

DOI: 10.5846/stxb202208222405

郭宁宁, 沈梅, 肖能文, 高晓奇, 郭晓晨, 李俊生. 基于环境 DNA 技术的赤水河秋季鱼类多样性分布特征. 生态学报, 2023, 43(4): 1676-1690.

Guo N N, Shen M, Xiao N W, Gao X Q, Guo X C, Li J S. Distribution characteristics of autumn fish diversity in Chishui River based on environmental DNA metabarcoding technology. Acta Ecologica Sinica, 2023, 43(4): 1676-1690.

基于环境 DNA 技术的赤水河秋季鱼类多样性分布特征

郭宁宁¹, 沈梅¹, 肖能文^{1,*}, 高晓奇¹, 郭晓晨², 李俊生¹

¹ 中国环境科学研究院国家环境保护区域生态过程与功能评估重点实验室, 北京 100012

² 山西农业大学林学院, 晋中 030801

摘要: 赤水河是长江上游少有的仍保持自然流态的大型一级支流, 是长江鱼类重要的繁衍场和珍稀物种的保护地, 摸清其鱼类多样性现状及鱼类群落结构特征对赤水河水生态恢复评估极为重要。于 2021 年 9 月对赤水河流域开展了鱼类多样性、分布及其特征调查, 全流域共设置 52 个采样点, 采用环境 DNA 技术采集并研究了赤水河鱼类的组成及其分布。结果显示通过环境 DNA 方法共调查到鱼类 6 目 18 科 62 属 77 种, 包含 16 种长江特有鱼类。以鲤形目为主, 占总数的 87.87%。赤水河鱼类食性以杂食性和肉食性鱼类为主, 群落结构上, 处于下层水环境鱼类较多; 赤水河鱼类优势种为宽鳍鱲 ($Y=0.205$)、西昌华吸鳅 ($Y=0.085$)、麦穗鱼 ($Y=0.068$)、乌苏拟鲮 ($Y=0.033$)、云南光唇鱼 ($Y=0.027$); 赤水河上游和下游鱼类群落 ($P<0.01$) 和 Shannon-Wiener 指数差异均显著 ($P<0.05$)。海拔、流速、pH、电导率和温度是影响赤水河鱼类多样性的主要环境因素。为环境 DNA 技术在赤水河鱼类多样性调查中的应用提供了探索性研究, 将有助于赤水河生物多样性的保护。

关键词: eDNA; 鱼类多样性; 赤水河; 生物多样性保护

Distribution characteristics of autumn fish diversity in Chishui River based on environmental DNA metabarcoding technology

GUO Ningning¹, SHEN Mei¹, XIAO Nengwen^{1,*}, GAO Xiaoqi¹, GUO Xiaochen², LI Junsheng¹

¹ State Environmental Protection Key Laboratory of Regional Eco-Process and Function Assessment, Chinese Research Academy of Environmental Sciences, Beijing 100012, China

² College of Forestry, Shanxi Agricultural University, Jinzhong 030801, China

Abstract: Chishui River, one of the first-level tributaries in the Yangtze River upstream, still maintain natural flow state and is an important breeding and protecting area for rare fish species. It is essential to understand the current status of diversity and community structure characteristics of fishes in the Chishui River for aquatic diversity conservation and ecological restoration. This study sampled 52 sites in the Chishui River in September 2021. Fish diversity was surveyed using environmental DNA metabarcoding (eDNA), with 12S rDNA Miseq high-throughput sequencing. The Shannon-Wiener index, Pielou index, and Simpson index of the upper, middle and lower reaches of the Chishui River were calculated. The dominant species of the fish community were determined by calculating occurrence frequency (f_i) and dominance index (Y). Community diversity and species distribution characteristics were computed by Non-metric Multidimensional Scaling (NMDS) analysis, Adonis Permutation Multivariate Analysis of Variance (PerMANOVA) and analysis of Similarity (ANOSIM). A total of 77 fish species was found in the Chishui River, belonging to 6 orders, 18 families and 62 genera, among which 16 fish species endemic to the Yangtze River. Cypriniformes was the primary order, accounting for 87.87%. The mainly feeding habits were omnivorous and carnivorous in the Chishui River. In terms of

基金项目: 科技部重点研发计划项目 (2016YFC0500206-1); 生物多样性调查评估项目 (2019HJ2096001006)

收稿日期: 2022-08-22; **采用日期:** 2022-12-05

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: xiaonw@163.com

community structure, more fish was found in the lower water environment. *Zacco platypus*, *Sinogastromyzon sichangensis*, *Pseudorasbora parva*, *Pseudobagrus ussuriensis* and *Acrossocheilus yunnanensis* were the dominant species in the Chishui River. The Shannon index showed significant differences between the upstream and downstream of the Chishui River ($P < 0.05$). The fish community structure was also significantly different between the upstream and downstream communities ($P < 0.01$). The number of fish species increased from upstream to downstream of the Chishui River. Altitude, velocity, pH, conductivity and temperature were main environmental factors in affecting fish diversity in the Chishui River. This study provides an exploratory assessment for applying eDNA technology to investigate fish diversity in the Chishui River, which will contribute to aquatic biodiversity conservation in river ecosystems.

Key Words: eDNA metabarcoding; fish diversity; Chishui River; biodiversity conservation

淡水生态系统是陆地生态系统重要组成之一^[1],淡水鱼类作为淡水生态系统的重要组成部分^[2-3],正面临日趋严重的气候变化、栖息地丧失、生物入侵、过度捕捞、大坝建设、水污染和外来物种入侵的威胁^[4-5]。长江作为中国第一长河,全长 6300 km,流域面积达 180 万 km²,共有鱼类 416 种,其中 178 种为该流域特有种^[6],仅上游就分布鱼类 286 种,124 种为特有种^[7]。赤水河是长江上游的主要支流之一,发源于云南镇雄县,于四川合江县汇入长江宜宾段,全长 436.5 km,流域面积 21010 km²^[8],主要由干流及二道河、观音寺河、桐梓河、古蔺河、大同河、习水河 6 条支流组成。目前为止赤水河干流和主要支流已无水坝,其他人类活动干扰强度也相对减少,故赤水河目前处于高度接近自然河流的状态,且其流程长、水文节律自然,为特有和珍稀鱼类的产卵繁殖提供了良好的环境条件,极具保护价值。

传统调查采用网捕、诱捕和电捕鱼类的方法可能对物种产生损伤,并且还需具备专业分类知识^[9]。环境 DNA 技术(Environment DNA, eDNA 即从环境样本中获取 DNA,对其进行保存、提取、扩增、测序和分类,从而确定目标生物在研究区分布的方法^[10-12])。该概念由 Rondon 等^[13]于 2000 年提出,并最先应用于土壤微生物学研究。与传统调查方法相比,eDNA 技术具有无损伤、灵敏高效、覆盖面积大的特点,也不需要专门的设备或特定的观察时间也能调查出那些体积小、数量少的物种^[14]。多个研究表明 eDNA 调查的结果检出率都高于传统调查方法^[11,15-16],并且已经广泛应用于生物多样性、濒危物种、外来入侵物种调查等方面研究^[17-19]。

赤水河鱼类研究始于 20 世纪 80 年代,现有研究表明赤水河流域分布有土著鱼类 143 种,其中长江上游特有种 36 种,外来种 14 种^[20]。近年有关赤水河鱼类的研究成果较为丰富,包括早期资源现状^[21]、鱼类生物基础形态学研究^[22]、资源量估算^[7,23]、功能及分类多样性^[23-24]、种类组成及分布格局以及年际变化等^[8,25],而有关赤水河秋季鱼类的纵向分布特征的研究较少。赤水河流域正处于禁渔期,采用传统调查法可能对鱼类产生一定程度的损伤,为尽量降低对鱼类自然恢复的人为干扰强度,本研究采用环境 DNA 技术进行取样调查,以期在不影响鱼类自然繁殖的情况下获得赤水河秋季鱼类的分布及物种组成,为探索禁渔政策下更适应禁渔区域的鱼类调查方法开展先期研究。

1 材料与方法

1.1 调查区域与时间

赤水河流域地处云贵高原和四川盆地接壤地带,地形地貌及土壤类型多样,特殊的地理环境形成了多样的植被类型,生物多样性较丰富^[26]。本次调查于 2021 年 9 月 14 日—28 日进行,调查区域位于 104°54′—106°32′E,27°33′—28°48′N,海拔 179—1433 m,根据赤水河流域地理特征及鱼类区系组成特征,以可达性和最大化覆盖不同生境为原则共布设 52 个采样点。其中,上游设置 14 点,中游设置 20 点,下游设置 18 点。区域内各采样点位置见图 1 所示。

1.2 样品及环境因子采集与处理

记录每个采样点的位置信息,使用深棕色广口瓶取 1 L 表层水,重复取三瓶平行水样,广口瓶使用前经酒

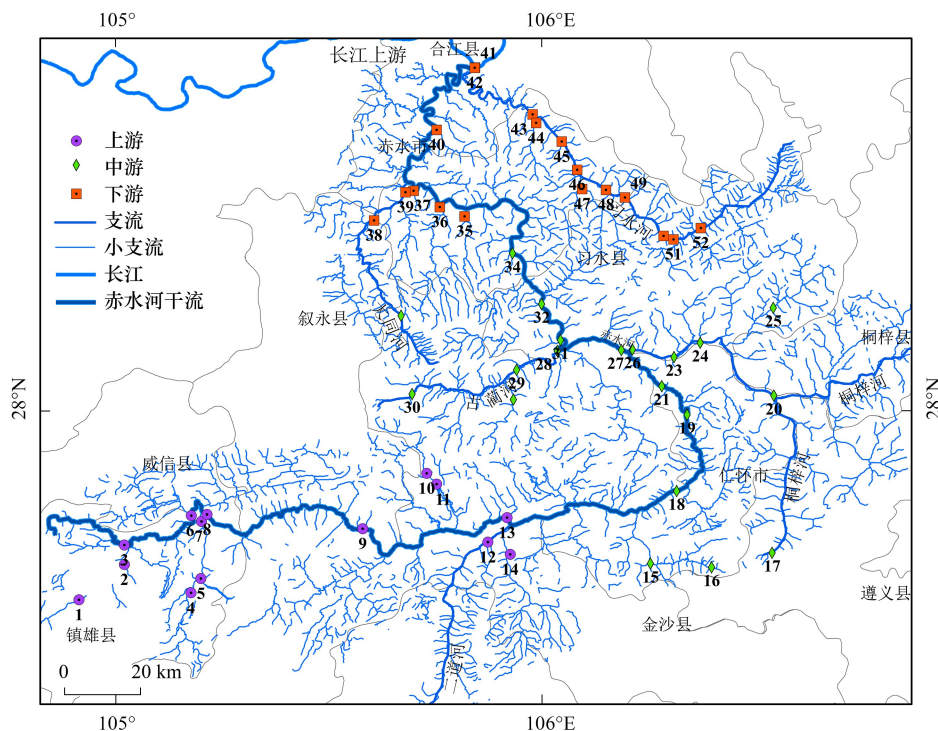


图 1 赤水河鱼类采样分布图

Fig.1 The map of fish sampling sections in the Chishui River

图中数字代表样点编号,1—14 为上游样点,15—34 为中游样点,35—52 为下游样点

精消毒晾干,且取样前用水样润洗,将水样密封放入 4℃ 冰箱内^[27]。水样在 12 h 内使用真空泵抽滤套装抽滤到孔径为 0.22 μm 的聚乙烯滤膜上,每个样点过滤完成后,使用 10% 的次氯酸钠消毒液对实验仪器(镊子、砂芯滤头、砂芯瓶、过滤杯等)消毒处理,防止交叉污染,在每份样品抽滤后均设置 1 份纯净水作为阴性对照。使用镊子将滤膜折叠放入 2 mL 离心管内密封,放入 -20℃ 车载冰箱内避光保存,直至提取。

采样过程中使用 GPS 测量海拔,使用手持式电波流速仪(ZM-SVR)测量流速,使用红外测距仪测量河宽,使用便携式叶绿素传感器(绥净)记录水中叶绿素 a 浓度,使用多参数水质测定仪(HANNA-HI9828)测量溶解氧(DO)、pH、电导率(EC)和水温。

1.3 水样 DNA 提取

本研究使用 Qiagen 的 DNeasy Blood & Tissue Kit 试剂盒提取样品 DNA。因为水体中鱼类 DNA 含量少、浓度低,本研究调整了洗脱循环次数,由 2 次洗脱增加为 4 次洗脱,来提高 DNA 提取的浓度。

1.4 PCR 扩增及高通量测序

本研究利用 Qubit3.0 DNA 检测试剂盒对基因组 DNA 精确定量,PCR 针对线粒体基因 12S 片段使用 Mifish-U 引物:F:GTCGGTAAACTCGTGCCAGC,R:CATAGTGGGGTAT

CTAATCCCAGTTTG 进行扩增。PCR 反应体系如下:15 μL 2×Hieff® Robust PCR Master Mix,1 μL Bar-PCR 上游引物,1 μL 下游引物,10—20 ng 模板引物,9—12 μL H₂O,总体积共 30 μL,加入 Illumina 桥式 PCR 兼容引物。PCR 反应条件:预变性 94℃ 3 min,变性 94℃ 30 s,退火 45℃ 20 s,延伸 65℃ 30 s,持续 5 个循环,变性 94℃ 20 s,退火 55℃ 20 s,延伸 72℃ 30 s,持续 27 个循环,终延伸 72℃ 5 min,于 10℃ 保存。使用 ddH₂O 为模板进行 PCR 阴性对照。进行 PCR 扩增时,每个样本进行 3 次重复,并将 PCR 产物混合^[28]。经 2% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物。PCR 产物经生工生物工程(上海)股份有限公司拼接,通过 Illumina NovaSeq 6000 测序平台进行高通量测序。

1.5 数据处理

1.5.1 eDNA 质控

得到所有样品的有效序列后对序列片段的质量进行质控,过滤掉长度小于 100 bp 的序列;再根据序列片段之间的重叠关系,将成对的片段拼接成一条序列;最后按照 barcode 和引物序列拆分得到每个样本的优质序列,并在过程中根据正反 barcode 和引物方向校正序列方向。

分类操作单元 (Operational taxonomic unit, OTU) 聚类按序列相似性 $\geq 99\%$ 进行 OTU 聚类分析,以 MitoFish (<http://mitofish.aori.u-tokyo.ac.jp/>) 和 NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 数据库为数据来源,检索并下载包含赤水河历史记录中的所有鱼类数据,建立定制数据库。为保证数据完整性,本文额外扩大了检索范围,与完整的 NCBI 数据库进行比对。经过比对、注释后得到相应的 OTU 及物种丰度表。比对到物种的序列数按均值处理。

本研究统计分析以 OTU 聚类结果为基础,进行物种组成分析。设置 OTU 数目阈值小于 10 的序列自动忽略,筛选出 identity 值 $\geq 99\%$, E-value $\leq 10^{-5}$ 的 OTU,再将比对至同一物种的 OTU 进行合并。若有 OTU 无法比对至种水平,则向上一级如属、科等进行统计^[29]。在 Excel 中统计各个样本每种鱼的有效序列数占比。

鱼类有效学名及分类地位参照《中国内陆鱼类物种与分布》^[30],鱼类物种食性与栖息水层参照《中国生物多样性红色名录 脊椎动物 淡水鱼类卷》^[31]《北京鱼类和两栖爬行动物志》^[32]《长江鱼类》^[33]《四川鱼类志》^[34]《贵州鱼类志》^[35]。

1.5.2 α 多样性

群落 α 多样性采用 Shannon-Wiener 多样性指数 (H)、Pielou 均匀度指数 (J)、丰富度指数和 Simpson 优势度指数 (D) 衡量。其中:

$$H = - \sum P_i \log_2 P_i \quad (1)$$

$$J = H' / \log_2 S \quad (2)$$

$$D = 1 - \sum P_i^2 \quad (3)$$

式中, P_i 为群落中第 i 种的个体数占总个体数的比例, S 为群落中的总物种数,用单因素方差分析 (one-way ANOVA) 解析赤水河上、中、下游间鱼类物种多样性的差异。

1.5.3 群落相异性分析

本研究基于 OTU 数目计算 Bray-Curtis 距离测度矩阵进行非度量多度分析 (Nonmetric multidimensional scaling, NMDS)、置换多变量方差分析 (Permutational multivariate analysis of variance, PerMANOVA)、相似性分析 (Analysis of similarities, ANOSIM), 探索不同组样本间的群落组成差异性 or 相似性。

1.5.4 鱼类优势种分析

鱼类群落优势种分析指标主要包括出现频率 (f_i) 和优势度指数 (Y)^[36]:

$$f_i = T_i / T \quad (4)$$

$$Y = \frac{n_i}{N} f_i \quad (5)$$

式中, T_i 为出现第 i 种鱼的样点数, T 为总样点数。当 $Y > 0.02$ 时, 定为优势种。

基于 Bray-Curtis 距离测度矩阵开展非度量多度分析 (NMDS)、Adonis 置换多变量方差分析 (PerMANOVA) 和相似性分析 (ANOSIM) 开展群落 β 多样性分析。所有计算均基于 R v2.5.6 分析, 其中非度量多度分析 (NMDS)、Adonis 置换多变量方差分析 (PerMANOVA)、相似性分析 (ANOSIM) 和多样性指数计算使用 vegan 包, 环境因素 Pearson 相关性分析使用 pacman 包, 多样性指数箱线图使用 amplicon 包。方差分析使用 Perim (v9.1.0) 软件。

2 结果与分析

2.1 鱼类物种组成

本研究共读取鱼类有效序列 96031 条,经鉴定共隶属于 6 目 18 科 62 属 77 种(附表 1)。从目水平看,鲤形目最多,占总数的 87.87%,含 5 科 45 属 53 种;其次是鲇形目 8.23%,第三位是鲈形目 3.44%。以科的组成来看,鲤科占比高达 71%,爬鳅科次之,占比 13.52%,鲮科第三位,占比 7.34%。

各样点物种出现频率显示,宽鳍鱮 *Zacco platypus*、西昌华吸鳅 *Sinogastromyzon sichangensis*、麦穗鱼 *Pseudorasbora parva*、尖头大吻鲿 *Rhynchocypris oxycephalus*、乌苏拟鲮 *Pseudobagrus ussuriensis*、云南光唇鱼 *Acrossocheilus yunnanensis* 出现频率高。

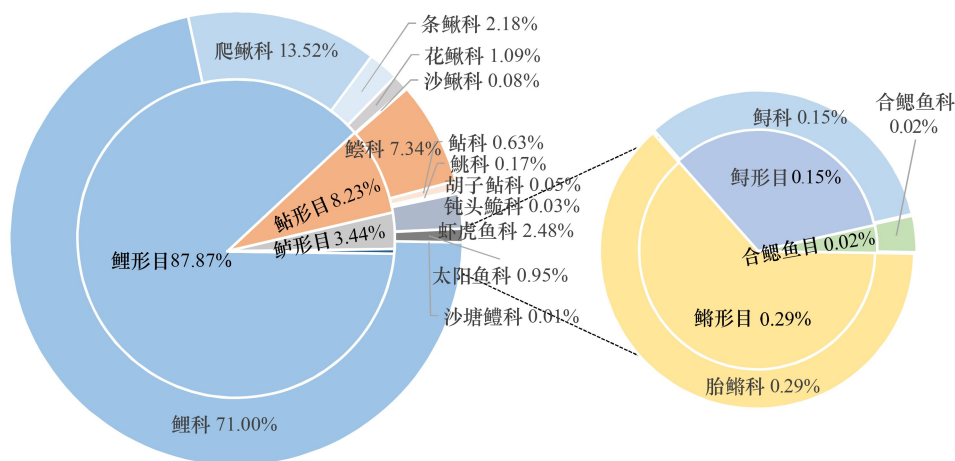


图 2 赤水河鱼类组成图

Fig.2 The composition of fish in the Chishui River

从所有样点优势度分析来看,优势种为宽鳍鱮 ($Y=0.201$)、西昌华吸鳅 ($Y=0.092$)、麦穗鱼 ($Y=0.065$)、乌苏拟鲮 ($Y=0.033$)、云南光唇鱼 ($Y=0.021$)。

上游鱼类物种中,优势种为宽鳍鱮 ($Y=0.321$)、西昌华吸鳅 ($Y=0.113$)、尖头大吻鲿 ($Y=0.045$)、齐口裂腹鱼 *Schizothorax prenanti* ($Y=0.032$);中游鱼类物种中,优势种为宽鳍鱮 ($Y=0.261$)、麦穗鱼 ($Y=0.087$)、西昌华吸鳅 ($Y=0.058$)、乌苏拟鲮 ($Y=0.028$)、云南光唇鱼 ($Y=0.023$);下游鱼类物种中,优势种为麦穗鱼 ($Y=0.102$)、西昌华吸鳅 ($Y=0.095$)、宽鳍鱮 ($Y=0.078$)、乌苏拟鲮 ($Y=0.076$)、云南光唇鱼 ($Y=0.057$)、中华倒刺鲃 *Spinibarbus sinensis* ($Y=0.036$)。

从食性组成来看,赤水河流域杂食性鱼类、肉食性鱼类是组成研究区鱼类群落的主体(附表 1)。杂食性鱼类共 34 种,占总数的 44%,肉食性鱼类共 26 种,占总数的 34%,草食性鱼类共 13 种,占总数的 16%,浮游食性鱼类共 2 种,占总数的 3%,底栖食性鱼类共 2 种,占总数的 3%。

水层分布结构上,下层鱼类占比优势明显,下层鱼类多达 42 种,占总数的 55%,中下层鱼类 10 种,占总数的 13%,中上层鱼类 9 种,占总数的 12%,中层鱼类 9 种,占总数的 12%,上层鱼类 7 种,占总数的 8%。

根据物种组成分析,上游鱼类共 38 种,隶属 2 目 14 科 33 属;中游鱼类共 45 种,隶属 5 目 10 科 36 属;下游鱼类共 54 种,隶属 7 目 15 科 45 属(图 3),在物种总数及目科组成上来看,均呈现由上游至下游渐次上升趋势。

其中,在上中下游均出现的鱼类共 17 种,分别为麦穗鱼、黄尾鲴 *Xenocypris davidi*、齐口裂腹鱼、宽鳍鱮、西昌华吸鳅、泥鳅 *Misgurnus anguillicaudatus*、鲫 *Carassius auratus*、草鱼 *Ctenopharyngodon idella*、短体副鳅 *Homatula potanini*、子陵吻虾虎鱼 *Rhinogobius giurinus*、片唇鲃 *Platysmacheilus exiguous*、乌苏拟鲮、高体鲫

Rhodeus ocellatus、中华鲮 *Rhodeus sinensis*、食蚊鱼 *Gambusia affinis*、宽口光唇鱼 *Acrossocheilus monticola*、半鲮 *Hemiculterella sauvagei*。

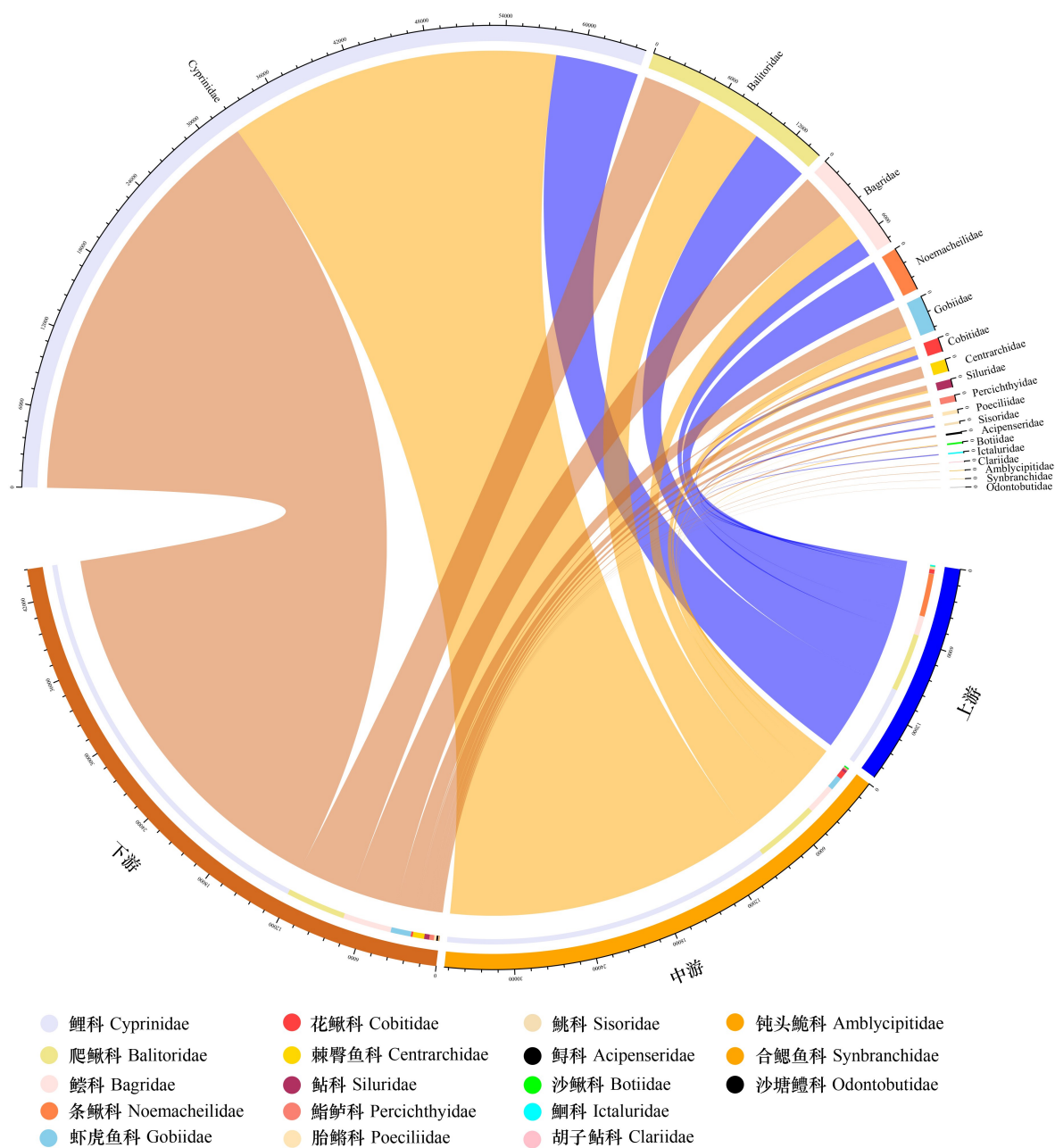


图 3 赤水河上中下游物种组成图

Fig.3 The species composition map of upper, middle and lower reaches of Chishui River

2.2 多样性分析

通过计算丰富度指数、Shannon-Wiener 多样性指数、Simpson 多样性指数、Pielou 均匀度指数对该流域鱼类群落进行 α 多样性分析。单因素方差分析显示,赤水河上游 Shannon-Wiener 多样性指数与下游差异显著 ($P < 0.05$),丰富度指数、Simpson 多样性指数及 Pielou 均匀度指数在上游、中游和下游间均无显著差异 ($P > 0.05$) (图 4)。

丰富度指数均值为 9.77,其中最高值为位于赤水河干流下游的第 39 号样点;Shannon-Wiener 多样性指数

均值为 2.4,以赤水河干流下游的第 39 号样点最高;Simpson 多样性指数均值为 0.72,最高值为位于赤水河干流下游的第 39 号样点;Pielou 均匀度指数均值为 0.77,以赤水河干流下游的第 40 号样点最高。

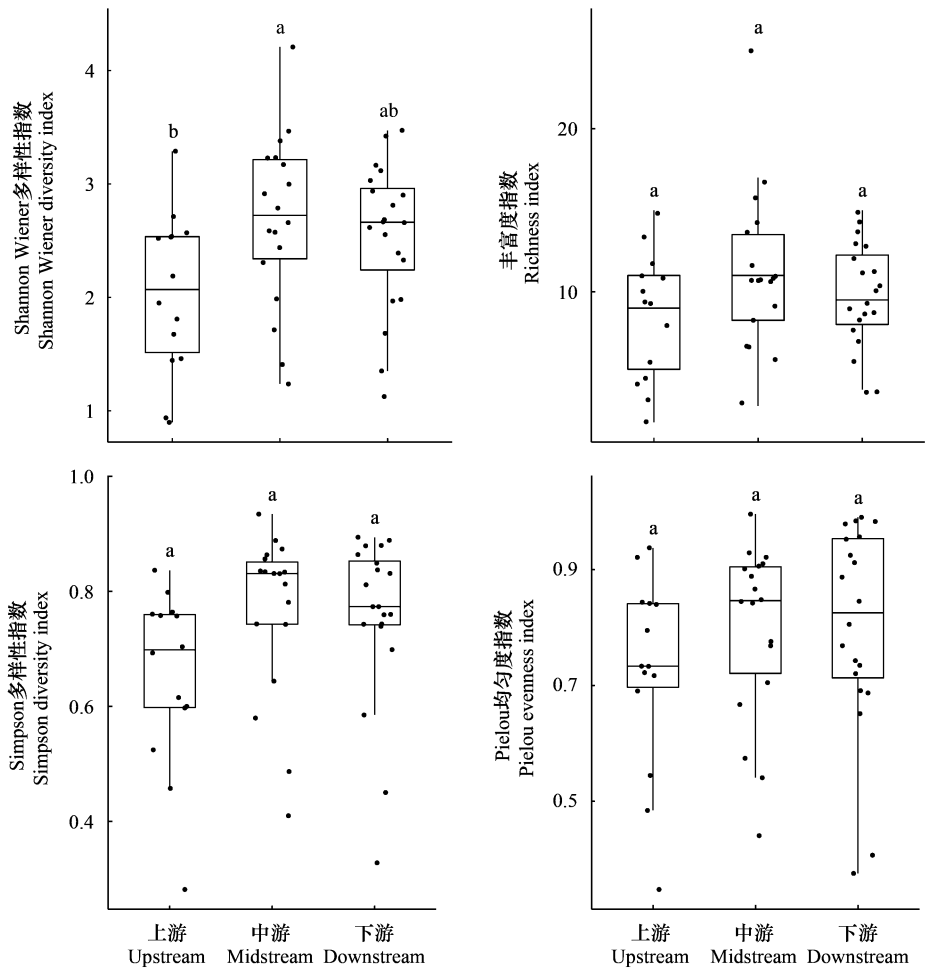


图 4 赤水河上中下游 α 多样性分析

Fig.4 Analysis of α diversity of upstream, midstream and downstream of the Chishui River

不同字母表示差异显著

2.3 流域群落相异性分析

ANOSIM 相似性分析显示,赤水河流域上、中、下游鱼类群落差异显著($P<0.05$), R 值为 0.097,说明上中下游组间差异大于组内差异, P 值为 0.009。基于 Bray-Curtis 距离矩阵进行非度量多度分析(NMDS)(图 5),应力值函数 $Stress=0.19$ 表示分组具有一定意义,上游和下游存在显著差异,与 ANOSIM 相似性分析结果一致。进行 Adonis 置换多变量方差分析(PerMANOVA),结果显示上、中、下游组间差异显著($P<0.05$),两两分组结果表明上游和下游存在显著差异($P<0.01$)(表 1)。

表 1 Adonis 置换多变量方差分析结果

Table 1 The Adonis permutation multivariate analysis of variance result

分组 Group	df	平方和 Sums of squares	均方差 Mean squares	F	方差贡献 Variation (R^2)	P
上/中/下游 Upstream/Midstream/Downstream	2	1.322	0.661	1.895	0.0718	0.005
上/中游 Upstream/Midstream	1	0.523	0.523	1.509	0.0450	0.095
上/下游 Upstream/Downstream	1	0.864	0.864	2.560	0.078	0.009
中/下游 Midstream/Downstream	1	0.613	0.613	1.703	0.045	0.0615

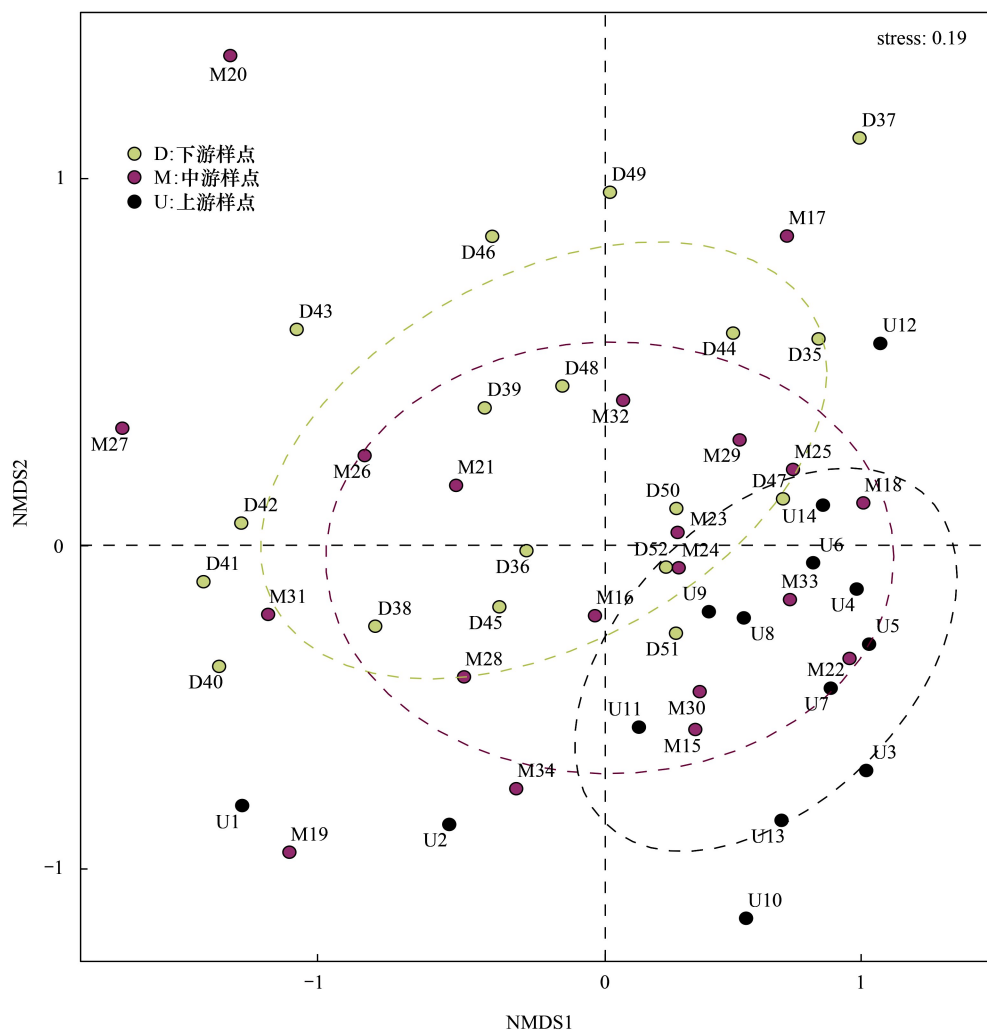


图5 赤水河上中下游群落差异分析(NMDS)

Fig.5 Analysis of community differences in the upstream, midstream and downstream of the Chishui River

图中数字代表样点编号

2.4 鱼类多样性影响因素

鱼类丰富度与环境因子的 Pearson 相关性检验结果显示(图6):赤水河鱼类丰富度与海拔、流速、pH、电导率呈显著负相关($P < 0.05$),与温度呈显著正相关($P < 0.05$),但与叶绿素 a 浓度、溶解氧及河宽之间相关性不大。

3 讨论

3.1 数据可靠性及物种组成

本次检出鱼类 6 目 18 科 62 属 77 种,与 Liu 等^[20]文献内记录赤水河鱼类 143 种相比,有 66 种鱼类未检测到。造成差异较大的可能原因如下:一是本次调查周期短,并仅在秋季进行了采样调查,相比于 Liu 等^[20]文内鱼类物种数据在 2007—2019 年期间以每两年进行一次春、秋季的频次积累来说差距较大,后续应增加环境 DNA 的补充采样。二是 eDNA 技术本身存在局限性,eDNA 的产生及降解速率易受水温、pH、流速、紫外线和水域底质等诸多环境因素的影响^[37—38],本次调查共设置 52 个采样点,49 个采样点 PCR 扩增结果达到产物目的条带大小正确,浓度合适,符合测序要求,38、17、37 号采样点经磁珠优化后 PCR 扩增

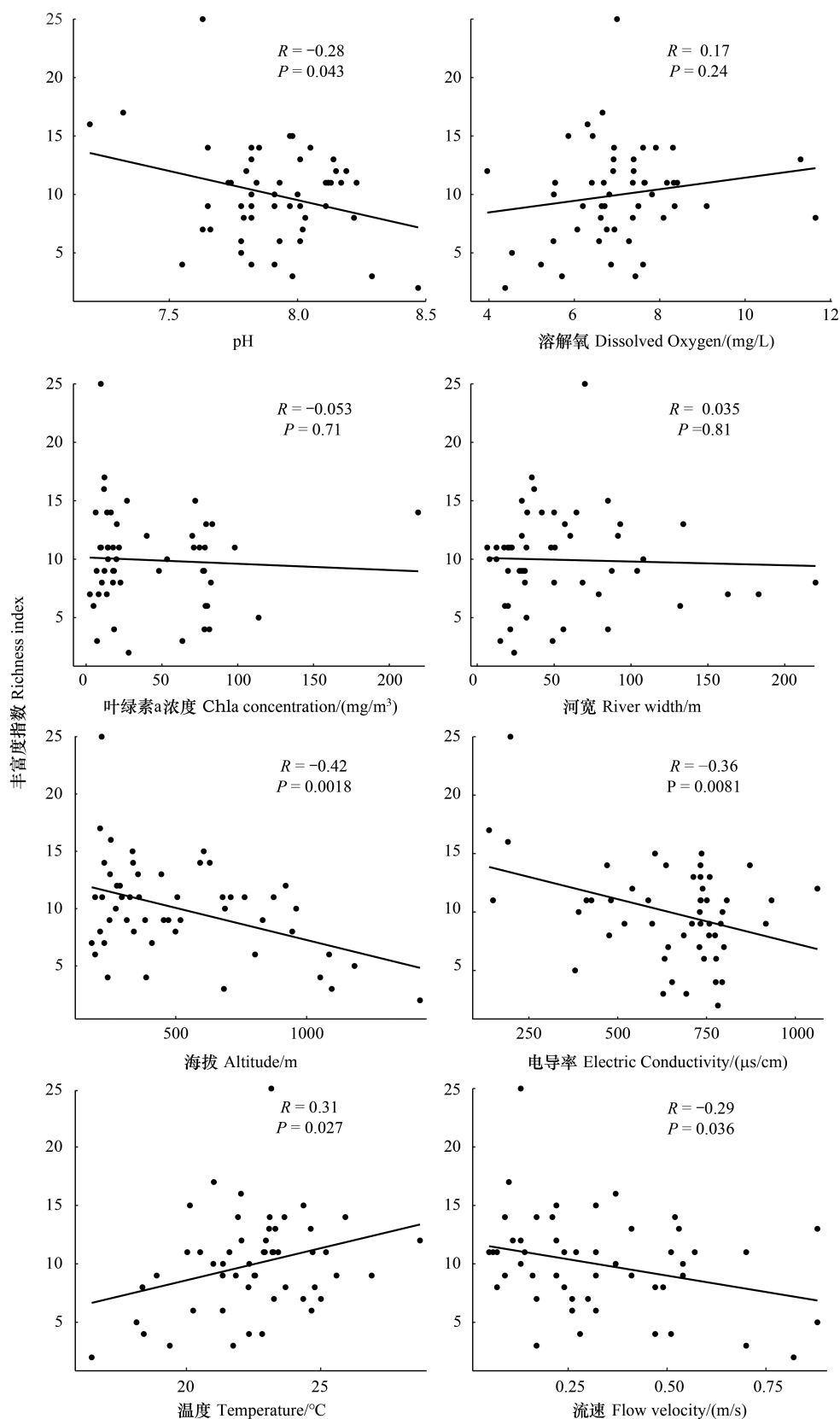


图 6 鱼类丰富度与环境因子的相关性

Fig.6 Correlation between fish richness and environmental factors

结果也达到测序要求。本研究认为造成这种差异性可能与采样点的环境有密切关系^[39-42],38、17、37 号采样点样品处理后提取液显黄色且颜色较深,38、37 号采样点为赤水河干流,水速较急,且 38、37 位于河道急弯,泥沙含量较多^[43];17 号采样点位于桐梓河下游,该样点距离居民区较近,水体受污染较重,水样呈浑浊深绿色,抽样时堵塞滤膜导致抽样耗时延长,且由于沉积物阻于滤膜,可能导致部分 DNA 被沉积物吸附。三是 eDNA 技术所得 OTU 序列需与数据库进行比对注释,本研究数据比来源于 MitoFish 及 NCBI 的公共数据库,由于未能同步捕捞标本进行本地物种建库,这可能导致部分数据缺失。在之后的鱼类调查中,本研究认为应结合传统方法调查,一方面互相印证结果,另一方面也可收集标本进行本地库建立,为未来的环境 DNA 库逐渐完善积累数据。

本次所调查到的鱼类与 Liu 等^[20]相比,有几种鱼类未出现在传统调查结果中。赤水市上游第 39 号样点水体中检出中华鲟(*Acipenser sinensis*)序列片段,综合长江三峡集团中华鲟研究所发布的 2020 年及 2021 年中华鲟放生报道及杨海乐等关于长江水生生物资源与环境本底调查的结果^[44]来看,检出中华鲟序列具备一定合理性。中华鲟是洄游鱼类,生殖季节为 10—11 月,水温 17—20℃,通常在具有石砾且水流湍急的河滩产卵^[33],39 号样点位于赤水河干流与大同河交汇处,河宽 70 m,水面宽广,且河口处水流较为湍急,岸线覆盖浓密植被且河滩为砂石,较为符合中华鲟生境特点,但本次序列读数仅为 142,推测中华鲟并未形成野外种群,可能是放生种。为确定此物种种群是否野生,应再次在发现点位以及点位上下游进行 eDNA 采样并同步进行水下目视调查,并参考牛晓峰等^[45]设计鲟鱼特异性引物进行更为准确的扩增,中华鲟为极危鱼类,应避免传统鱼类调查对其产生损伤;齐口裂腹鱼(*Schizothorax prenanti*)分布于长江上游^[33-34],贵州、四川均有此鱼种分布,青石爬鮡(*Euchiloglanis davidi*)、拉氏大吻鮡(*Rhynchocypris lagowskii*)及鲮(*Cirrhinus molitorella*)等 3 种鱼类访问专家得知均有个体捕获。

本次调查检出 7 种外来物种,分别为斑点叉尾鮰(*Ictalurus punctatus*)、革胡子鲶(*Clarias gariepinus*)、食蚊鲮(*Gambusia affinis*)、尖头大吻鮡(*Rhynchocypris oxycephalus*)、北方须鳅(*Barbatula nuda*)、鲮(*Cirrhinus molitorella*)和大口黑鲈(*Micropterus salmoides*)。尖头大吻鮡(*Rhynchocypris oxycephalus*)和北方须鳅(*Barbatula nuda*)对赤水河环境有较好的适应性,已经建立野外种群并占领一定的生态位,这可能会对赤水河的生态平衡造成一定威胁^[46];斑点叉尾鮰(*Ictalurus punctatus*)是肉食性鱼类,此种鱼生长快,食性广,主要以水生昆虫及小型鱼类为食^[47],最适生长温度符合赤水河生境温度,在自然条件下可能对珍稀鱼类或其他鱼类的幼鱼产生较大威胁;大口黑鲈(*Micropterus salmoides*)、革胡子鲶(*Clarias gariepinus*)均为肉食性鱼类,环境适应能力较强,在建立野外种群后,可通过捕食本地鱼种幼鱼对其种群造成威胁,通过种间竞争可能迫使土著种转换生境^[48-49],对其分布造成影响^[50]。食蚊鲮(*Gambusia affinis*)属杂食性鱼类,有文献报道在入侵地大量食用本地鱼的卵及幼鱼,造成后者种群数量严重下降^[51]。

3.2 多样性现状及其影响因素

赤水河流域上游与下游鱼类物种组成具有明显差异(图 5),但中游与下游组成较为相似。赤水河下游鱼类物种多样性较高,上游和中游鱼类物种多样性较低,研究表明鱼类多样性与河流面积^[52]及生境异质性^[53]等相关。赤水河上游与中下游的海拔高度落差最高可达 1180 m,海拔高度的变化导致水温及流速等的变化,造成上游与中下游的鱼类生境差异十分明显^[22],鱼类的物种组成表现出一定的差异,如宽唇华缨鱼(*Sinocrossocheilus labiatus*)等适应急流冷水环境的鱼类在本研究中基本仅发现于上游流域,这是导致上游鱼类物种数目较少,鱼类多样性偏低的一个原因,另一个原因是由于上游为源头区,支流暗河汇聚,河面宽度相比于中下游较窄,导致上游的总生境容量低于中下游^[22]。中下游在鱼类物种组成上较为接近,推测主要原因为中下游同处四川盆地丘陵地区,气候条件及地形特征较为相似^[22],多样性指数显示下游高于中游,其主要原因是中游处于盆地边缘,海拔仍在下降致河流流速较高,部分适应缓水流速环境鱼类不适宜在中游定居,导致中游鱼类物种丰富度低于下游。

鱼类分布与多样性变化是长期受到环境异质性和人为因子的干扰导致的^[54-55],赤水河鱼类的分布受到

了环境因子的综合作用。本研究结果表明(图6),赤水河鱼类丰富度与海拔、流速、pH、电导率呈显著负相关($P<0.05$),但与温度呈显著正相关($P<0.05$),本研究认为不同的河段各环境因子的影响权重也不尽相同。以往研究发现,不同的环境因子在不同程度上影响着鱼类分布及群落结构,有水温、溶解氧、电导率、营养元素及海拔等^[56-57],以上研究结果之间也具有一定差异,本文认为这可能和研究区的生境及采样时间有关。

4 结论

本文通过eDNA方法共调查到鱼类6目18科62属77种,包含16种长江特有鱼类。以鲤形目为主,占总数的87.87%。赤水河鱼类食性以杂食性和肉食性鱼类为主,群落结构上,处于下层水环境鱼类较多;赤水河鱼类优势种为宽鳍鱲($Y=0.201$)、西昌华吸鳅($Y=0.092$)、麦穗鱼($Y=0.065$)、乌苏拟鲢($Y=0.033$)、云南光唇鱼($Y=0.021$);赤水河上游和下游鱼类群落差异显著($P<0.01$),Shannon-Wiener指数差异显著($P<0.05$);海拔、流速、pH、电导率和温度是影响赤水河鱼类多样性的主要环境因素。本文为环境DNA技术在赤水河鱼类多样性调查中的应用提供了探索性研究,将有助于赤水河生物多样性的保护。

参考文献(References):

- [1] Reid A J, Carlson A K, Creed I F, Eliason E J, Gell P A, Johnson P T J, Kidd K A, MacCormack T J, Olden J D, Ormerod S J, Smol J P, Taylor W W, Tockner K, Vermaire J C, Dudgeon D, Cooke S J. Emerging threats and persistent conservation challenges for freshwater biodiversity. *Biological Reviews*, 2019, 94(3): 849-873.
- [2] 程馨雨,陶捐,武瑞东,陈礼强,丁城志. 淡水鱼类功能生态学研究进展. *生态学报*, 2019, 39(3): 810-822.
- [3] 陈召松,安蓓,王子旺,吴发宁,孙章运,张立勋. 黄河兰州段鱼类多样性与保护. *生物多样性*, 2021, 29(12): 1658-1672.
- [4] Chen Y S, Qu X, Xiong F Y, Lu Y, Wang L Z, Hughes R M. Challenges to saving China's freshwater biodiversity: fishery exploitation and landscape pressures. *Ambio*, 2020, 49(4): 926-938.
- [5] Su G H, Logez M, Xu J, Tao S L, Villéger S, Brosse S. Human impacts on global freshwater fish biodiversity. *Science*, 2021, 371(6531): 835-838.
- [6] Ye S W, Li Z J, Liu J S, Zhang T L, Xie S G. Distribution, endemism and conservation status of fishes in the Yangtze River basin, China//Grillo O, Venora G, eds. *Ecosystems Biodiversity*. London: IntechOpen, 2011: 41-66.
- [7] 吴金明,赵海涛,苗志国,陈永祥,张富铁,王剑伟. 赤水河鱼类资源的现状与保护. *生物多样性*, 2010, 18(2): 162-168.
- [8] 刘飞,刘定明,袁大春,张富斌,王雪,张智,秦强,王剑伟,刘焕章. 近十年来赤水河不同江段鱼类群落年际变化特征. *水生生物学报*, 2020, 44(1): 122-132.
- [9] Bessey C, Jarman S N, Berry O, Olsen Y S, Bunce M, Simpson T, Power M, McLaughlin J, Edgar G J, Keesing J. Maximizing fish detection with eDNA metabarcoding. *Environmental DNA*, 2020, 2(4): 493-504.
- [10] Rees H C, Bishop K, Middleditch D J, Patmore J R M, Maddison B C, Gough K C. The application of eDNA for monitoring of the Great Crested Newt in the UK. *Ecology and Evolution*, 2014, 4(21): 4023-4032.
- [11] Rees H C, Maddison B C, Middleditch D J, Patmore J R M, Gough K C. REVIEW: the detection of aquatic animal species using environmental DNA-a review of eDNA as a survey tool in ecology. *Journal of Applied Ecology*, 2014, 51(5): 1450-1459.
- [12] Deiner K, Walser J C, Mächler E, Altermatt F. Choice of capture and extraction methods affect detection of freshwater biodiversity from environmental DNA. *Biological Conservation*, 2015, 183: 53-63.
- [13] Rondon M R, August P R, Bettermann A D, Brady S F, Grossman T H, Liles M R, Loiacono K A, Lynch B A, MacNeil I A, Minor C, Tiong C L, Gilman M, Osburne M S, Clardy J, Handelsman J, Goodman R M. Cloning the soil metagenome: a strategy for accessing the genetic and functional diversity of uncultured microorganisms. *Applied and Environmental Microbiology*, 2000, 66(6): 2541-2547.
- [14] Deiner K, Bik H M, Mächler E, Seymour M, Lacoursière-Roussel A, Altermatt F, Creer S, Bista I, Lodge D M, de Vere N, Pfrender M E, Bernatchez L. Environmental DNA metabarcoding: transforming how we survey animal and plant communities. *Molecular Ecology*, 2017, 26(21): 5872-5895.
- [15] 吴昀晟,唐永凯,李建林,刘凯,李红霞,王钦,俞菊华,徐跑. 环境DNA在长江江豚监测中的应用. *中国水产科学*, 2019, 26(1): 124-132.
- [16] Zou K S, Chen J W, Ruan H T, Li Z H, Guo W J, Li M, Liu L. eDNA metabarcoding as a promising conservation tool for monitoring fish diversity in a coastal wetland of the Pearl River Estuary compared to bottom trawling. *Science of the Total Environment*, 2020, 702: 134704.

- [17] Valentini A, Taberlet P, Miaud C, Civade R, Herder J, Thomsen P F, Bellemain E, Besnard A, Coissac E, Boyer F, Gaboriaud C, Jean P, Poulet N, Roset N, Copp G H, Geniez P, Pont D, Argillier C, Baudoin J M, Peroux T, Crivelli A J, Olivier A, Acqueberge M, Le Brun M, Møller P R, Willerslev E, Dejean T. Next-generation monitoring of aquatic biodiversity using environmental DNA metabarcoding. *Molecular Ecology*, 2016, 25(4): 929-942.
- [18] Aglieri G, Baillie C, Mariani S, Cattano C, Calò A, Turco G, Spatafora D, Di Franco A, Di Lorenzo M, Guidetti P, Milazzo M. Environmental DNA effectively captures functional diversity of coastal fish communities. *Molecular Ecology*, 2021, 30(13): 3127-3139.
- [19] Shen M, Xiao N W, Zhao Z Y, Guo N N, Luo Z L, Sun G, Li J S. eDNA metabarcoding as a promising conservation tool to monitor fish diversity in Beijing water systems compared with ground cages. *Scientific Reports*, 2022, 12(1): 11113.
- [20] Liu F, Yu F D, Xia Z J, Qin Q, Xu C S, Wang J W, Liu H Z. Changes in fish assemblages following the implementation of a complete fishing closure in the Chishui River. *Fisheries Research*, 2021, 243: 106099.
- [21] 黄真理. 论赤水河流域资源环境的开发与保护. *长江流域资源与环境*, 2003, 12(4): 332-339.
- [22] 张富斌. 赤水河鱼类群落结构及主要鱼类营养关系研究[D]. 北京: 中国科学院水生生物研究所, 2018.
- [23] 黎良, 袁维林, 刘飞. 赤水河赤水市江段鱼类资源现状. *长江流域资源与环境*, 2015, 24(11): 1884-1890.
- [24] 夏治俊, 刘飞, 余梵冬, 唐瑞, 王剑伟. 赤水河流域鱼类物种、功能和分类多样性研究. *水生态学杂志*, 2022, 43(5): 89-98.
- [25] Liu F, Wang J, Zhang F B, Liu H Z, Wang J W. Spatial organisation of fish assemblages in the Chishui River, the last free-flowing tributary of the upper Yangtze River, China. *Ecology of Freshwater Fish*, 2021, 30(1): 48-60.
- [26] 李冠稳, 肖能文, 李俊生. 基于理想参照系-关键指标的赤水河流域生态系统质量变化趋势分析. *生态学报*, 2021, 41(18): 7114-7124.
- [27] Sigsgaard E E, Nielsen I B, Carl H, Krag M A, Knudsen S W, Xing Y C, Holm-Hansen T H, Møller P R, Thomsen P F. Seawater environmental DNA reflects seasonality of a coastal fish community. *Marine Biology*, 2017, 164(6): 128.
- [28] van der Loos L M, Nijland R. Biases in bulk: DNA metabarcoding of marine communities and the methodology involved. *Molecular Ecology*, 2021, 30(13): 3270-3288.
- [29] Miya M, Sato Y, Fukunaga T, Sado T, Poulsen J Y, Sato K, Minamoto T, Yamamoto S, Yamanaka H, Araki H, Kondoh M, Iwasaki W. MiFish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental DNA from fishes: detection of more than 230 subtropical marine species. *Royal Society Open Science*, 2015, 2(7): 150088.
- [30] 张春光, 赵亚辉. 中国内陆鱼类物种与分布. 北京: 科学出版社, 2016.
- [31] 张鹗, 曹文宣. 中国生物多样性红色名录: 脊椎动物, 第五卷, 淡水鱼类. 北京: 科学出版社, 2021.
- [32] 王鸿媛. 北京鱼类和两栖、爬行动物志. 北京: 北京出版社, 1994.
- [33] 湖北省水生生物研究所鱼类研究室编. 长江鱼类. 北京: 科学出版社, 1976.
- [34] 丁瑞华. 四川鱼类志. 成都: 四川科学技术出版社, 1994.
- [35] 伍律. 贵州鱼类志. 贵阳: 贵州人民出版社, 1989.
- [36] 杜龙飞, 徐建新, 李彦彬, 渠晓东, 刘猛, 张敏, 余杨. 北京市主要河流鱼类群落的空间格局特征. *环境科学研究*, 2019, 32(3): 447-457.
- [37] Strickler K M, Fremier A K, Goldberg C S. Quantifying effects of UV-B, temperature, and pH on eDNA degradation in aquatic microcosms. *Biological Conservation*, 2015, 183: 85-92.
- [38] 陈治, 宋娜, 源利文, 郭倩倩, 高天翔. 舟山近海水样环境 DNA 获取方法的建立. *水生生物学报*, 2020, 44(1): 50-58.
- [39] Barnes M A, Turner C R, Jerde C L, Renshaw M A, Chadderton W L, Lodge D M. Environmental Conditions Influence eDNA Persistence in Aquatic Systems. *Environmental Science & Technology*, 2014, 48(3): 1819-1827.
- [40] Pilliod D S, Goldberg C S, Arkle R S, Waits L P. Factors influencing detection of eDNA from a stream-dwelling amphibian. *Molecular Ecology Resources*, 2014, 14(1): 109-116.
- [41] Jane S F, Wilcox T M, McKelvey K S, Young M K, Schwartz M K, Lowe W H, Letcher B H, Whiteley A R. Distance, flow and PCR inhibition: eDNA dynamics in two headwater streams. *Molecular Ecology Resources*, 2015, 15(1): 216-227.
- [42] Turner C R, Uy K L, Everhart R C. Fish environmental DNA is more concentrated in aquatic sediments than surface water. *Biological Conservation*, 2015, 183: 93-102.
- [43] Curtis A N, Tiemann J S, Douglass S A, Davis M A, Larson E R. High stream flows dilute environmental DNA (eDNA) concentrations and reduce detectability. *Diversity and Distributions*, 2021, 27(10): 1918-1931.
- [44] 杨海乐, 沈丽, 何勇凤, 田辉伍, 高雷, 吴金明, 梅志刚, 魏念, 王琳, 朱挺兵, 胡飞飞, 龚进玲, 杜红春, 段辛斌, 邓华堂, 王导群, 朱峰跃, 李云峰, 吴凡, 茹辉军, 张燕, 李君轶, 杨俊琳, 周运涛, 方冬冬, 王银平, 蔺丹清, 杨彦平, 李佩杰, 刘思磊, 杨健, 庄平, 王思凯, 张涛, 杨刚, 杨文波, 袁立来, 曹坤, 徐硕, 刘慧媛, 梁志强, 王崇瑞, 李鸿, 袁希平, 杨鑫, 傅义龙, 张燕萍, 章海鑫, 陶志英, 王生, 高小平, 金斌松, 李柯懋, 王国杰, 简生龙, 李英钦, 薛晨江, 雷春云, 薛绍伟, 孙映, 朱滨, 邵科, 胡兴坤, 熊美华, 杜军, 何斌, 颜

- 涛, 黄颖颖, 邹远超, 谢碧文, 王永明, 李斌, 刘飞, 张瑶瑶, 范飞, 王志坚, 黄静, 辜浩然, 葛海龙, 但言, 李燕, 王恕桥, 张闯, 周路, 王雪, 曾圣, 向燕, 何绪刚, 覃剑晖, 夏成星, 侯杰, 石义付, 高立方, 朱志强, 沈红保, 杜耘, 段学军, 熊嘉武, 杨德国, 刘绍平, 倪朝辉, 张辉, 刘凯, 赵峰, 李应仁, 王剑伟, 危起伟. 长江水生生物资源与环境本底状况调查(2017-2021). 水产学报, 2022: 1-28[2022-12-05]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/31.1283.S.20221009.1234.004.html>
- [45] 牛晓锋, 王晓梅, 张研, 赵志鹏, 樊恩源. 鲟鱼分子鉴定方法的整合应用. 生物多样性, 2022, 30(6): 22034.
- [46] 唐瑞, 代元兴, 刘焕章, 艾祖军, 欧阳冬冬, 彭勇, 汤勇, 俞丹. 赤水河外来鱼类尖(鱼岁)和董氏须鳅的引种溯源及生态适应性分析. 动物学杂志, 2021, 56(2): 214-228.
- [47] 向建国, 周进, 金宏. 斑点叉尾鲴的生物学与生理生化特性研究. 湖南农业大学学报: 自然科学版, 2004, 30(4): 355-358.
- [48] 张奇, 侯杰, 杨军, 廖伟坚, 卢建超, 何绪刚. 池塘圈养密度对大口黑鲈生长性能和健康状况的影响. 水生生物学报, 2022, 46(5): 671-678.
- [49] 赵亚辉, 邢迎春, 吕彬彬, 周传江, 杨文波, 赵凯. 黄河流域淡水鱼类多样性和保护. 生物多样性, 2020, 28(12): 1496-1510.
- [50] 酆珊, 陈家宽, 王小明. 淡水鱼类入侵种的分布、入侵途径、机制与后果. 生物多样性, 2016, 24(6): 672-685.
- [51] Goodsell J A, Kats L B. Effect of introduced mosquitofish on pacific treefrogs and the role of alternative prey. Conservation Biology, 1999, 13(4): 921-924.
- [52] Oberdorff T, Dias M S, Jézéquel C, Albert J S, Arantes C C, Bigorne R, Carvajal-Valleros F M, De Wever A, Frederico R G, Hidalgo M, Hugueny B, Leprieur F, Maldonado M, Maldonado-Ocampo J, Martens K, Ortega H, Sarmiento J, Tedesco P A, Torrente-Vilara G, Winemiller K O, Zuanon J. Unexpected fish diversity gradients in the Amazon basin. Science Advances, 2019, 5(9): eaav8681.
- [53] Hugueny B, Movellan A, Belliard J. Habitat fragmentation and extinction rates within freshwater fish communities: a faunal relaxation approach. Global Ecology and Biogeography, 2011, 20(3): 449-463.
- [54] Zhang S, Zheng Y T, Zhan A B, Dong C X, Zhao J D, Yao M. Environmental DNA captures native and non-native fish community variations across the lentic and lotic systems of a megacity. Science Advances, 2022, 8(6): eabk0097.
- [55] 沈梅, 郭宁宁, 罗遵兰, 郭晓晨, 孙光, 肖能文. 基于 eDNA metabarcoding 探究北京市主要河流鱼类分布及影响因素. 生物多样性, 2022, 30(7): 22240.
- [56] Littlefair J E, Hrenchuk L E, Blanchfield P J, Rennie M D, Cristescu M E. Thermal stratification and fish thermal preference explain vertical eDNA distributions in lakes. Molecular Ecology, 2021, 30(13): 3083-3096.
- [57] Mächler E, Walser J C, Altermatt F. Decision-making and best practices for taxonomy-free environmental DNA metabarcoding in biomonitoring using Hill numbers. Molecular Ecology, 2021, 30(13): 3326-3339.

附表:

附表 1 赤水河鱼类名录、分布和生态类型

Appendix 1 The fish List, distribution and ecological types of Chishui River

物种 Species	食性 Feeding habits	栖息水层 Habit characteristics	上游 Upstream	中游 Midstream	下游 Downstream	序列数 Sequence number
鲟形目 Acipenseriformes						
鲟科 Acipenseridae						
1. 中华鲟 <i>Acipenser sinensis</i>	肉食性	下层		+	+	142
鲤形目 Cypriniformes						
鲤科 Cyprinidae						
2. 马口鱼 <i>Opsariichthys bidens</i>	肉食性	中上层		+		495
3. 宽鳍鱮 <i>Zacco platypus</i>	杂食性	中下层	+	+	+	23874
4. 草鱼 <i>Ctenopharyngodon idella</i>	草食性	中下层	+	+	+	1689
5. 拉氏大吻鲃 <i>Rhynchocypris lagowskii</i>	草食性	中上层	+			209
6. 尖头大吻鲃 <i>Rhynchocypris oxycephalus</i>	肉食性	上层	+	+		6295
7. 达氏鲃 <i>Chanodichthys dabryi dabryi</i>	肉食性	中上层		+		26
8. 翘嘴鲃 <i>Culter alburnus</i>	肉食性	中上层			+	18
9. 张氏鲮 <i>Hemiculter tchangii</i>	杂食性	中下层			+	361
10. 半鲮 <i>Hemiculterella sawagei</i>	杂食性	中上层	+	+	+	452
11. 厚颌鲂 <i>Megalobrama pellegrini</i>	杂食性	中下层			+	1248
12. 鲂 <i>Megalobrama skolkovii</i>	杂食性	中下层		+		201
13. 似鲃 <i>Pseudobrama simoni</i>	草食性	中下层			+	21
14. 黄尾鲴 <i>Xenocypris davidi</i>	杂食性	中下层	+	+	+	1016
15. 细鳞鲴 <i>Xenocypris microlepis</i>	草食性	中下层		+	+	613
16. 鲮 <i>Aristichthys nobilis</i>	浮游食性	中上层	+		+	164
17. 鲢 <i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	浮游食性	上层			+	317
18. 高体鲮 <i>Rhodeus ocellatus</i>	草食性	中上层	+	+	+	266
19. 中华鲮 <i>Rhodeus sinensis</i>	草食性	中上层			+	248
20. 棒花鱼 <i>Abbottina rivularis</i>	杂食性	下层	+		+	631
21. 铜鱼 <i>Coreius heterodon</i>	杂食性	下层			+	13
22. 唇鲮 <i>Hemibarbus labeo</i>	底栖食性	中下层	+	+		52
23. 花鲮 <i>Hemibarbus maculatus</i>	底栖食性	中下层			+	847
24. 片唇鲮 <i>Platysmacheilus exiguus</i>	杂食性	下层	+	+	+	1445
25. 裸腹片唇鲮 <i>Platysmacheilus nudiventris</i>	肉食性	中下层	+			62
26. 麦穗鱼 <i>Pseudorasbora parva</i>	杂食性	上层	+	+	+	8140
27. 吻鲮 <i>Rhinogobio typus</i>	杂食性	下层			+	133
28. 圆筒吻鲮 <i>Rhinogobio cylindricus</i>	杂食性	下层			+	36
29. 蛇鲮 <i>Saurogobio dabryi dabryi</i>	杂食性	下层		+	+	136
30. 银鲮 <i>Squalidus argentatus</i>	杂食性	下层		+	+	614
31. 鲫 <i>Carassius auratus</i>	杂食性	中层	+	+	+	1941
32. 鲤 <i>Cyprinus carpio</i>	杂食性	下层			+	77
33. 岩原鲤 <i>Procypris rabaudi</i>	杂食性	下层			+	90
34. 宽口光唇鱼 <i>Acrossocheilus monticola</i>	杂食性	上层	+	+	+	221
35. 云南光唇鱼 <i>Acrossocheilus yunnanensis</i>	杂食性	下层			+	5246
36. 金沙鲈鲤 <i>Percocypris pingi</i>	肉食性	中上层	+			56
37. 中华倒刺鲃 <i>Spinibarbus sinensis</i>	杂食性	中下层		+	+	2370
38. 长江孟加拉鲃 <i>Bangana rendahli</i>	草食性	下层			+	50
39. 鲮 <i>Cirrhinus molitorella</i>	草食性	中上层			+	21
40. 墨头鱼 <i>Garra imberba</i>	杂食性	下层	+	+		686
41. 泉水鱼 <i>Pseudogyrinocheilus procheilus</i>	草食性	下层	+	+		1211
42. 宽唇华缨鱼 <i>Sinocrossocheilus labiatus</i>	草食性	下层	+	+		926
43. 四川裂腹鱼 <i>Schizothorax kozlovi</i>	杂食性	下层		+		39
44. 齐口裂腹鱼 <i>Schizothorax prenanti</i>	杂食性	下层	+	+	+	1799
条鳅科 Noemacheilidae						
45. 北方须鳅 <i>Barbatula nuda</i>	杂食性	下层	+			1557

续表

物种 Species	食性 Feeding habits	栖息水层 Habit characteristics	上游 Upstream	中游 Midstream	下游 Downstream	序列数 Sequence number
46.短体副鳅★ <i>Homatula potanini</i>	肉食性	下层	+			1761
47.红尾副鳅 <i>Homatula variegatus</i>	肉食性	下层	+			17
花鳅科 Cobitidae						
48.泥鳅 <i>Misgurnus anguillicaudatus</i>	杂食性	下层	+	+	+	878
49.大鳞副泥鳅 <i>Paramisgurnus dabryanus</i>	杂食性	下层	+	+		153
沙鳅科 Botiidae						
50.中华沙鳅 <i>Botia supercilialis</i>	肉食性	下层	+	+		118
爬鳅科 Balitoridae						
51.犁头鳅 <i>Lepturichthys fimbriata</i>	杂食性	下层		+	+	255
52.峨眉后平鳅	杂食性	下层	+			42
<i>Metahomaloptera omeiensis omeiensis</i>						
53.西昌华吸鳅★ <i>Sinogastromyzon sichangensis</i>	草食性	下层	+	+	+	13868
54.四川华吸鳅★ <i>Sinogastromyzon szechuanensis</i>	草食性	下层		+		61
鲇形目 Siluriformes						
钝头鮠科 Amblycipitidae						
55.白缘鮠★ <i>Liobagrus marginatus</i>	肉食性	下层			+	32
鮠科 Sisoridae						
56.青石爬鮠★ <i>Euchiloglanis davidi</i>	杂食性	下层	+			48
57.中华纹胸鮠 <i>Glyptothorax sinensis</i>	肉食性	下层	+	+		115
鮠科 Siluridae						
58.大口鮠 <i>Silurus meridionalis</i>	肉食性	下层		+	+	236
59.鮠 <i>Silurus asotus</i>	肉食性	下层		+	+	364
胡子鮠科 Clariidae						
60.革胡子鮠★ <i>Clarias gariepinus</i>	杂食性	下层			+	45
鲿科 Bagridae						
61.大鳍鲩 <i>Hemibagrus macropterus</i>	杂食性	下层		+	+	606
62.粗唇鲩 <i>Leiocassis crassilabris</i>	肉食性	下层		+	+	101
63.长吻鲩 <i>Leiocassis longirostris</i>	肉食性	下层			+	13
64.长须黄颡鱼 <i>Pelteobagrus eupogon</i>	杂食性	下层		+	+	292
65.黄颡鱼 <i>Pelteobagrus fulvidraco</i>	杂食性	下层	+	+		294
66.瓦氏黄颡鱼 <i>Pelteobagrus vachellii</i>	肉食性	下层			+	26
67.短尾拟鲿 <i>Pseudobagrus breviceudatus</i>	肉食性	下层			+	125
68.切尾拟鲿 <i>Pseudobagrus truncatus</i>	杂食性	下层			+	40
69.乌苏拟鲿 <i>Pseudobagrus ussuriensis</i>	肉食性	下层	+	+	+	6062
鮠科 Ictaluridae						
70.斑点叉尾鮠★ <i>Ictalurus punctatus</i>	肉食性	下层	+	+		99
合鳃鱼目 Synbranchiformes						
合鳃鱼科 Synbranchidae						
71.黄鳝 <i>Monopterus albus</i>	肉食性	下层			+	16
鲈形目 Perciformes						
鮨科 Percichthyidae						
72.鳊 <i>Siniperca chuatsi</i>	肉食性	下层		+	+	468
沙塘鳢科 Odontobutidae						
73.河川沙塘鳢 <i>Odontobutis potamophila</i>	肉食性	上层			+	12
虾虎鱼科 Gobiidae						
74.波氏吻虾虎鱼 <i>Rhinogobius cliffordpopei</i>	肉食性	下层		+	+	312
75.子陵吻虾虎鱼 <i>Rhinogobius giurinus</i>	肉食性	下层	+	+	+	2348
棘臀鱼科 Centrarchidae						
76.大口黑鲈★ <i>Micropterus salmoides</i>	肉食性	中下层			+	899
鲈形目 Cyprinodontiformes						
胎鳉科 Poeciliidae						
77.食蚊鳉★ <i>Gambusia affinis</i>	杂食性	上层	+	+	+	271

★表示长江上游特有鱼类; *表示外来种