位宽度值分为 3 种, 可分为窄生态位种 ($0 < B_{ij} < 1.0$); 中生态位种 ($1.0 < B_{ij} < 2.0$); 广生态位种 $B_{ij} > 2.0$ 。

生态位重叠 (Q_{ik}) 是反映物种间的潜在竞争关系, 生态位重叠值大小取值范围为 $[0, 1]$, $Q_{ik} > 0.6$ 为显著重叠, $0.3 \leq Q_{ik} \leq 0.6$ 为有重叠意义, 而 $Q_{ik} < 0.3$ 为无重叠意义。生态位重叠值越高, 说明种间竞争越大^[19-20]。

1.3 鱼类 eDNA 样品采集与分析

1.3.1 鱼类 eDNA 样品的采集与处理

于 2023 年 5—10 月每月对上述 5 个站位采集 eDNA 样品: 使用采水器在每个站位分别采集表层和底层水样各 5 L, 混匀后取 2 L 水样低温保存至聚乙烯瓶中(保留 2 瓶平行水样备用), 共 60 个样品。使用 0.45 μm 醋酸纤维膜(莱博飞特)抽滤水样以收集鱼类 eDNA 样品, 将抽滤膜置于无菌无酶冻存管中转移至 -80 ℃ 冷冻保存。

1.3.2 鱼类 eDNA 样品的处理与分析

鱼类 eDNA 提取、PCR 扩增及高通量测序由壹健生物科技(苏州)有限公司完成。提取 eDNA 严格按试剂盒(天根, 中国)说明书进行, 最终得到 DNA 样品质检体积为 45 μL。

使用鱼类 12 S rDNA 基因的 eDNA 通用引物 (Mifish-F/R) 5' TCGTGCCAGCCACCGCGGTTA-3; 5'-ATAGTGCGGCTATCTAATCCAG-3'^[21-23] 进行扩增, 扩增长度约为 170 bp~186 bp, 扩增体系以环境 DNA 为模板进行 PCR 扩增, 正反向引物 2 μL, 2×Prime Mix(康润, 中国) 25 μL, DNA 模板 50 ng(每个样本按提取浓度计算体积), ddH2O 补足至 50 μL。PCR 反应程序为 98 ℃ 预变性 30 s, 98 ℃ 变性 10 s, 58 ℃ 退火 30 s, 72 ℃ 延伸 30 s; 进行 35 个循环, 最后 72 ℃ 延伸 5 min, 于 -20 ℃ 保存, 每次 PCR 反应使用去离子水为模板作为阴性对照。每份样品重复扩增三次, 通过 1.5% 琼脂糖凝胶检测目的条带大小^[24-27]。利用 GeneTools Analysis Software (Version. 03.08.0,

SynGene) 对 PCR 产物进行浓度对比后混合。使用 E. Z. N. A.® Gel Extraction Kit(Omega, USA)凝胶回收试剂盒回收 PCR 混合产物, 最后将纯化后的产物利用 Illumina Nova 6000 平台进行高通量测序。原始数据经质控过滤后, 将所有样本的拼接序列进行合并, 通过 VSEARCH 软件去除重复序列, 并保留丰度大于 4 的代表序列。使用 USEARCH 软件的 uchime3_denovo 算法去除代表序列中的嵌合体序列, 利用 UCLUST 和 UPARSE 按 98% 相似度聚类 and UNOISE 降噪算法按 97% 相似度并挑选代表序列, 将合并样本拼接序列与 OUT 序列集比对, 得到最终 OUT 表。

通过 BLAST 方法将代表序列与目标基因宏条形码数据库进行比对, 包括鱼类线粒体基因组数据库 MitoFish、BOLD(The Barcode of Life Database System) 数据库和 NCBI 核酸库, 获得物种注释信息, 鱼类物种分类主要基于 FishBase 网站(<http://fishbase.us>)。

1.4 数据处理与分析

统计各站位间不同种类单元数量变化, α 多样性指数选用 Chao1 指数 (Chao1 index)、香农指数 (Shannon index)、辛普森指数 (Simpson index)、皮耶罗均匀度指数 (Pielou)、覆盖度指数 (Goods coverage) 进行多样性、均匀度分析。基于各站位物种序列丰度, 利用 R 语言 ggplot2 包和 sunburstR 包绘制物种组成图并进行空间变化分析^[25,28]。

2 结果与分析

2.1 基于形态学鉴定的于桥水库鱼类种类组成及优势种

在于桥水库共捕获鱼类 24 种, 隶属于 5 目 10 科 23 属, 其中鲤形目 (Cypriniformes) 最多, 为 16 种, 主要有鲢 (*Hypophthalmichthys molitrix*)、鳙 (*Aristichthys nobilis*)、草鱼 (*Ctenopharyngodon idellus*)、鲤 (*Cyprinus carpio*)、棒花鲃 (*Gobio rivuloides*)、大鳍鲃 (*Acheilognathus macropterus*)、团头鲂 (*Megalobrama amblycephala*) 等, 其次为鲈形目 (Perciformes) 和鲇形目 (Siluriformes)。就栖息类型来说, 水库鱼类主要以中上层和底栖鱼类为主(见表 1)。

于桥水库鱼类优势种以鲤、子陵吻虾虎鱼、鲮、红鳍原鲃、似鲮、鲢等为主; 其渔获物生物量占比为 72.34%, 渔获物尾数占比为 79.82%。稀有种以棒花鲃、乌鳢为主(见表 2)。

2.2 生态位宽度特征

于桥水库主要鱼类生态位宽度变化范围为 0.07~1.12(见图 2), 无广生态位物种。其中, 鲤形目似鲮

表 1 于桥水库鱼类种类组成

Table 1 Composition of fish species in Yuqiao Reservoir

目	种	拉丁文	食 性	栖息类型
鲤形目	鲤	<i>Cyprinus carpio Linnaeus</i>	杂食性	底 栖
	鲮	<i>Hemiculter leucisculus</i>	杂食性	中上层
	似 鲮	<i>Toxabramis swinhonis</i>	滤食性	中上层
	麦穗鱼	<i>Pseudorasbora parva</i>	杂食性	中下层
	高体鲃	<i>Rhodeus ocellatus</i>	杂食性	中上层
	兴凯鲃	<i>Acheilognathus chankaensis</i>	滤食性	中上层
	大鳍鲃	<i>Acheilognathus macropterus</i>	滤食性	中上层
	鲫	<i>Carassius auratus</i>	杂食性	底 栖
	红鳍原鲃	<i>Cultrichthys erythropterus</i>	肉食性	中上层
	翘嘴鲃	<i>Culter alburnus</i>	肉食性	中上层
	鲢	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	滤食性	中上层
	鳊	<i>Aristichthys nobilis</i>	滤食性	中上层
	泥 鳅	<i>Misgurnus anguillicaudatus</i>	杂食性	底 栖
	草 鱼	<i>Ctenopharyngodon idellus</i>	草食性	中下层
	棒花鲃	<i>Gobio rivuloides</i>	杂食性	底 栖
	团头鲂	<i>Megalobrama amblycephala</i>	草食性	中下层
鲇形目	黄 鲶	<i>Pelteobagrus fulvidraco</i>	杂食性	底 栖
	鲇	<i>Silurus asotus</i>	肉食性	中下层
鲈形目	子陵吻虾虎鱼	<i>Rhinogobius cliffordpopei</i>	杂食性	底 栖
	乌 鳢	<i>Channa argus</i>	肉食性	底 栖
	鳊	<i>Siniperca chuatsi</i>	肉食性	底 栖
鲢形目	安氏新银鱼	<i>Neosalanx anderssoni</i>	滤食性	中上层
	池沼公鱼	<i>Hypomesus olidus</i>	杂食性	中上层
合鳃鱼目	黄 鲢	<i>Monopterus albus</i>	肉食性	底 栖

表 2 于桥水库鱼类优势种的组成

Table 2 Composition of dominant fish species in Yuqiao Reservoir

种 类	<i>N</i> /%	<i>W</i> /%	<i>F</i> /%	<i>IRI</i>
鲤	8. 51	40. 88	100	4 939
子陵吻虾虎鱼	13. 17	0. 44	100	1 361
鲮	12. 79	2. 80	100	1 559
红鳍原鲃	10. 65	5. 97	100	1 662
似 鲮	24. 76	3. 12	100	2 788
鲢	2. 46	26. 61	50	1 454

(*Toxabramis swinhonis*)、鲮(*Hemiculter leucisculus*)、鲈形目子陵吻虾虎鱼(*Rhinogobius cliffordpopei*)生态位宽度值<2,属于中生态位种;而其他鱼类均属于窄生态位。结合优势种、渔获生物量占比等综合结果说明,于桥水库鲤形目鱼类分布范围较为广泛,环境适应能力较强。

2.3 生态位重叠特征

在于桥水库鱼类的 276 个种对中(见图 3),有显著重叠意义的共 71 对,约占总数的 25.72%;有重叠意义的为 133 对,约占总数的 48.19%;无重叠意义的有 72 对,约占总数的 26.09%。表明于桥水库有重叠意义的较高,显著重叠意义的较低。其中显著意义重叠值较大的有麦穗鱼-鲫 0.98、鲤-鲢 0.96、鲮-似

鲮 0.96 等;在有重叠意义的种对中鲤-子陵吻虾虎鱼 0.60、鲮-鲇 0.60、鲮-大鳍鲃 0.59、似鲮-泥鳅 0.59 等。结果表明,在 $Q_{ik}>0.6$ 和 $0.3\leq Q_{ik}\leq 0.6$ 取值范围内,鲤形目鲤科的鲢、鳊、麦穗等种对间和其他鲤形目种对相互间的生态位重叠特征值较大,主要以鲤形目为主。

2.4 基于 eDNA 鉴定的于桥水库鱼类种类组成及多样性分析

原始数据经筛选和拼接等处理,得到有效序列 608326 条,按 97%的相似度进行聚类,获得 1 130 条有代表性的物种序列,通过注释得到鱼类物种 25 种,各站位物种构成如图 4 所示,5 站位共有物种 21 个,其中 S4 站位特异物种 2 个。

在 5 个站位中,eDNA 宏条形码共注释出鱼类 25 种,隶属于 5 目 11 科 18 属(见表 3)。从目水平看,鲤形目种类最多,其次为鲈形目,分别占总种类数的 60%和 28%;从科水平看,仍以鲤科种类最多,占总种类数 60%。各站位共有种类 21 种,鲤科鱼类均为各站位的共有种,S4 坝下站位有两种特有种类,为溪 吻 鰕 虎 鱼(*Rhinogobius duospilus*)和 黄 鲢(*Monopterus albus*)。

各站位鱼类物种及其相对序列丰度(见图 5),鲤

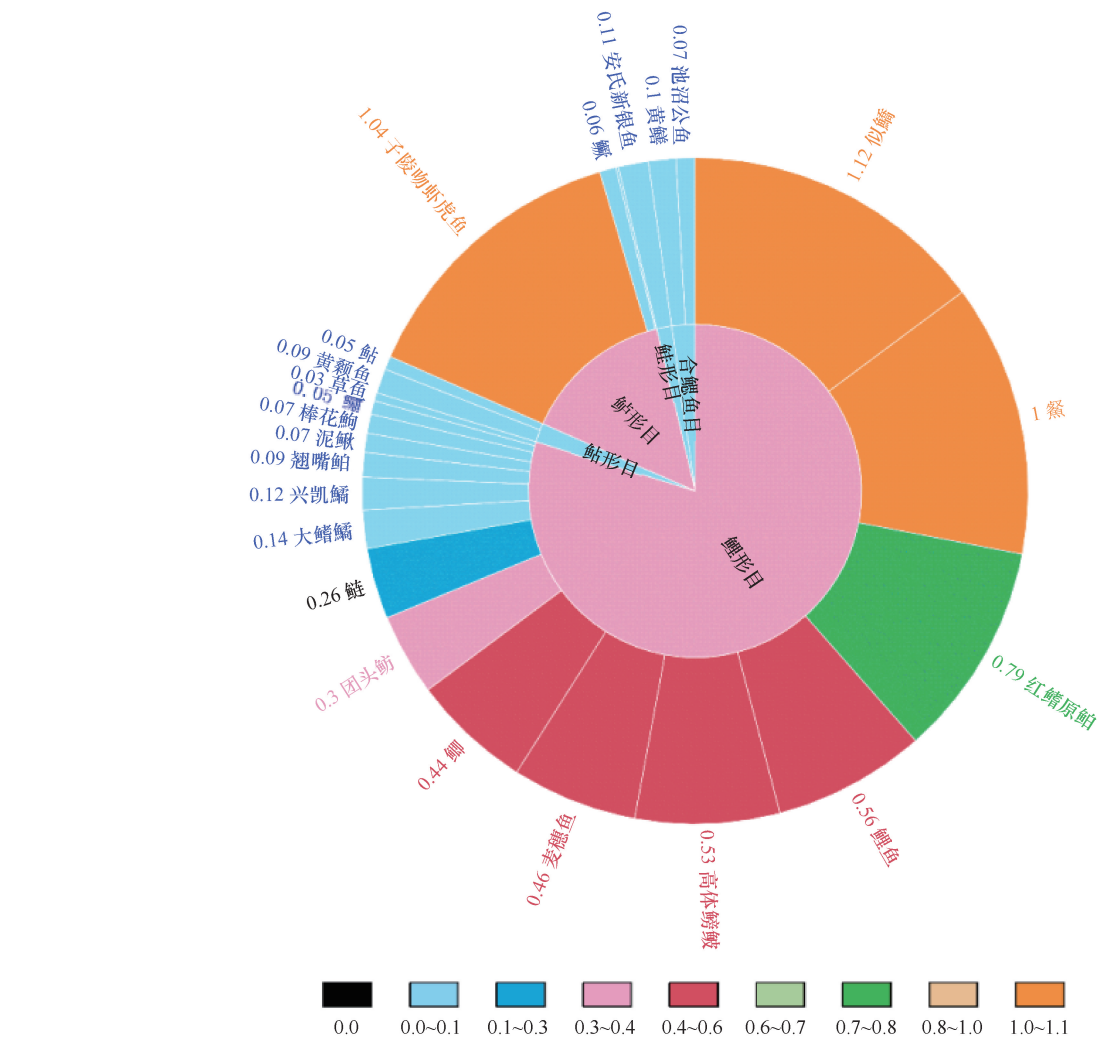


图2 于桥水库生态位宽度
Fig.2 Niche breadth in Yuqiao Reservoir

科鱼类均表现出较高的序列丰度，这一结果与形态学鉴定结果一致。在各站位中，相对丰度最高的种类均为鲤(*Cyprinus carpio*)和鳊(*Aristichthys nobilis*)，在 5 个 站 位 中 的 平 均 丰 度 分 别 为 38.53% 和 21.96%。

于桥水库各站位 eDNA 的 *Coverage* 指数范围为 0.999 81~0.999 99，表明测序基本覆盖全部 OTU 数据，能够反映样本真实性。*Chao1* 指数最高的是 S4 站位，为 41，最低的是 S13 站位，为 30；而 *Shannon* 指数、*Simpson* 指数和 *Pielou* 指数，均表现出 S4 站位最高，S18 站位最低的分布趋势，可见 S4 站位 eDNA 多样性较高。

由 Bray-Curtis 距离热图(见图 6)可知，S4 和 S13 数值为 0.5，S7 和 S18 为 0.4，越趋近于 0，鱼类种类组成越相似，因此 S4、S13 鱼类相似度较高，S7、S18 鱼类相似度较高。

3 讨 论

3.1 基于形态学鉴定的于桥水库鱼类种类组成和生态位分析

于桥水库鱼类资源调查可追溯到 1976 年，共采集鉴定鱼类 36 种，隶属于 5 目 12 科 33 属，主要有鲢、鳊、草鱼、鳙鱼、鳊、红鳍鲌、翘嘴红鲌等鲤科种类^[6]；2016—2018 年共采集鉴定鱼类 5 目 10 科 24 种，其中鲤形目 2 科 15 种，占总种类数的 62.5%^[7]；本研究使用刺网和地笼等网具共捕捞鉴定鱼类 24 种。

近年调查中鳙鱼、赤眼鳟、刺鲃等鱼类基本消失^[7]，无特有种，库区鱼类主要为我国东部黄河区域内常见鱼类^[29]。结合历史数据、优势种、生态位宽度等数据来看，鲤形目鱼类在于桥水库中具有较强的资源利用能力和环境适应性^[30]，主要为中生态位和窄生态位种类，无广生态位种类。于桥水库水域

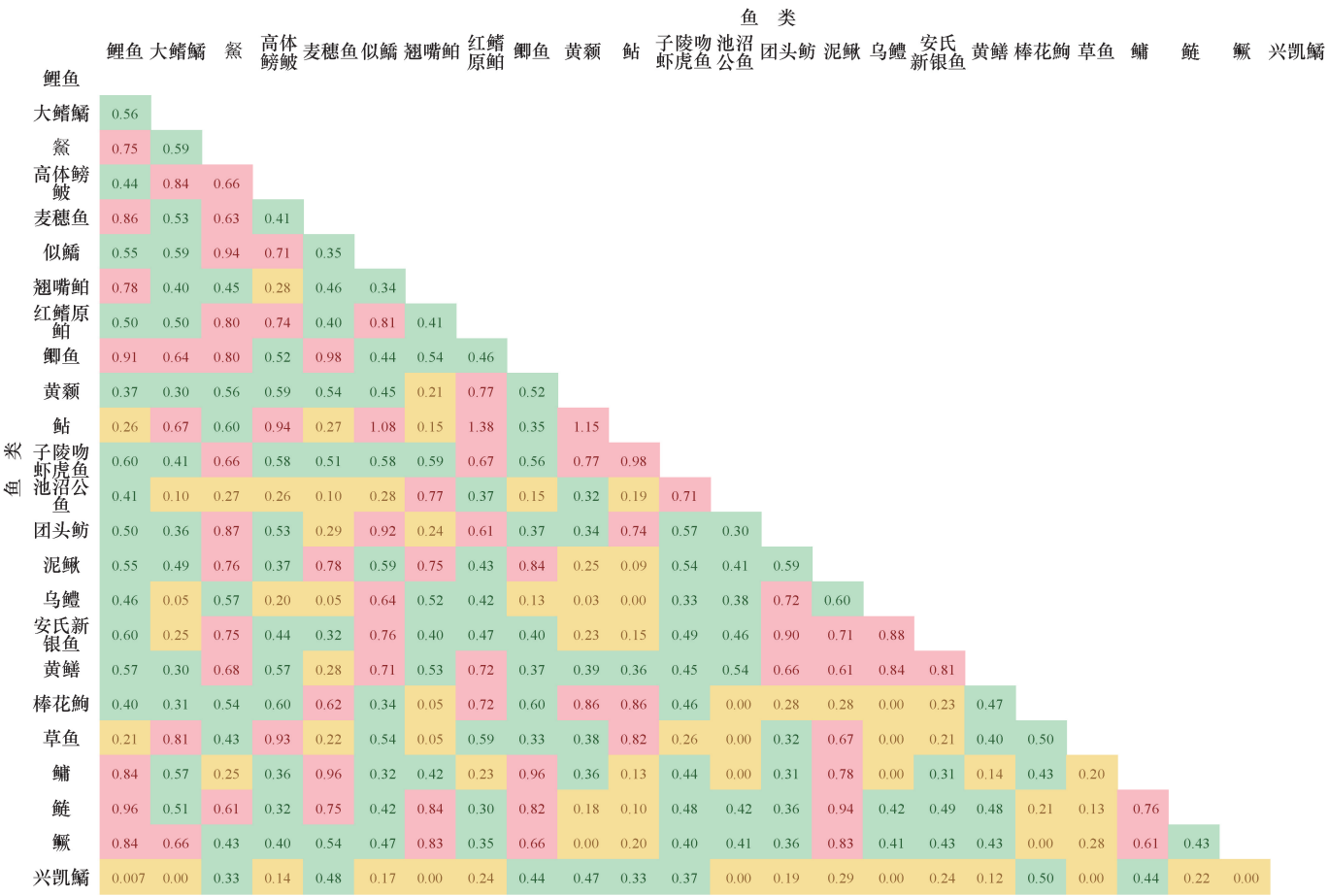


图 3 于桥水库鱼类生态位重叠

Fig. 3 Niche overlap of fish in Yuqiao Reservoir

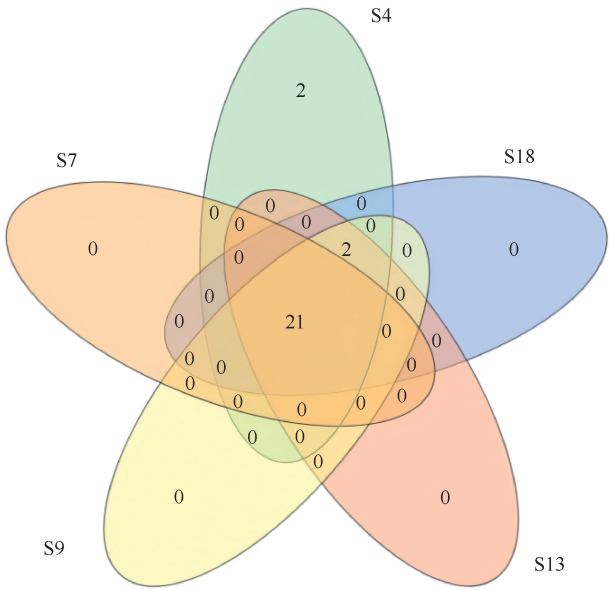


图 4 于桥水库各站位物种韦恩图

Fig. 4 Venn diagram of species at each sampling site in Yuqiao Reservoir

范围较小, 环境相对稳定单一, 资源种类分布有明显

的规律性和局限性, 水温、水质、水流、饵料等因素相对稳定, 优势种类无需面对复杂多变的环境条件, 使鲤形目鱼类形成明显的生存优势^[31]。此外, 水库生态系统结构和组成相对简单, 对鱼类生态位宽度产生限制^[32], 如水库中的水生植物、浮游生物、底栖生物等初级生产者的分布与种类相对固定, 限制了鱼类食物的选择范围, 同时水库空间结构相对有限, 不同生境过渡区域狭小, 不利于广生态位种类的生存和繁衍^[33]。

生态位重叠方面, 鲤形目各科间较其他目间重叠值较大, 库区水生态环境和鱼类生态类型联系紧密, 鲤形目鱼类一般生活在水体中上层、中下层和底层且喜欢光线较弱水流较缓的区域, 导致它们在水库栖息空间较大、分布均匀; 另外, 鲤形目鱼类与其他鱼类相比, 食性较广, 如以杂食性为主的鲤鱼、滤食性为主的似鳊或草食性为主的草鱼及肉食性为主的翘嘴鲌等, 鲤形目鱼类对环境适应能力和资源利用较其他鱼类强, 因此其他目鱼类的生态位重叠值与鲤形目各科鱼类间相比较小^[34], 生态位

表 3 eDNA 宏条形码注释于桥水库鱼类物种组成

Table 3 Composition of fish species annotated by eDNA metabarcoding in Yuqiao Reservoir									
目	科	种	S4	S7	S9	S13	S18	栖息类型	形态鉴定
		鳙	+	+	+	+	+	中上层	+
鲤形目	鲤 科	鲢	+	+	+	+	+	中上层	+
		平口鲃	+	+	+	+	+	中下层	
		鲤	+	+	+	+	+	底 栖	+
		兴凯鲮	+	+	+	+	+	中上层	+
		团头鲂	+	+	+	+	+	中下层	+
		兴凯刺鲃	+	+	+	+	+	中上层	
		麦穗鱼	+	+	+	+	+	中下层	+
		白条鱼	+	+	+	+	+	中上层	+
		鲮	+	+	+	+	+	中上层	+
		纹唇鱼	+	+	+	+	+	底 栖	
		红鳍鲌	+	+	+	+	+	中上层	
		海南似鲮	+	+	+	+	+	底 栖	
		银 鲫	+	+	+	+	+	中上层	
	鳅 科	北方须鳅	+	+	+	+	+	底 栖	
鲇形目	鲇 科	黄颡鱼	+	+	+	+	+	底 栖	+
鲈形目	虾虎鱼科	真吻虾虎鱼	+	+	+	+	+	底 栖	
		溪吻虾虎鱼	+					底 栖	
	鳢 科	斑 鳢	+	+	+	+	+	底 栖	
		塘鳢科	尖头塘鳢	+	+	+	+	底 栖	
	棘臀鱼科	蓝鳃太阳鱼	+		+	+	+	中上层	
		尼罗罗非鱼	+		+	+	+	中下层	
	慈鲷科	齐氏罗非鱼	+	+	+	+	+	中上层	
鲑形目	银鱼科	大银鱼	+	+	+	+	+	中上层	
合鳃鱼目	合鳃科	黄 鳊	+					底 栖	+
		总 计	25	21	23	23	23		

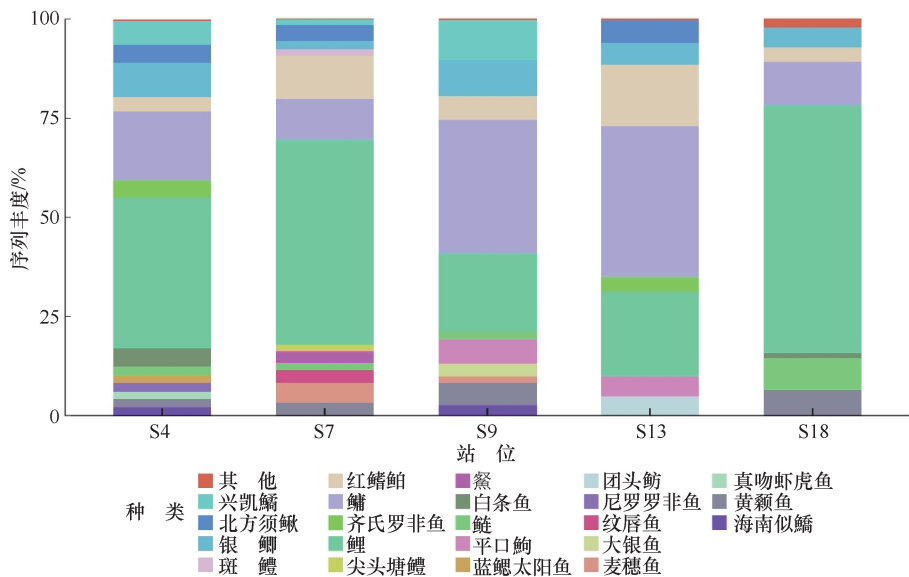


图 5 各站位鱼类物种相对序列丰度

Fig. 5 Relative sequence abundance of fish species at each sampling site

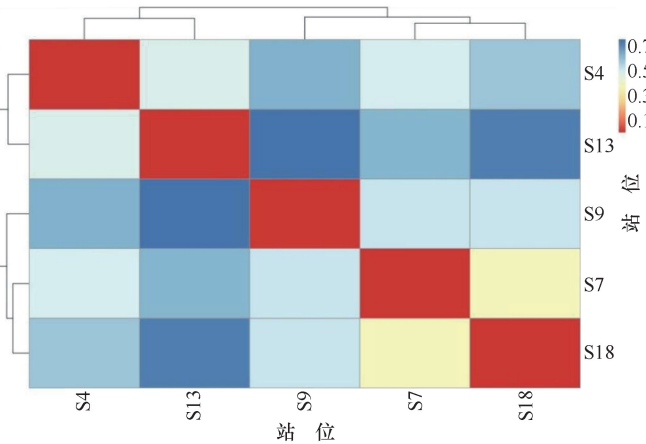
分化程度较低。例如，生态位重叠值较高的麦穗鱼-鲫(0.98)，两者均为杂食性、中下层活动的鲤科鱼类，食性和栖息类型高度相似，表明它们可能存在对相似饵料资源的竞争。而对于重叠值中等的种

对鱼类，如鲮-鲇(0.60)，虽然指数显示有一定重叠，但鲮为杂食性中上层鱼类，鲇为肉食性中下层鱼类，其竞争可能主要体现在空间而非饵料资源上。

表 4 于桥水库各站位 α 多样性指数

Table 4 α-diversity indices at each sampling site in Yuqiao Reservoir

多样性指数	S4	S7	S9	S13	S18
<i>Chao1</i>	41.000 00	34.143	35.500 0	30.000 0	32.250 0
<i>Shannon</i>	2.236 40	1.775 30	2.023 30	1.829 70	1.399 40
<i>Simpson</i>	0.819 10	0.699 77	0.817 71	0.784 56	0.590 12
<i>Pielou</i>	0.610 45	0.503 44	0.573 77	0.568 41	0.403 77
<i>Goods coverage</i>	0.999 93	0.999 98	0.999 98	0.999 81	0.999 99



注：数字越接近 0 表示相似度越高，越接近 0.7 表示相似度越低

图 6 Bray-Curtis 距离热图

Fig. 6 Heatmap of Bray-Curtis distance

3.2 基于 eDNA 技术的于桥水库鱼类种类组成及群落结构多样性

本研究中，eDNA 宏条形码检测注释出鱼类 25 种，隶属于 5 目 11 科 18 属，主要以鲤科鱼类为主，不仅包含鲤、鳊、鲢、团头鲂等 7 种捕捞种类，还注释出兴凯刺鲃、海南似鲃、溪吻虾虎鱼、斑鳢和大银鱼等。综合近年调查结果，于桥水库鱼类可能有 40 种（见表 5），2016—2018 年、本次调查和 eDNA 技术共同鉴定出鳊、鲢、鲤、团头鲂、麦穗鱼和黄颡鱼，占总物种数 12.8%（见图 7），可见这几类鱼类为于桥水库重要种类，其中鲢、鳊、鲤和团头鲂也是水库重要放流种类。因为网具限制，很难采集到鳊、鲢等个体较大的鱼类，而 eDNA 技术能够克服捕捞网具、捕捞季节、鱼类个体大小及栖息类型的影响，更全面的评估渔业资源现状。

本研究中 S4 站位鱼类 eDNA 的 *Chao1* 指数、*Shannon* 指数、*Simpson* 指数、*Pielou* 指数均最高，表明该站位鱼类多样性、均匀度、群落丰富度最高。高锴等^[5]指出，S4 站位整体水质相对较好，TLI 均值最低为 51.38，为轻度富营养-中营养状态，浮游植物群落结构较好，且该站位是水库下游出口处，上游外源性营养盐汇入水库后被稀释，至下游出口处营养盐

浓度进一步降低，水质情况为轻度营养化^[35]，且出口处水流紊动^[5]，不易形成蓝藻水华^[36]，水生态环境相对良好，为鱼类提供良好的栖息环境。S7 和 S18 站位 eDNA 注释到共有鱼类 21 种（见表 3），其中麦穗鱼、鳊、鲢、黄颡等序列丰度较高，传统监测也鉴定到这些种类，两站位 Bray-Curtis 聚类距离较近，鱼类群落相似性较高，造成这种空间分布格局可能与两站位的环境因素相关。两站位均位于上游河流入库附近，受库周北岸沟渠污染物输入及淋河和果河水体影响较大，另外附近区域人口密度较高，人为活动较强，接纳周围地表径流^[37-39]，外源性营养物质进入水库后在沿岸附近蓄积，导致水生态环境状况较差，水生生态缓冲能力弱，从而影响鱼类分布。

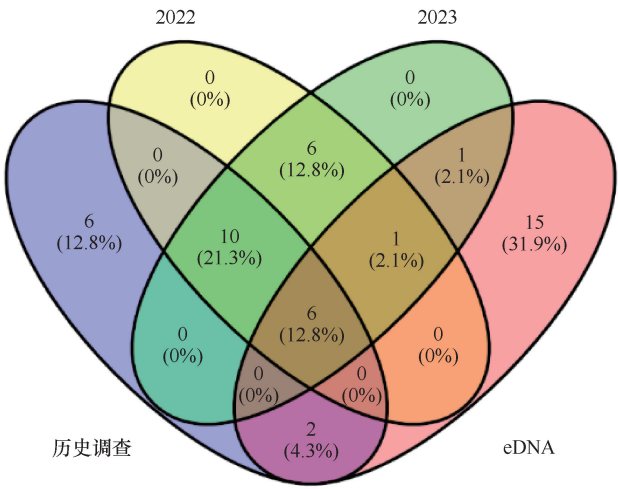


图 7 基于环境 DNA 宏条形码检测到的鱼类物种和历史调查结果的韦恩图

Fig. 7 Venn diagram of fish species detected based on environmental DNA metabarcoding and historical survey data

3.3 eDNA 技术在鱼类资源调查中的应用前景

eDNA 技术具有高效、灵敏、快捷、非侵入性等特点，对鱼类和生态环境的破坏较小，操作简单，不受环境条件的限制，尤其是针对传统调查方法难以捕捞和未捕捞到的种类仍有较高的检测率^[8]，对网捕结果有一定的补充作用，使用底拖网和 eDNA 技术，分别在辽河口鉴定 16 种和 37 种鱼类，其中共有种类

表 5 形态学鉴定与 eDNA 注释鱼类种类汇总
Table 5 Summary of fish species based on morphological identification and eDNA annotation

目	科	种 类	2016— 2018 年	捕 捞		eDNA
				2022 年	2023 年	
鲤形目	鲤科	鳊	+	+	+	+
		鲢	+	+	+	+
		棒花鲃	+	+	+	
		平口鲃				+
		草 鱼	+	+	+	
		鲤	+	+	+	+
		大鳍鱮		+	+	
		兴凯鱮			+	+
		团头鲂	+	+	+	+
		兴凯刺鲃				+
		高体鲃		+	+	
		中华鲃	+			
		麦穗鱼	+	+	+	+
		南方马口鱼	+			
		黄尾鲮	+			
		白条鱼	+			+
		鳊		+	+	+
		纹唇鱼				+
		翘嘴鲃	+	+	+	
		翘嘴红鲃	+			
	鳊科	红鳍原鲃		+	+	
		红鳍鲃				+
		似 鲃		+	+	
		海南似鲃				+
		鲫	+	+	+	
		银 鲫				+
鲇形目	鳊 科	泥 鳅	+	+	+	
	鲇 科	北方须鳅				+
		黄颡鱼	+	+	+	+
鲈形目	虾虎鱼科	子陵吻虾虎鱼		+	+	
		溪吻虾虎鱼				+
		波氏吻虾虎鱼	+			
		真吻虾虎鱼				+
	鳊 科	乌 鳊	+	+	+	
		斑 鳊				+
	塘鳢科	尖头塘鳢				+
	沙塘鳢科	小黄鲈鱼	+			
	真 鲈	鳊	+	+	+	
	棘臀鱼科	蓝鳃太阳鱼				+
鲢形目	慈鲷科	尼罗罗非鱼				+
		齐氏罗非鱼				+
	银鱼科	安氏新银鱼		+	+	
		大银鱼	+			+
	胡瓜鱼科	池沼公鱼	+	+	+	
合鳃鱼目	合鳃科	黄 鳊	+	+	+	+

13 种^[39]；在南海西部海域分别鉴定 32 种和 45 种鱼类，共有种类为 23 种^[40]。本研究中，eDNA 共鉴定鱼类 25 种，形态学鉴定种类为 24 种，两种方法鉴定共有鱼类 9 种，结合历史调查数据分析，于桥水库可

能有 40 种鱼类，eDNA 技术在一定程度上丰富了于桥水库鱼类资源数据。

本研究中，eDNA 技术还鉴定出包含尼罗罗非鱼、齐氏罗非鱼等入侵种类，该属鱼类在我国南方地区养殖较多，且在东西溪^[24]、锦江^[41]和长江流域重庆段^[42]等各类淡水水域中均有 DNA 检出；2022 年在密云水库也首次检测到 DNA 的存在^[1]，在我国北方两个大型水库中均检出罗非鱼 DNA 信息，然而在形态学调查中从未检测到，可能由于其上下游养殖或人类活动等造成个体逃逸，随河流进入库区^[43]，但种群密度极低，又因无法越冬，不能形成可捕捞的群体。形态学鉴定中偶有出现的草鱼，在 eDNA 未检出，可能由于近年来未投放草鱼，造成其在库区中生物量较低，eDNA 信号较弱。本研究中使用的两种网具对不同生态类型的鱼类有明显的捕捞偏好。三层刺网的网眼直径通常为 5~10 cm，主要针对中上层和中下层活动的中小型鱼类，例如鲤、鲫等，但对游泳能力强的鱼类捕获效率较低；地笼则更倾向于捕获底栖及游泳能力较弱的小型鱼类，如虾虎鱼、鳅类等。因此 eDNA 能有效弥补此类网具限制，尤其是在检测小型或稀有种类表现出明显优势。在崇明岛内河鱼类调查中，eDNA 技术也未监测到由传统方法捕获到的弹涂鱼、波氏吻虾虎鱼、蛇鲃等，但监测到大弹涂鱼、孔虾虎鱼、红鳃虾虎鱼等分类地位相近种类^[44]，上述差异除与网具有关外，可能与使用的引物及注释参考数据库的覆盖度有关，亦或是通用引物对近缘鱼类种属间区分有限、分辨率不高造成。此外，环境 DNA 时间和空间动态(如 DNA 在水体中持续时间、扩散距离)、采样偏差、目标物种的生物学特性(如 DNA 释放频率)以及 DNA 降解等因素也可能导致两种方法的结果不一致。因此，eDNA 技术并不能完全取代传统形态学鉴定，而更适合作为早期预警、补充性检测和快速筛查的重要手段，形态学鉴定仍然是物种确认的“金标准”，尤其是在个体生物学信息获取(如性腺发育、年龄等)、近缘物种区分等方面具有不可替代的作用。在未来研究中，eDNA 技术仍需优化引物设计、丰富数据库物种序列信息并及时更新数据库，以更全面调查物种资源，保护水生态环境。

4 结论与展望

本研究通过形态学鉴定和 eDNA 技术共同揭示了于桥水库鱼类多样性现状，证实两种方法在鱼类资源调查中具有明显的互补性，二者结合构建了更为完整的于桥水库鱼类多样性图谱。

鱼类群落结构是水生态系统健康的重要指示;明确鱼类种类组成和空间分布有助于制定更有针对性的水源地保护措施,如基于生态位信息优化放流种类和数量;鱼类多样性及关键物种(如滤食性的鲢鳙)的信息可用于评估和优化水库调度运行对水生态系统的影响,推动生态调度实践。

对未来发展的建议:(1)建立于桥水库本地化的鱼类 DNA 条形码参考数据库,提高 eDNA 物种注释的准确性;(2)开展长期、季节性的 eDNA 动态监测,结合水环境因子(营养盐、水温、水文情势等),更精准地评估鱼类群落对环境 and 人为干扰(包括水利调度)的响应;(3)进一步研究 eDNA 技术定量评估鱼类生物量的潜力,并将其应用于水库渔业资源管理和生态效应评估中。通过持续的技术融合与创新,将为饮用水源地水库的生态保护与可持续管理提供更强大的科技和数据支撑。

参考文献(References):

[1] 曲疆奇,郝桐锋,李永刚,等. 基于 eDNA 技术的密云水库鱼类群落结构及生态位变化分析[J]. 大连海洋大学学报, 2024, 39(2): 298-307.

QU J Q, HAO T F, LI Y G, et al. Analysis of fish community structure and ecological niche changes in Miyun Reservoir based on environmental DNA technology [J]. Journal of Dalian Fisheries University, 2024, 39(2): 298-307.

[2] 张闫涛. 鱼类组合放养对于桥水库前置库试验池塘生态系统的影响研究[D]. 大连: 大连海洋大学, 2024.

ZHANG Y T. Study on the Impact of Combined Fish Stocking on the Ecosystem of Experimental Ponds in the Forebay Reservoir of Qiao Reservoir[D]. Dalian: Dalian Ocean University, 2024.

[3] 程馨雨,陶捐,武瑞东,等. 淡水鱼类功能生态学研究进展[J]. 生态学报, 2019, 39(3): 810-822.

CHENG X Y, TAO J, WU R D, et al. Functional ecology of freshwater fish: Research progress and prospects[J]. Acta Ecologica Sinica, 2019, 39(3): 810-822.

[4] 张志华,张达娟,李泽利,等. 于桥水库 4 种经济鱼类肌肉营养成分分析与评价[J]. 饲料工业, 2024, 45(16): 92-98.

ZHANG Z H, ZHANG D J, LI Z L, et al. Nutritional compositions and evaluation of muscle of four species economic fish in Yuqiao Reservoir[J]. Feed Industry, 2024, 45(16): 92-98.

[5] 高锴,李泽利,赵兴华,等. 于桥水库浮游植物群落时空动态及影响因素分析[J]. 农业资源与环境学报, 2024, 41(1): 125-137.

GAO K, LI Z L, ZHAO X H, et al. Spatiotemporal dynamics of and influencing factors on the phytoplankton community in the Yuqiao Reservoir[J]. Journal of Agricultural Resources and Environment, 2024, 41(1): 125-137.

[6] 韩桢鐸,张德珠,梁素秀,等. 天津市于桥水库的鱼类区系及其

资源合理利用的探讨[J]. 水产科技情报, 1983, 10(1): 10-12.

HAN Z E, ZHANG D Z, LIANG S X, et al. Exploration of fish fauna and rational utilization of resources in Yuqiao Reservoir, Tianjin[J]. Aquatic Science and Technology Information, 1983, 10(1): 10-12.

[7] 吴会民,姜巨峰,孟一耕,等. 于桥水库鱼类种类组成及其多样性[J]. 水产学杂志, 2021, 34(3): 61-65.

WU H M, JIANG J F, MENG Y G, et al. Species composition and diversity of fishes in Yuqiao Reservoir in Tianjin[J]. Chinese Journal of Fisheries, 2021, 34(3): 61-65.

[8] 刘燕山,孙晶莹,朱明胜,等. 基于 eDNA 技术的太湖鱼类多样性调查[J]. 生态毒理学报, 2023, 18(6): 16-26.

LIU Y S, SUN J Y, ZHU M S, et al. Investigation of fish diversity in Lake Taihu based on eDNA metabarcoding [J]. Asian Journal of Ecotoxicology, 2023, 18(6): 16-26.

[9] DEINER K, BIK H M, MÄCHLER E, et al. Environmental DNA metabarcoding: Transforming how we survey animal and plant communities[J]. Molecular Ecology, 2017, 26(21): 5872-5895.

[10] VALENTINI A, TABERLET P, MIAUD C, et al. Next-generation monitoring of aquatic biodiversity using environmental DNA metabarcoding[J]. Molecular Ecology, 2016, 25(4): 929-942.

[11] 李筱芹,吴开阳,倪达富,等. 基于环境 DNA 技术的梯级水坝对长江上游重要支流鱼类多样性的影响研究:以綦江为例[J]. 生态学报, 2024, 44(19): 8865-8883.

LI X Q, WU K Y, NI D F, et al. Impacts of cascade dams on the diversity of fish species in an important tributary of the upper reaches of Yangtze River based on environmental DNA technology: A case study of Qijiang River[J]. Acta Ecologica Sinica, 2024, 44(19): 8865-8883.

[12] 刁曹鋈,王闻,线薇薇,等. 环境 DNA 技术在渔业资源生物量评估中的研究进展:现状与展望[J]. 海洋科学, 2022, 46(2): 135-144.

DIAO C Y, WANG W, XIAN W W, et al. Role of the environmental DNA technology application in the biomass assessment of the fishery resource: Current status and future perspectives[J]. Marine Sciences, 2022, 46(2): 135-144.

[13] 房瑶瑶,汪清华,李贺鹏,等. 基于 eDNA 技术的浙江衢江流域鱼类多样性初探[J]. 中国环境监测, 2025, 41(5): 184-192.

FANG Y Y, WANG Q H, LI H P, et al. Preliminary investigation of fish diversity in the Qujiang River based on environmental DNA technology[J]. Environmental Monitoring in China, 2025, 41(5): 184-192.

[14] 徐念,常剑波. 长江中下游干流环境 DNA 样本鱼类物种检测的初步研究[J]. 水生态学杂志, 2016, 37(5): 49-55.

XU N, CHANG J B. Preliminary study on fish species detection in the middle and Lower Yangtze River using environmental DNA[J]. Journal of Hydroecology, 2016, 37(5): 49-55.

[15] 沈子伟,谢浪,刘寒文,等. eDNA 技术在河流—水库生境鱼类多样性评估中的应用:以重庆玉滩湖为例[J]. 湖泊科学, 2025, 37(4): 1096-1105.

SHEN Z W, XIE L, LIU H W, et al. The application of eDNA

technology in assessing fish diversity in river-reservoir habitats: A case study of Lake Yutan, Chongqing [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2025, 37(4): 1096-1105.

[16] 孟庆闻, 苏锦祥, 缪学祖. 鱼类分类学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1996.

MENG Q W, SU J X, MIAO X Z. *Systematics of Fishes* [M]. Beijing: China Agriculture Press, 1996.

[17] 谷德贤, 宁鹏飞, 王婷. 天津水域鱼类资源种类名录及原色图谱[M]. 北京: 海洋出版社, 2021.

GU D X, NING P F, WANG T. *List and Primary Color Atlas of Fish Resources in Tianjin Waters* [M]. Beijing: China Ocean Press, 2021.

[18] PINKAS L, OLIPHANT M S, IVERSON I L K. Food habits of albacore, bluefin tuna, and bonito in California waters[J]. *Calif Fish Game*, 1971, 152: 1-139.

[19] 衷英杰, 谭细畅, 吴志强, 等. 广西长洲水利枢纽上下游鱼类群落结构及其生态位分析[J]. *南方农业学报*, 2024, 55(10): 3160-3168.

ZHONG Y J, TAN X C, WU Z Q, et al. Analysis of fish community structure and elological niche in upstream and downstream of Changzhou Dam in Guangxi [J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2024, 55(10): 3160-3168.

[20] 周轩, 洪波, 张玉平. 杭州湾东北部鱼类群落优势种时空生态位分析[J]. *大连海洋大学学报*, 2023, 38(5): 848-856.

ZHOU X, HONG B, ZHANG Y P. Spatio-temporal ecological niche analysis of the dominant fishes in northeast Hangzhou Bay [J]. *Journal of Dalian Ocean University*, 2023, 38(5): 848-856.

[21] LI Y W, TANG M Z, LU S X, et al. A comparative evaluation of eDNA metabarcoding primers in fish community monitoring in the east lake[J]. *Water*, 2024, 16(5): 631.

[22] MIYA M, SATO Y, FUKUNAGA T, et al. MiFish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental DNA from fishes: Detection of more than 230 subtropical marine species [J]. *Royal Society Open Science*, 2015, 2(7): 150088.

[23] MIYA M, GOTOH R O, SADO T. MiFish metabarcoding: A high-throughput approach for simultaneous detection of multiple fish species from environmental DNA and other samples [J]. *Fisheries Science*, 2020, 86(6): 939-970.

[24] 刘瑜, 甄卓, 文策, 等. 基于环境 DNA 宏条形码的东西溪鱼类物种多样性分析[J]. *环境工程技术学报*, 2025, 15(6): 1918-1927.

LIU Y, ZHEN Z, WEN C, et al. Analysis of fish species diversity in Dongxixi watershed based on environmental DNA metabarcoding[J]. *Journal of Environmental Engineering Technology*, 2025, 15(6): 1918-1927.

[25] HE Y W, ZHAO X F, SHI C X, et al. Fish community monitoring in floodplain lakes: EDNA metabarcoding and traditional sampling revealed inconsistent fish community composition [J]. *Ecological Indicators*, 2024, 166: 112467.

[26] LI L R, ZHANG S Y, WANG Z H. eDNA technology reveals fish species diversity and ecological corridor function in large raft mussel aquaculture area in the East China Sea [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2024, 209: 117171.

[27] SHEN Y J, ZHOU X X, ZHANG Y F, et al. Important fish diversity maintenance status of the tributaries in a hotspot fish conservation area in the Upper Yangtze River revealed by eDNA metabarcoding [J]. *Scientific Reports*, 2024, 14: 24128.

[28] HOSOKAWA S, MOMOTA K, CHARITON A A, et al. The use of diversity indices for local assessment of marine sediment quality [J]. *Scientific Reports*, 2021, 11: 14991.

[29] 李杰钦, 王德良, 丁德明. 洞庭湖鱼类资源研究进展[J]. *安徽农业科学*, 2013, 41(9): 3898-3900.

LI J Q, WANG D L, DING D M. Research progress of fish resources in Dongting Lake [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2013, 41(9): 3898-3900.

[30] 肖集泓, 熊宽洪, 陈越琳, 等. 福建琅岐岛台湾相思群落灌木层主要物种生态位与种间联结[J]. *热带亚热带植物学报*, 2023, 31(6): 805-815.

XIAO J H, XIONG K H, CHEN Y L, et al. Niche and interspecific association of main species in shrub layer of acacia confusa community in Langqi Island, Fujian Province [J]. *Journal of Tropical and Subtropical Botany*, 2023, 31(6): 805-815.

[31] 陈硕. 基于群体智能的寒地大学校园品质提升设计研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2020.

CHEN S. *A Study on Design for Improving the Quality of University Campuses in Cold Regions Based on Swarm Intelligence* [D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2020.

[32] 田永军, 刘纯琳, 赵玉毅, 等. 气候变化背景下南极渔业资源的保护与可持续利用[J]. *中国海洋大学学报(自然科学版)*, 2024, 54(10): 29-50.

TIAN Y J, LIU C L, ZHAO Y Y, et al. Conservation and sustainable exploitation of Antarctic fishery resources under climate change [J]. *Periodical of Ocean University of China*, 2024, 54(10): 29-50.

[33] 马月伟, 陈玉美, 张盛蓝, 等. 夹金山脉大熊猫栖息地生境质量与人类活动强度耦合协调研究[J]. *生态环境学报*, 2025, 34(2): 197-208.

MA Y W, CHEN Y M, ZHANG S L, et al. Coupling and coordination of habitat quality and human activity intensity in Jiajin Mountains giant panda sanctuary [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2025, 34(2): 197-208.

[34] 赵哲旻. 新时代背景下的城市湿地公园规划[D]. 长沙: 中南林业科技大学, 2018.

ZHAO Z M. *Urban Wetland Park Planning in the New Era* [D]. Changsha: Central South University of Forestry & Technology, 2018.

[35] 江雪, 文帅龙, 姚书春, 等. 天津于桥水库沉积物磷赋存特征及其环境意义[J]. *湖泊科学*, 2018, 30(3): 628-639.

JIANG X, WEN S L, YAO S C, et al. Environmental significance of phosphorus existing forms in the sediments of Yuqiao Reservoir in Tianjin [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2018, 30(3): 628-639.

[36] 岳昂, 耿运峰, 刘红磊, 等. 基于 Landsat 8 影像的于桥水库藻华

- 分布反演及其影响因素分析[J]. 安全与环境学报, 2019, 19(4): 1448-1455.
- YUE A, JI Y F, LIU H L, et al. Historical regional distribution specialties of algal bloom extraction from Yuqiao Reservoir *via* Landsat 8 and its driving factors[J]. Journal of Safety and Environment, 2019, 19(4): 1448-1455.
- [37] 么男. 于桥水库水环境保护工作初探[J]. 水利技术监督, 2020(1): 133-135.
- YAO N. Preliminary study on water environment protection of Yuqiao reservoir[J]. Technical Supervision in Water Resources, 2020(1): 133-135.
- [38] 王娟娟, 张素青, 王宝峰, 等. 基于主成分分析法在于桥水库水质评价中的应用[J]. 天津农林科技, 2023(2): 1-3.
- WANG J J, ZHANG S Q, WANG B F, et al. Principal component analysis of water quality in Yuqiao Reservoir[J]. Science and Technology of Tianjin Agriculture and Forestry, 2023(2): 1-3.
- [39] 王小林, 闫龙, 吉光, 等. 环境 DNA 宏条形码技术与底拖网采样相结合的辽河口鱼类多样性调查与评价[J]. 大连海洋大学学报, 2025, 40(2): 298-307.
- WANG X L, YAN L, JI G, et al. Fish biodiversity survey and assessment in the Estuary of Liaohe River with the environmental DNA metabarcoding technology and bottom trawl sampling method[J]. Journal Of Dalian Ocean University, 2025, 40(2): 298-307.
- [40] 言柯程, 李建超, 田永军, 等. 基于环境 DNA metabarcoding 和底拖网调查的南黄海西部鱼类多样性比较[J]. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2023, 53(5): 71-81.
- YAN K C, LI J C, TIAN Y J, et al. Comparison of fish biodiversity in western south Yellow Sea based on environmental DNA metabarcoding and trawl survey[J]. Periodical of Ocean University of China, 2023, 53(5): 71-81.
- [41] 李斯惠, 邓维德, 邹璐, 等. 基于环境 DNA 宏条形码的锦江鱼类群落季节性研究[J]. 水产科学, 2025, 44(5): 695-706.
- LI S H, DENG W D, ZOU L, et al. Seasonal changes in fish community in Jinjiang River based on environmental DNA metabarcoding[J]. Fisheries Science, 2025, 44(5): 695-706.
- [42] 张玉凤, 周鑫鑫, 李清华, 等. 基于 eDNA 的长江流域重庆段鱼类多样性空间格局[J]. 水产学报, 2025, 49(6): 101-116.
- ZHANG Y F, ZHOU X X, LI Q H, et al. Spatial patterns of fish diversity in the Chongqing section of the Yangtze River Basin based on eDNA[J]. Journal of Fisheries of China, 2025, 49(6): 101-116.
- [43] 凌岚馨, 范共, 胡云, 等. 环境 DNA 技术与传统捕捞揭示崇明岛内河鱼类多样性[J]. 上海海洋大学学报, 2022, 31(6): 1434-1444.
- LING L X, FAN G, HU Y, et al. Integrating environmental DNA technology and traditional fish survey to reveal the diversity of fishes in the rivers on the Chongming Island[J]. Journal of Shanghai Ocean University, 2022, 31(6): 1434-1444.
- [44] 张靖雯, 毛致伟, 杨江华, 等. 环境 DNA 技术在两栖动物监测中的研究与应用进展[J]. 湖泊科学, 2025, 37(4): 1162-1174.
- ZHANG J W, MAO Z W, YANG J H, et al. Research and application progress of environmental DNA technology in amphibian monitoring[J]. Journal of Lake Sciences, 2025, 37(4): 1162-1174.

(责任编辑 王海锋)