

环境DNA技术与传统捕捞揭示崇明岛内河鱼类多样性

凌岚馨, 范共, 胡云, 黄俊满, 李晨虹

Integrating environmental DNA technology and traditional fish survey to reveal the diversity of fishes in the rivers on the Chongming Island

LING Lanxin, FAN Gong, HU Yun, HUANG Junman, LI Chenhong

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.12024/jsou.20220303794>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

巢湖鱼类群落结构及多样性

The community structure and diversity of fish in the Chaohu Lake

上海海洋大学学报. 2022, 31(6): 1445 <https://doi.org/10.12024/jsou.20211003589>

白洋淀鱼类群落结构与环境因子关系分析

Fish community structure and its relationship with environmental factors in Baiyangdian Lake

上海海洋大学学报. 2022, 31(6): 1488 <https://doi.org/10.12024/jsou.20211003581>

滁河襄河口至马汊河段冬春季鱼类群落结构及其多样性

Spatial and temporal patterns of fish assemblages in Chuhe River between Xianghe estuary and Macha River

上海海洋大学学报. 2021, 30(6): 960 <https://doi.org/10.12024/jsou.20201003199>

淮河入海通道及其附近水系鱼类群落空间分布格局

Spatial distribution pattern of fish community in the passage from Huaihe River to sea and its adjacent river system

上海海洋大学学报. 2020, 35(6): 914 <https://doi.org/10.16535/j.cnki.dlhyxb.2019-305>

长江近口段近岸段鱼类群落多样性现状

Species diversity of fish in the section near the Yangtze River estuary

上海海洋大学学报. 2021, 30(2): 320 <https://doi.org/10.12024/jsou.20200202921>

文章编号: 1674-5566(2022)06-1434-11

DOI:10.12024/jsou.20220303794

环境 DNA 技术与传统捕捞揭示崇明岛内河鱼类多样性

凌岚馨^{1,2}, 范 共^{1,2}, 胡 云^{1,2}, 黄俊满^{1,2}, 李晨虹^{1,2}

(1. 上海海洋大学 环境 DNA 技术与水生态环境评估工程中心, 上海 201306; 2. 上海海洋大学 海洋动物系统分类与进化上海高校重点实验室, 上海 201306)

摘 要: 崇明岛位于长江入海口, 其内河网密布, 鱼类资源众多, 但违规捕捞现象屡禁不止, 严重影响崇明岛鱼类资源。鱼类多样性是水生态环境保护的一个重要指标, 为评估上海崇明岛内河鱼类资源、揭示鱼类多样性, 于 2020 年 6 月至 2021 年 5 月在崇明岛内河设置 24 个采样位点, 利用环境 DNA (eDNA) 技术与传统捕捞手段, 每个季度进行了 1 次共 4 次采样调查。调查共检出 13 个目级阶元的 78 种鱼类, 其中鲤形目最多, 约占 44%。基于捕获鱼类样本计算的全年香农-威纳多样性指数为 2.08, 基于 eDNA 数据计算的全年香农-威纳多样性指数为 2.96, 表明崇明岛具有较丰富的鱼类多样性。两种方法检测出共同的优势种为鳊 (*Parabramis pekinensis*)、似鳊 (*Pseudobrama simoni*)、麦穗鱼 (*Pseudorasbora parva*)、子陵吻虾虎鱼 (*Rhinogobius giurinus*)、大鳍鱮 (*Acheilognathus macropterus*), 表明崇明岛内河鱼类群落结构由淡水鱼类主导。主坐标分析和 PERMANOVA 检验结果显示东-西部群落鱼类组成存在差异 ($R^2 = 0.1012, P = 0.0276$)。研究结果亦表明 eDNA 技术可以作为传统鱼类资源调查的一个重要辅助手段。本研究为崇明岛内河鱼类资源现存状况、合理利用及保护提供了基础资料。

关键词: eDNA; 崇明岛; 生态调查; 生物多样性

中图分类号: S 932.4 **文献标志码:** A

上海崇明岛地处长江入海口, 岛内河网密布, 蕴含丰富的鱼类资源。过去已有研究围绕崇明岛鱼类多样性这一方向开展^[1-3], 但这些研究中, 都仅利用撒网、拖网等传统捕捞方法进行。某些鱼类具有隐蔽性强、昼伏夜出等生活习性, 使得其难以被捕获。因此, 单一利用传统捕捞方法调查鱼类组成具有一定的局限性, 不一定能充分揭示研究区域种类组成。

环境 DNA (eDNA) 是指从环境样本中提取到的 DNA 片段, 是来自微生物、动物、植物等不同物种 DNA 的混合物^[4]。通过不同的 DNA 宏条形码, 扩增环境样本中特异的 DNA 片段, 用以检测环境中物种种类和数量的技术称为 eDNA 技术。近年来, eDNA 技术以其灵敏度高、省时高效等特性在物种监测方面得到广泛应用: 王晨等^[5]利用 eDNA 技术调查了秦淮河鱼类资源; ALAM 等^[6]

在韩国 4 条河流发现了多种入侵鱼类; 徐念等^[7]在长江中下游检测出长江江豚序列。还有其他水生生物的研究^[8-14]应用 eDNA 技术, 得到了传统方法未能获得的信息。目前, 已有较多研究将 eDNA 技术应用于长江流域鱼类多样性研究中^[5,7-8,15-16], 但尚无关于崇明岛鱼类多样性的研究。另外, 崇明岛内河存在违规捕捞现象, 破坏了鱼类资源^[17]。为实现“长江十年禁渔计划”及“崇明世界级生态岛”发展目标, 在崇明岛开展全面的鱼类多样性调查十分有必要。本研究以崇明岛内河为调查区域, 利用 eDNA 宏条形码技术结合传统捕捞技术, 探究崇明岛内河鱼类资源及多样性, 以期“长江十年禁渔计划”及“崇明世界级生态岛”建设的水环境治理和鱼类多样性保护提供参考。

收稿日期: 2022-03-28 修回日期: 2022-07-02

基金项目: 上海市科学技术委员会部分地方院校能力建设(19050501900)

作者简介: 凌岚馨(1998—), 女, 硕士研究生, 研究方向为环境 DNA。E-mail:lynn20191105@163.com

通信作者: 李晨虹, E-mail:chli@shou.edu.cn

1 材料与方 法

1.1 样品采集及处理

在崇明岛 2 条市级河道(南横引河、北横引河)、数条县级河道、镇级河道、村级河道设置 24 个采样位点(图 1)。于 2020 年 6 月至 2021 年 5 月期间,春季(2021 年 5 月 25 日至 28 日)、夏季(2020 年 6 月 28 日至 7 月 4 日)、秋季(2020 年 10 月 6 日至 8 日)、冬季(2021 年 1 月 30 日至 2 月 2 日)各进行一次采样工作。对于传统捕捞方法采样:每个位点放置 2 张刺网(100 m 长 2 指宽、100 m 长 4 指宽)及 2 个地笼,放置时间为 2 h。在获得位点鱼类标本后,首先拍摄样本照片,随后将样本装入密封袋并写上采样点信息,放入

便携式冰箱,带回实验室鉴定。eDNA 调查方法:每个位点采集河道表层、中层、底层(每个水层断面左、中、右)水样共 10 L,混匀后取 3 L 水样进行现场真空抽滤。抽滤使用 3 μm 孔径的聚碳酸酯滤膜(GVS 公司)对 eDNA 进行截留,每张滤膜过滤 1 L 水样,同时每个采样点均抽取 1 L 蒸馏水作为空白对照。为避免交叉污染,过滤器和手套均为一次性,在每个样点采样后丢弃。抽滤前,抽滤装置均用 84 消毒液润洗 1 次,再用采样点的水样润洗 3 次。抽滤完成后将滤膜保存至装有 700 μL CTAB 溶液的无菌无酶的 2 mL 离心管中,放至便携式冰箱储存(冰箱温度控制在 0 ~ 4 $^{\circ}\text{C}$),直至带回实验室进行 DNA 提取。

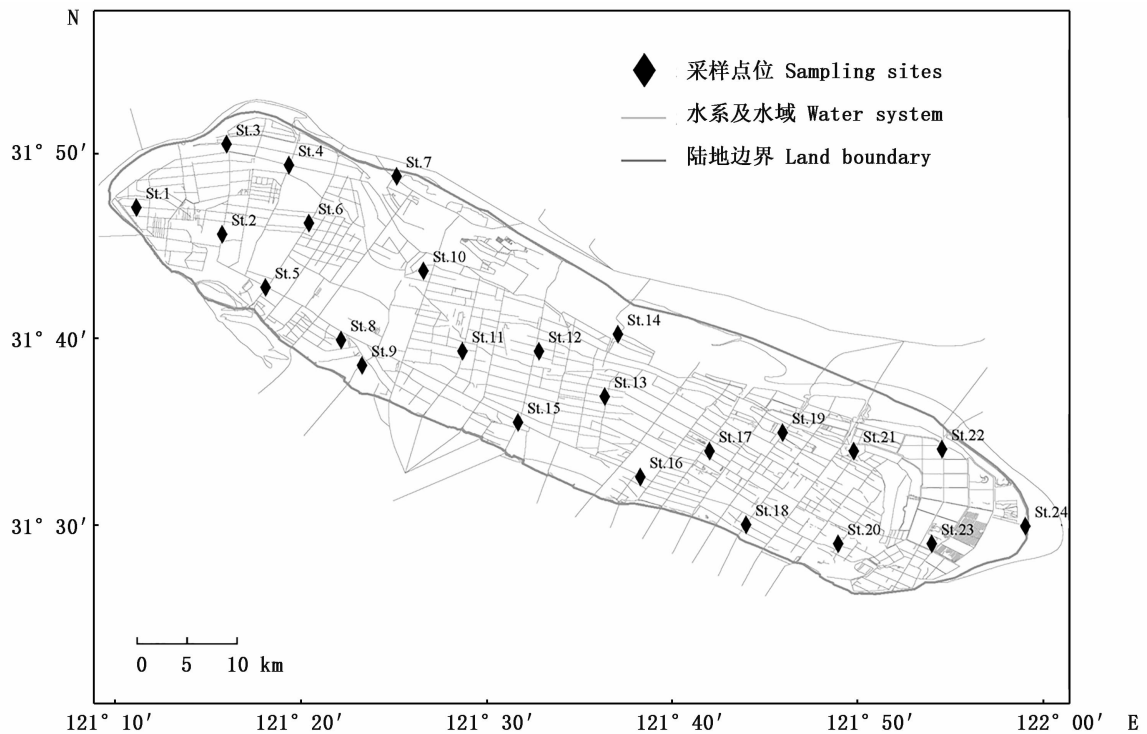


图 1 崇明岛内河 24 个采样点

Fig. 1 24 sampling sites in the rivers of the Chongming Island

1.2 形态鉴定及分类

鱼类样品在鉴定前用自来水清洗掉表面泥沙污垢,然后根据《中国动物志:硬骨鱼纲鲈形目-虾虎鱼亚目》^[18]、《中国动物志:硬骨鱼纲鲤形目(中卷)》^[19]、《长江口鱼类》^[20]对样品进行鉴定、分类,记录各物种样本数。

1.3 eDNA 提取、扩增及测序

eDNA 的提取基于酚氯仿 DNA 提取法原理,作出了一些修改。首先将离心管在 65 $^{\circ}\text{C}$ 下加热 10 min,随后向离心管内加入氯仿-异戊醇混合溶液(24:1),涡旋振荡 5 分钟后在 15 000 g 下离心 15 min,将上清液移入新的无菌无酶的 2 mL 离心

管中,再依次加入 500 μL 冰镇异丙醇、250 μL 浓度为 5 摩尔质量的氯化钠溶液,放入 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 冰箱冷冻 1 小时。冷冻后取出,在 15 000 g 下离心 15 分钟,轻轻倒出废液。加入 150 μL 70% 乙醇,在 15 000 g 下离心 5 min,轻轻倒出废液,再次加入 150 μL 70% 酒精及在 15 000 g 下离心 5 min。倒出废液后,在真空离心空干机中以 $45\text{ }^{\circ}\text{C}$ 空干 10 min。最后加入 100 μL TE 缓冲液,在 $55\text{ }^{\circ}\text{C}$ 下加热 10 min,得到 eDNA 溶液。

对于同一样点的 3 份水样,首先将提取出的 eDNA 溶液混成 1 管,然后分出 3 个平行管,再利用 MiFish 鱼类通用引物^[21-22](表 1)进行 PCR 扩增。扩增体系与测序文库构建方法一致遵循 MIYA 等^[22]所描述,同一样点的 3 个平行采用同一组测序接头索引序列以方便后续总结每物种的序列数。空白对照的实验操作与样品一致。测序平台为 Illumina NovaSeq PE150(北京诺禾致源科技股份有限公司)。

表 1 本研究中使用的 MiFish 引物

Tab.1 MiFish primers used in this study

引物名称 Primer's name	引物序列 Primers (5'-3')	区域 Region
MiFish-U-F	ACACTCTTTCCCTACACGACGCTCTTCCGATCTNNNNNGTCGGTAAAACCTCGTGCCAGC	12S
MiFish-U-R	GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTNNNNNCATAGTGGGGTATCTAATCCCAGTTTC	
MiFish-E-F-v2	ACACTCTTTCCCTACACGACGCTCTTCCGATCTNNNNNRGTTGGTAAATCTCGTGCCAGC	12S
MiFish-E-R-v2	GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTNNNNNGCATAGTGGGGTATCTAATCTAGTTTC	
MiFish-U2-F	ACACTCTTTCCCTACACGACGCTCTTCCGATCTNNNNNGCCGGTAAAACCTCGTGCCAGC	12S
MiFish-U2-R	GTGACTGGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTNNNNNCATAGGAGGGTGTCTAATCCCAGTTTC	

1.4 数据分析

将原始测序数据去除测序接头,上传至 MiFish Pipeline^[23]网站(<http://mitofish.aori.utokyo.ac.jp/mifish>)进行一站式分析,过程包括序列组装、引物去除、数据库序列比对。使用的序列比对数据库为 MitoFish 数据库^[24],eDNA 序列与数据库序列相似度阈值设置为 97%,即 eDNA 序列与数据库序列有 $\geq 97\%$ 相似度时,记录该 eDNA 序列及数据库序列对应的物种名称,以此得到利用 eDNA 技术检测出的物种信息。将各位点同种鱼类序列数相加得到该种的总序列数。最后,分别基于捕获鱼类个体数、eDNA 检出鱼类对应的总序列数,计算 4 个季节和全年的香农-威纳(Shannon-Wiener)多样性指数,并采用 McNaughton 优势度指数确定优势种。指数计算公式如下:

$$\text{Shannon-Wiener 指数: } H' = \sum P_i \log P_i, P_i = N_i / N \quad (1)$$

$$\text{McNaughton 指数: } Y_i = N_i / N \times f_i \quad (2)$$

式中: N 为所捕获鱼类总个体数或序列数, N_i 为第 i 种鱼类的个体数或序列数, Y_i 为第 i 种鱼类的优势度指数($Y_i > 0.02$ 的物种为优势种), f_i 为第 i 种鱼类出现的频率。

基于 eDNA 检出结果,使用 R 语言中的

vegan、ape 包对 24 个采样位点进行主坐标分析(PCoA)。然后根据 24 个采样位点的采样位置进行分组,一组为南支(位点 1、5、8、9、15、16、18、20)、北支(位点 3、4、7、14、22、24)、竖河(位点 2、6、10、11、12、13、17、19、21、23),另一组为西部(位点 1、2、3、4、5、6、7)、中部(位点 8、9、10、11、12、13、14、15)、东部(位点 16、17、18、19、20、21、22、23、24),分析南支、北支、竖河间以及西部、中部、东部河道间物种组成差异,并利用 PERMANOVA 检验进行显著性检验。

2 结果

2.1 鱼类组成和多样性

2020 年至 2021 年 4 次调查,共采集鱼类样本 2 095 尾,鉴定出 38 种鱼类(表 2);eDNA 技术检出 75 种鱼类(表 3)。综合渔网捕获样本种类与 eDNA 技术检出种类,在崇明岛内河共检出 78 种鱼类。其中:鲤形目鱼类最多,有 34 种,占检出物种数的 44%;鲈形目次之,有 24 种,占检出物种数的 31%;鲇形目有 4 种,占检出物种数的 5%;鲰形目、鲃形目都各有 3 种,各占检出物种数的 4%;鲱形目、鲑形目各有 2 种,各占检出物种数的 3%;鳗鲡目、鲟形目、鲟形目、颌针鱼目、鳊形目、合鳃鱼目都仅有 1 种,各占检出物种数

的 1%。

基于捕获的鱼类样本种类和数目,计算得到春季的 Shannon-Wiener 多样性指数为 2.33,夏季为 1.82,秋季为 2.34,冬季为 2.49,全年为 2.08。全年优势种为子陵吻虾虎鱼、似鳊、鳊、麦穗鱼、大鳍鱮、中华鲮(表 2)。基于 eDNA 检出的鱼

类序列数,计算得到春季的 Shannon-Wiener 多样性指数为 2.78,夏季为 2.45,秋季为 3.17,冬季为 2.71,全年为 2.96。全年优势种为刀鲚、子陵吻虾虎鱼、斑尾刺虾虎鱼、鲫、鲢、鳊、细鳞鲃、似鳊、鳊、达氏鲃、蒙古鲃、麦穗鱼、大鳍鱮(表 3)。

表 2 基于传统捕捞法在崇明岛内河检出的鱼类物种个体数、物种优势度
Tab.2 Number of individuals and dominance index (Y) of fish detected in the river of Chongming Island based on traditional fishing method

种类 Species	捕获尾数 Captured individuals	优势度 Y
鳗鲡目 Anguilliformes		
鳗鲡 <i>Anguilla japonica</i>	1	2.0×10^{-5}
鲻形目 Mugiliformes		
鲻 <i>Mugil cephalus</i>	1	2.0×10^{-5}
鲚 <i>Liza haematocheila</i>	1	2.0×10^{-5}
鲱形目 Clupeiformes		
刀鲚 <i>Coilia nasus</i>	25	4.0×10^{-3}
鲇形目 Siluriformes		
黄颡鱼 <i>Pelteobagrus fulvidraco</i>	7	7.0×10^{-4}
鲈形目 Perciformes		
中国花鲈 <i>Lateolabrax maculatus</i>	3	2.0×10^{-4}
鳊 <i>Siniperca chuatsi</i>	2	4.0×10^{-5}
小黄鲷鱼 <i>Micropercops swinhonis</i>	8	8.0×10^{-4}
子陵吻虾虎鱼 <i>Rhinogobius giurinus</i>	83	3.5×10^{-2}
波氏吻虾虎鱼 <i>Rhinogobius cliffordpopei</i>	1	2.0×10^{-5}
斑尾刺虾虎鱼 <i>Acanthogobius ommaturus</i>	6	5.0×10^{-4}
纹缟虾虎鱼 <i>Tridentiger trigonocephalus</i>	17	2.4×10^{-3}
髯缟虾虎鱼 <i>Tridentiger barbatus</i>	2	4.0×10^{-5}
弹涂鱼 <i>Periophthalmus cantonensis</i>	1	2.0×10^{-5}
鲤形目 Cypriniformes		
赤眼鲮 <i>Squaliobarbus curriculus</i>	2	4.0×10^{-5}
草鱼 <i>Ctenopharyngodon idellus</i>	1	2.0×10^{-5}
鲫 <i>Carassius auratus</i>	2	4.6×10^{-3}
鲤 <i>Cyprinus carpio</i>	3	2.0×10^{-4}
鲢 <i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	2	4.0×10^{-5}
银鲴 <i>Xenocypris argentea</i>	1	2.0×10^{-5}
黄尾鲴 <i>Xenocypris davidi</i>	4	2.0×10^{-4}
似鳊 <i>Pseudobrama simoni</i>	1 002	4.0×10^{-1}
鳊 <i>Parabramis pekinensis</i>	104	4.1×10^{-2}
鲌 <i>Hemiculter leucisculus</i>	35	8.4×10^{-3}
贝氏鲌 <i>Hemiculter bleekeri</i>	17	1.7×10^{-3}
红鳍原鲌 <i>Cultrichthys erythropterus</i>	45	2.7×10^{-3}
翘嘴鲌 <i>Culter alburnus</i>	55	1.4×10^{-2}
达氏鲌 <i>Culter dabryi dabryi</i>	68	9.5×10^{-3}
蒙古鲌 <i>Culter mongolicus</i>	1	2.0×10^{-5}
银飘鱼 <i>Pseudolaubuca sinensis</i>	6	6.0×10^{-4}
棒花鱼 <i>Abbottina rivularis</i>	32	5.8×10^{-3}
麦穗鱼 <i>Pseudorasbora parva</i>	252	9.5×10^{-2}
银鮡 <i>Squalidus argentatus</i>	2	4.0×10^{-5}
蛇鮡 <i>Saurogobio dabryi</i>	3	2.0×10^{-4}
大鳍鱮 <i>Acheilognathus macropterus</i>	80	2.2×10^{-2}
兴凯鱮 <i>Acheilognathus chankaensis</i>	6	6.0×10^{-4}
高体鲮 <i>Rhodeus ocellatus</i>	58	1.2×10^{-2}
中华鲮 <i>Rhodeus sinensis</i>	137	3.5×10^{-2}

注: $Y > 2 \times 10^{-2}$ 的物种为优势种。

Notes: Fish species was defined as dominant species while $Y > 2 \times 10^{-2}$.

表 3 基于 eDNA 技术在崇明岛内河检出的鱼类物种序列数、物种优势度
 Tab. 3 Number of sequences and dominance index (Y) of fish detected
 in the river of Chongming Island based on eDNA method

种类 Species	检出序列数 Detected sequences	优势度 Y
鳗鲡目 Anguilliformes		
鳗鲡 <i>Anguilla japonica</i>	371	4.2×10^{-7}
鲮形目 Mugiliformes		
鲮 <i>Mugil cephalus</i>	8 382	9.5×10^{-6}
鲮 <i>Liza haematocheila</i>	916 525	1.2×10^{-2}
棱鲮 <i>Liza carinatus</i>	4 566	2.6×10^{-6}
鲈形目 Carangiformes		
四指马鲛 <i>Eleutheronema tetradactylum</i>	4 143	2.1×10^{-5}
鲱形目 Clupeiformes		
刀鲚 <i>Coilia nasus</i>	7 746 058	1.1×10^{-1}
凤鲚 <i>Coilia mystus</i>	82 095	5.1×10^{-4}
鲇形目 Siluriformes		
黄颡鱼 <i>Pelteobagrus fulvidraco</i>	775 995	1.1×10^{-2}
光泽黄颡鱼 <i>Pelteobagrus nitidus</i>	23 077	1.2×10^{-4}
圆尾拟鲿 <i>Pseudobagrus tenuis</i>	83	9.4×10^{-8}
鲇 <i>Silurus asotus</i>	30 940	3.1×10^{-4}
鲑形目 Salmoniformes		
陈氏新银鱼 <i>Neosalanx tangkahkeii</i>	12 897	3.6×10^{-5}
大银鱼 <i>Protosalanx hyalocranium</i>	21 745	2.3×10^{-4}
鲾形目 Pleuronectiformes		
窄体舌鳎 <i>Cynoglossus gracilis</i>	11 168	1.9×10^{-5}
颌针鱼目 Beloniformes		
间下鱈 <i>Hyporhamphus intermedius</i>	60 936	1.4×10^{-4}
鲳形目 Cyprinodontiformes		
食蚊鱼 <i>Gambusia affinis</i>	274 206	3.7×10^{-3}
合鳃鱼目 Synbranchiformes		
黄鳝 <i>Monopterus albus</i>	1 014	2.3×10^{-6}
鲈形目 Perciformes		
中国花鲈 <i>Lateolabrax maculatus</i>	231 093	2.5×10^{-3}
大口黑鲈 <i>Micropterus salmoides</i>	19 275	5.5×10^{-5}
鳊 <i>Siniperca chuatsi</i>	446 857	5.9×10^{-3}
大眼鳊 <i>Siniperca kneri</i>	95	1.6×10^{-7}
大黄鱼 <i>Larimichthys crocea</i>	3 509	5.9×10^{-6}
鳊 <i>Miichthys miiuy</i>	3 564	6.0×10^{-6}
小黄鲷鱼 <i>Micropercops swinhonis</i>	166 588	1.8×10^{-3}
子陵吻虾虎鱼 <i>Rhinogobius giurinus</i>	5 692 533	7.7×10^{-2}
斑尾刺虾虎鱼 <i>Acanthogobius ommaturus</i>	1 760 987	2.4×10^{-2}
纹缟虾虎鱼 <i>Tridentiger trignocephalus</i>	812 909	1.1×10^{-2}
髯缟虾虎鱼 <i>Tridentiger barbatus</i>	1 224 836	1.6×10^{-2}
粘皮鲯虾虎鱼 <i>Mugilogobius myxodermus</i>	61 058	4.5×10^{-4}
红鰻虾虎鱼 <i>Odontamblyopus rubicundus</i>	6 062	1.4×10^{-5}
孔虾虎鱼 <i>Trypauchen vagina</i>	19 205	1.6×10^{-4}
台江拟虾虎鱼 <i>Pseudogobius taijiangensis</i>	2 857	9.7×10^{-6}
大弹涂鱼 <i>Boleophthalmus pectinirostris</i>	207 665	2.8×10^{-3}
河川沙塘鳢 <i>Odontobutis potamophila</i>	121 199	5.5×10^{-4}
尖头塘鳢 <i>Eleotris oxycephala</i>	180 645	1.5×10^{-3}
中华乌塘鳢 <i>Bostrychus sinensis</i>	231	1.3×10^{-7}
尼罗罗非鱼 <i>Oreochromis niloticus</i>	19 453	1.5×10^{-4}
乌鳢 <i>Channa argus</i>	68 715	8.5×10^{-4}
圆尾斗鱼 <i>Macropodus ocellatus</i>	7 683	4.3×10^{-5}

续表 3

种类 Species	检出序列数 Detected sequences	优势度 Y
鲤形目 Cypriniformes		
赤眼鲮 <i>Squaliobarbus curriculus</i>	30 112	1.5×10^{-4}
草鱼 <i>Ctenopharyngodon idellus</i>	255 819	3.2×10^{-3}
鳊 <i>Elopichthys bambusa</i>	1 104 208	1.5×10^{-2}
鲫 <i>Carassius auratus</i>	8 296 878	1.1×10^{-1}
鲤 <i>Cyprinus carpio</i>	35 925	2.8×10^{-4}
鲢 <i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	2 665 930	3.6×10^{-2}
鳙 <i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	1 000 426	1.3×10^{-2}
似鲮 <i>Toxabramis swinhonis</i>	5 201	2.6×10^{-5}
银鲌 <i>Xenocypris argentea</i>	1 046	1.2×10^{-6}
黄尾鲌 <i>Xenocypris davidi</i>	184 995	1.0×10^{-3}
细鳞鲌 <i>Xenocypris microlepis</i>	3 917 226	5.3×10^{-2}
团头鲂 <i>Megalobrama amblycephala</i>	388 381	5.2×10^{-3}
似鳊 <i>Pseudobrama simoni</i>	7 787 676	1.1×10^{-1}
鳊 <i>Parabramis pekinensis</i>	5 088 772	6.9×10^{-2}
鲮 <i>Hemiculter leucisculus</i>	5 639	7.7×10^{-5}
贝氏鲮 <i>Hemiculter bleekeri</i>	30 496	4.1×10^{-4}
红鳍原鲌 <i>Cultrichthys erythropterus</i>	815 795	1.1×10^{-2}
翘嘴鲌 <i>Culter alburnus</i>	79 321	8.5×10^{-4}
达氏鲌 <i>Culter dabryi dabryi</i>	4 667 156	6.3×10^{-2}
蒙古鲌 <i>Culter mongolicus</i>	2 986 549	4.1×10^{-2}
银飘鱼 <i>Pseudolaubuca sinensis</i>	592	1.0×10^{-6}
棒花鱼 <i>Abbottina rivularis</i>	82 322	8.8×10^{-4}
花鲢 <i>Hemibarbus maculatus</i>	13 513	4.6×10^{-5}
麦穗鱼 <i>Pseudorasbora parva</i>	2 688 015	3.6×10^{-2}
黑鳍鲈 <i>Sarcocheilichthys nigripinnis</i>	22 519	3.8×10^{-5}
银鲈 <i>Squalidus argentatus</i>	1 716	3.9×10^{-6}
泥鳅 <i>Misgurnus anguillicaudatus</i>	8 595	2.4×10^{-5}
中华刺鳅 <i>Sinobdella sinensis</i>	3 529	1.0×10^{-5}
大鳍鲮 <i>Acheilognathus macropterus</i>	7 672 623	1.0×10^{-1}
兴凯鲮 <i>Acheilognathus chankaensis</i>	1 129 909	1.5×10^{-2}
斜方鲮 <i>Acheilognathus rhombus</i>	164 914	1.7×10^{-3}
高体鲮 <i>Rhodeus ocellatus</i>	697 063	9.5×10^{-3}
中华鲮 <i>Rhodeus sinensis</i>	108 939	6.8×10^{-4}
鲈形目 Tetrodontiformes		
虫纹东方鲈 <i>Takifugu vermicularis</i>	534	1.2×10^{-6}
弓斑东方鲈 <i>Takifugu ocellatus</i>	71	1.2×10^{-7}
黄鳍东方鲈 <i>Takifugu xanthopterus</i>	564 611	7.3×10^{-3}

注: $Y > 2 \times 10^{-2}$ 的物种为优势种。

Notes: Fish species was defined as dominant species while $Y > 2 \times 10^{-2}$.

2.2 鱼类种类组成区域差异

使用 PCoA 将数据降为二维, PCo1 和 PCo2 两个主坐标共解释 24.3% 的差异。在 PCoA 图中, 无论在南支、北支、竖河组(图 2)或西部、中部、东部组(图 3)中, 组内各小组重叠较多, 没显

著分开。PERMANOVA 检验结果(表 4)表明: 南支、北支、竖河组间可解释部分(R^2)较小, 无显著差异; 东部与西部组间 R^2 最大, 两组间鱼类种类组成存在差异; 其余组间鱼类种类组成无显著差异。

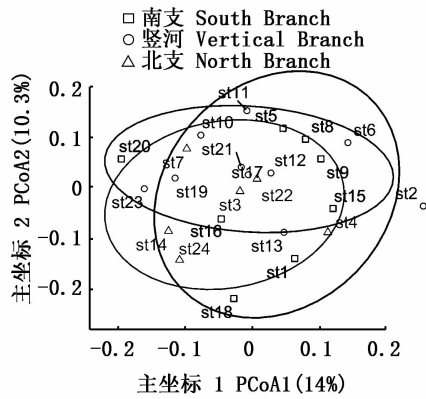


图2 南支、北支、竖河组主坐标分析
Fig. 2 Principal coordinates analysis of group of the south branch, north branch, and vertical branch

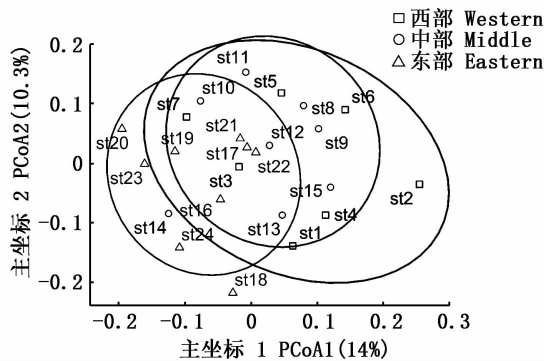


图3 西部、中部、东部组主坐标分析
Fig. 3 Principal coordinates analysis of group of western, middle, and eastern

表4 两大组内各小组间 PERMANOVA 检验
Tab. 4 PERMANOVA test between subgroups in two main groups

分组 Groups	统计值 Statistical value		
	F	R ²	P
组一 Group I			
南支-北支 South Branch-North Branch	0.887 1	0.068 8	0.436 7
南支-竖河 South Branch-Vertical Branch	0.831 3	0.049 4	0.652 2
北支-竖河 North Branch-Vertical Branch	1.001 5	0.066 8	0.470 8
组二 Group II			
东部-西部 Eastern-Western	1.576 5	0.101 2	0.027 6*
东部-中部 Eastern-Middle	1.406 8	0.085 7	0.073 7
西部-中部 Western-Middle	1.177 3	0.083 0	0.208 7

注：“*”表示在 $P < 0.05$ 水平上差异显著。

Notes: “*” indicates significant difference at the level of $P < 0.05$.

3 讨论

3.1 崇明岛内河鱼类多样性

在 α 多样性上,本调查除了检出常见的淡水鱼类,如鲫、草、鲤等,也检出了洄游鱼类,如鳊

(降海洄游)、刀鲚(溯河洄游)等;近海鱼类,如鲻、鲰、中国花鲈等;海洋鱼类,如大黄鱼、鲞等。崇明岛内河河网水体为“闸控型”,长江水从南部闸口流入,北部闸口流出^[25],而近年又出现崇明岛北支盐水倒灌加剧^[26],水体环境为咸淡水,为淡水、洄游、近海鱼类、海洋鱼类同时存在提供条件。另一方面,依据 Shannon-Wiener 指数的评价标准^[27], $2 < H' \leq 3$ 表明物种较丰富。基于鱼类个体数和 eDNA 序列计算的全年 Shannon-Wiener 指数均在此区间中,表明整体上崇明岛内河鱼类资源仍处于较为丰富阶段。检出的鱼类与张涛等^[2]在 2004—2006 年、从婷婷等^[3]在 2018 年捕获的鱼类种类基本相同,表明近年崇明岛内河鱼类种类数处于较为稳定状态,而本研究利用 eDNA 技术,更检出了以往未被捕获的鱼类物种,进一步揭示了崇明岛内河鱼类种类多样性。另外,基于 eDNA 序列计算结果显示,春、秋两季的 H' 值较夏、冬两季高。基于鱼类个体数计算结果也显示春季的 H' 值高于夏季,然后在秋季增大。而长江口是许多鱼类的产卵场、育幼场和索饵场,产卵群体多在 5 月达到盛期,索饵群体多在 6—8 月达到盛期^[20]。同时,大多数鲤科鱼类的繁殖产卵季在 4—6 月^[20,28]。 H' 值在春、秋两季的上升,可能是由于产卵群体和索饵群体从长江口进入崇明岛和内河淡水鱼类繁殖增长所致。在 β 多样性上,PCoA 和 PERMANOVA 分析表明,种类分布差异主要出现在东-西组间。造成此结果的原因可能是崇明岛内河自西向东盐度具有差异^[29],可容纳的鱼类种类不相同;其次,崇明岛东部发展着重生态保护,西部生产方式以种植业、渔业为主,西部相较于东部渔业捕捞压力大,造成鱼类资源相较于东部少。

优势种是指对群落结构和群落环境的形成有明显控制作用的物种^[30]。两种方法计算出的共同优势种为鳊、似鳊、麦穗鱼、子陵吻虾虎鱼、大鳍鱮,均为杂食性淡水鱼类,表明崇明岛内河鱼类群落结构仍然由淡水鱼类主导,并且可能由于杂食性鱼类的营养来源更多,更容易成为优势种。另一方面,麦穗鱼对水质污染较敏感,被认为可用作环境污染的指示物种^[31],麦穗鱼为本次调查中的优势种,也侧面反映崇明岛内河水环境治理成效。但值得注意的是,大鳍鱮也是优势种之一,有研究表明:大鳍鱮通过排泄影响水体悬

浮有机物含量从而降低水体透明度,并且会促进蓝藻成为浮游植物群落中的优势种,被认为对水环境有负面影响^[32],后续的水环境治理应关注此物种在河道中的丰度。

3.2 eDNA 技术与传统捕捞法的比较

本调查中,刺网/地笼捕获种类与 eDNA 技术检出种类相差 43 种,eDNA 未检测到传统捕捞法获得的 3 种鱼类:弹涂鱼、波氏吻虾虎鱼、蛇鮈。仅 eDNA 技术检出的鱼类为圆尾拟鲮、红鳗虾虎鱼、孔虾虎鱼、中华乌塘鳢、乌鳢、泥鳅、中华刺鳅等底层鱼类,其中孔虾虎鱼、中华乌塘鳢都栖息于洞穴或水体底层、在崇明野生资源较少^[20,33];乌鳢生活在沿岸底泥水草丛生区^[34];泥鳅生活在水体底层,水温过高或过低时会潜入底泥中^[35];中华刺鳅栖息于有水草的岸边底层,白天一般潜伏在水底^[36]。此 4 次调查均在白天时间进行,最晚不过晚上 7 时。考虑到在每个位点布置的刺网出现“刺网挂底”现象的可能性,每张刺网均尽量不触及河床。地笼一般放置过夜,但因考虑到采样的效率和安全性,本研究中地笼在每个采样点都仅放置 2 h。另外,传统捕捞法也没有捕获例如食蚊鱼、间下鱊等小型中上层鱼类。考虑到网眼孔径太小无法捕获中大型鱼类的问题,本研究使用的刺网网眼孔径最小为 2 指,因此无法捕获食蚊鱼这类小型中上层鱼类。以上原因造成了本调查利用传统方法采样的一些缺陷:无法捕获个体小、隐蔽性强、昼伏夜出的鱼类物种。利用 eDNA 技术,可以弥补这些缺点,检测出传统方法难以采集到的物种。尽管如此,对于某些近海鱼类及所有海洋鱼类,本调查均没有采集到实体。先前有研究^[37]指出,eDNA 可随着水流漂移,因此,利用 eDNA 技术检出的海洋鱼类 DNA 可能是从崇明岛外围长江口海域漂入,个体在崇明岛内河道并不存在。此外,eDNA 技术还检出了非本地鱼类:尼罗罗非鱼、大口黑鲈,这两种鱼类在国内均为水产养殖品种,在崇明岛内河中检出,可能采样点附近存在水产养殖场、饭店或居民住宅,由于个别个体从养殖场逃逸,养殖场、饭店或居民住宅直接排放废水到内河环境,养殖鱼类的 DNA 随废水进入内河,随后 DNA 在采样点被采集检出。这些因素都会造成对本地真实鱼类多样性的误判。

3.3 eDNA 技术在鱼类多样性调查中的作用

eDNA 技术检测鱼类多样性的原理是利用特定引物扩增鱼类序列,然后根据扩增的序列再比对到数据库上已有的序列,得出检出鱼类物种。但由于引物特性,某些鱼类物种序列无法被扩增,或者数据库的不完整性,扩增出的序列无法对比数据库已知序列中,这两种原因都会导致 eDNA 结果的“假阴性”。目前,已有针对 eDNA 采样与分析流程优化的研究^[38]。本研究中 eDNA 技术亦无法检出由传统方法捕获的弹涂鱼、波氏吻虾虎鱼、蛇鮈,这可能由以上两种原因造成。因此,eDNA 技术在引物设计等方面还需要进一步完善,而且还需物种序列信息丰富、不断更新完整的数据库支持。

综上,本调查结合传统捕捞法和 eDNA 技术,揭示了崇明岛内河鱼类种类组成、鱼类物种多样性现状,也侧面反映崇明河道水环境现状。同时,eDNA 技术能检测出传统鱼类多样性调查手段难以捕获的物种,可以作为鱼类资源调查的一个重要补充手段。

参考文献:

- [1] 刘凯,张敏莹,徐东坡,等. 长江春季禁渔对崇明北滩渔业群落的影响[J]. 中国水产科学, 2006, 13(5): 834-840.
LIU K, ZHANG M Y, XU D P, et al. Effects of spring closed season on fishery community of the north beach of Chongming, the Yangtze River [J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2006, 13(5): 834-840.
- [2] 张涛,庄平,刘健,等. 长江口崇明东滩鱼类群落组成和生物多样性[J]. 生态学杂志, 2009, 28(10): 2056-2062.
ZHANG T, ZHUANG P, LIU J, et al. Species composition and biodiversity of fish community in Chongming Dongtan of Yangtze River estuary [J]. Chinese Journal of Ecology, 2009, 28(10): 2056-2062.
- [3] 从婷婷,童春富,赵成建,等. 崇明岛内河夏季鱼类群落组成及分布特征[J]. 生态学报, 2021, 41(5): 2067-2076.
CONG T T, TONG C F, ZHAO C J, et al. Community composition and distribution characteristics of the fish assemblages in the rivers of Chongming Island in summer [J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(5): 2067-2076.
- [4] TABERLET P, COISSAC E, HAJIBABAEI M, et al. Environmental DNA [J]. Molecular Ecology, 2012, 21(8): 1789-1793.

- [5] 王晨, 陶孟, 李爱民, 等. 基于环境 DNA 宏条形码技术的秦淮河生物多样性研究[J]. 生态学报, 2022, 42(2): 611-624.
WANG C, TAO M, LI A M, et al. Research on the biodiversity of Qinhuai River based on environmental DNA metabarcoding[J]. Acta Ecologica Sinica, 2022, 42(2): 611-624.
- [6] ALAM M J, KIM N K, ANDRIYONO S, et al. Assessment of fish biodiversity in four Korean rivers using environmental DNA metabarcoding[J]. PeerJ, 2020, 8(7): e9508.
- [7] 徐念, 熊美华, 邵科, 等. 长江中下游环境 DNA 宏条形码生物多样性检测技术初步研究[J]. 环境科学研究, 2020, 33(5): 1187-1196.
XU N, XIONG M H, SHAO K, et al. Preliminary study on environmental DNA metabarcoding for detecting biodiversity in the middle and lower reaches of the Yangtze River[J]. Research of Environmental Sciences, 2020, 33(5): 1187-1196.
- [8] YU D, SHEN Z Y, CHANG T, et al. Using environmental DNA methods to improve detectability in an endangered sturgeon (*Acipenser sinensis*) monitoring program[J]. BMC Ecology and Evolution, 2021, 21(1): 216.
- [9] EUCLIDE P T, LOR Y, SPEAR M J, et al. Environmental DNA metabarcoding as a tool for biodiversity assessment and monitoring: reconstructing established fish communities of north-temperate lakes and rivers [J]. Diversity and Distributions, 2021, 27(10): 1966-1980.
- [10] VENCES M, LYRA M L, PERL R G B, et al. Freshwater vertebrate metabarcoding on Illumina platforms using double-indexed primers of the mitochondrial 16S rRNA gene[J]. Conservation Genetics Resources, 2016, 8(3): 323-327.
- [11] PLANTE F, BOURGAULT P, DUBOIS Y, et al. Environmental DNA as a detection and quantitative tool for stream-dwelling salamanders: A comparison with the traditional active search method[J]. Environmental DNA, 2021, 3(6): 1128-1141.
- [12] XU N, ZHU B, SHI F, et al. Monitoring seasonal distribution of an endangered anadromous sturgeon in a large river using environmental DNA[J]. The Science of Nature, 2018, 105(11/12): 62.
- [13] 吴昉晟, 唐永凯, 李建林, 等. 环境 DNA 在长江江豚监测中的应用[J]. 中国水产科学, 2019, 26(1): 124-132.
WU Y S, TANG Y K, LI J L, et al. The application of environmental DNA in the monitoring of the Yangtze finless porpoise, *Neophocaena phocaenoides asaeorientalis* [J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2019, 26(1): 124-132.
- [14] 闫卉果, 董智玲, 马婷婷, 等. 基于环境 DNA 的岩原鲤检测及生物量评估[J]. 水产学报, 2022, 46(6): 1018-1026.
YAN H G, DONG Z L, MA T T, et al. Detection and biomass assessment of *Procypris rabaudi* based on environmental DNA[J]. Journal of Fisheries of China, 2022, 26(6): 1018-1026.
- [15] 周春花, 钟伟翔, 陈金萍, 等. 利用沉积物和水体的环境 DNA 检测鱼类物种多样性的差异[J]. 南昌大学学报(理科版), 2021, 45(6): 565-570, 577.
ZHOU C H, ZHONG W X, CHEN J P, et al. Difference in fish species diversity detected by environmental DNA from sediments and water [J]. Journal of Nanchang University (Natural Science), 2021, 45(6): 565-570, 577.
- [16] 王梦, 杨鑫, 王维, 等. 基于 eDNA 技术的长江上游珍稀特有鱼类国家级自然保护区重庆段鱼类多样性研究[J]. 水生生物学报, 2022, 46(1): 2-16.
WANG M, YANG X, WANG W, et al. Fish diversity in Chongqing section of the national nature reserve for rare and endemic fish in the upper Yangtze River based on eDNA technology[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2022, 46(1): 2-16.
- [17] 史树明. 上海市崇明区捕捞渔业存在的问题及相关建议[J]. 上海农业科技, 2019(1): 8-9.
SHI S M. The problems of fisheries of Chongming district, Shanghai, and the management recommendations [J]. Shanghai Agricultural Science and Technology, 2019(1): 8-9.
- [18] 伍汉霖, 钟俊生. 中国动物志: 硬骨鱼纲鲈形目-虾虎鱼亚目[M]. 北京: 科学出版社, 2008.
WU H L, ZHONG J S. Fauna Sinica: Osteichthyes, Perciformes V[M]. Beijing: Science Press, 2008.
- [19] 陈宜瑜. 中国动物志: 硬骨鱼纲 鲤形目(中卷)[M]. 北京: 科学出版社, 1998.
CHEN Y Y. Fauna Sinica: Osteichthyes, Cypriniformes II [M]. Beijing: Science Press, 1998.
- [20] 庄平. 长江口鱼类[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 2006.
ZHUANG P. Fishes of the Yangtze estuary[M]. Shanghai: Shanghai Scientific & Technical Publishers, 2006.
- [21] 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.
- [22] MIYA M, SADO T. Environmental DNA sampling and experiment manual[M]. Otsu: The eDNA Society, 2019: 30-66.
- [23] SATO Y, MIYA M, FUKUNAGA T, et al. MitoFish and MiFish Pipeline: a mitochondrial genome database of fish with an analysis pipeline for environmental DNA metabarcoding[J]. Molecular Biology and Evolution, 2018, 35(6): 1553-1555.
- [24] IWASAKI W, FUKUNAGA T, ISAGOZAWA R, et al. MitoFish and MitoAnnotator: a mitochondrial genome database of fish with an accurate and automatic annotation pipeline [J]. Molecular Biology and Evolution, 2013, 30(11): 2531-2540.
- [25] 张颖纯, 姜德刚, 李建华. 崇明岛“闸控型”河网水体富营养化特征及其影响因素[J]. 湖泊科学, 2013, 25(3):

- 366-372.
- ZHANG Y C, JIANG D G, LI J H. Characteristics of eutrophication and its affecting factors in gate-controlled river network system of Chongming Island [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2013, 25(3): 366-372.
- [26] 吴逢润,童春富. 近 30 年长江口北支演变及其对物种多样性的影响[J]. *海洋学报*, 2017, 39(2): 72-85.
- WU F R, TONG C F. Evolution of the North Branch of Yangtze Estuary in last 30 years and corresponding effects on species diversity[J]. *Haiyang Xuebao*, 2017, 39(2): 72-85.
- [27] 李娣,李旭文,牛志春,等. 江苏省不同营养状况湖泊底栖动物群落结构与多样性比较[J]. *生态毒理学报*, 2017, 12(1): 163-172.
- LI D, LI X W, NIU Z C, et al. A comparative study on macrobenthic community structure and diversity in different trophic status lakes of Jiangsu province[J]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2017, 12(1): 163-172.
- [28] 余文娟,沈建忠,龚江,等. 长江中游贝氏鲮繁殖生物学研究[J]. *淡水渔业*, 2018, 48(3): 53-60.
- YU W J, SHEN J Z, GONG J, et al. Reproductive biology of *Hemiculter bleekeri* in the middle reaches of the Yangtze River [J]. *Freshwater Fisheries*, 2018, 48(3): 53-60.
- [29] 乐观. 崇明岛河道水质理化指标及其与三种主要浮游动物分布的相关性研究[D]. 上海:华东师范大学, 2008: 9-15.
- LE G. Studies on physico-chemical parameter and its correlation with the distribution of three main zooplanktons collected from rivers in Chongming Island [D]. Shanghai: East China Normal University, 2008: 9-15.
- [30] 牛翠娟,娄安如,孙儒泳,等. 基础生态学[M]. 3 版. 北京:高等教育出版社, 2015.
- NIU C J, LOU A R, SUN R Y, et al. *Foundations in ecology* [M]. 3rd ed. Beijing: Higher Education Press, 2015.
- [31] 徐晓丽,张彩军,吴剑峰,等. 麦穗鱼对盐度和酸碱度的耐受性[J]. *湖北农业科学*, 2012, 51(7): 1423-1425.
- XU X L, ZHANG C J, WU J F, et al. Study on the tolerance of salinity and pH in the fish, *Pseudorasbora parva* [J]. *Hubei Agricultural Sciences*, 2012, 51(7): 1423-1425.
- [32] 夏曼莉. 大鳍鲮(鲮鱼)对水质和沉水植物生长的影响及其对浅水湖泊生态修复的启示[D]. 广州:暨南大学, 2020: 38-39.
- XIA M L. Effects of *Acheilognathus macropterus* (bitterling fish) on water quality and growth of submerged macrophytes: implications for shallow lake restoration [D]. Guangzhou: Jinan University, 2020: 38-39.
- [33] 钟爱华,李明云. 中华乌塘鳢的生物学特性及人工育苗研究进展[J]. *浙江海洋学院学报(自然科学版)*, 2002, 21(3): 269-272.
- ZHONG A H, LI M Y. The advancement of the biological characters and the artificial propagation of *Bostrichthys sinesis* [J]. *Journal of Zhejiang Ocean University (Nature Science)*, 2002, 21(3): 269-272.
- [34] 赵永军,徐文彦,赵慧. 鳊、鳙、鳊、鳊的生态习性[J]. *水产科学*, 2004, 23(6): 26-27.
- ZHAO Y J, XU W Y, ZHANG H. Ecology of *Siniperca chuatsi*, *Ophicephalus argu*, *Elopichthys bambusa*, and *Silurus asotus* [J]. *Fisheries Science*, 2004, 23(6): 26-27.
- [35] 刘孝华. 泥鳅的生物学特性及养殖技术[J]. *湖北农业科学*, 2008, 47(1): 93-95.
- LIU X H. Biological characteristics and cultivation of Loach [J]. *Hubei Agricultural Sciences*, 2008, 47(1): 93-95.
- [36] 赵子明,刘美剑. 我国刺鳅生物学研究进展[J]. *江苏农业科学*, 2017, 45(4): 9-12.
- ZHAO Z M, LIU M J. Recent progress in the biology of the family Mastacembelidae in China [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2017, 45(4): 9-12.
- [37] DEINER K, FRONHOFER E A, MÄCHLER E, et al. Environmental DNA reveals that rivers are conveyor belts of biodiversity information[J]. *Nature Communications*, 2016, 7(1): 12544.
- [38] BUXTON A, MATECHOU E, GRIFFIN J, et al. Optimising sampling and analysis protocols in environmental DNA studies [J]. *Scientific Reports*, 2021, 11(1): 11637.

Integrating environmental DNA technology and traditional fish survey to reveal the diversity of fishes in the rivers on the Chongming Island

LING Lanxin^{1,2}, FAN Gong^{1,2}, HU Yun^{1,2}, HUANG Junman^{1,2}, LI Chenhong^{1,2}

(1. Engineering Research Center of Environmental DNA and Ecological Water Health Assessment, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China; 2. Shanghai Universities Key Laboratory of Marine Animal Taxonomy and Evolution, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

Abstract: The Chongming Island is located at the estuary of the Yangtze River. There are dense rivers and abundant fish resources on the Chongming Island, however, illegal fishing continues despite prohibitions, seriously affecting the level of the fish resources. Besides, fish diversity is an important indicator for aquatic ecology conservation. For evaluating and revealing fish resources and diversity in Chongming Island in Shanghai and reveal fish diversity, a quarterly survey was conducted in 24 sampling sites in the rivers of the Chongming Island from June 2020 to May 2021 which integrated environmental DNA technology and traditional fishing method. In this survey, a total of 78 fish species were detected, covering 13 orders and the Cypriniformes was the dominant species, accounting for 44% of total species found. The annual Shannon-Wiener diversity index calculated based on fish samples was 2.08, and the annual Shannon-Wiener diversity index calculated based on environmental DNA data was 2.96 respectively, indicating that the Chongming Island is rich in fish diversity. The common dominant species identified by the two methods were *Parabramis pekinensis*, *Pseudobrama simoni*, *Pseudorasbora parva*, *Rhinogobius giurinus* and *Acheilognathus macropterus*, indicating that the fish community structure in the rivers of Chongming Island is dominated by freshwater fish. The Principal Coordinate Analysis and the PERMANOVA test indicated that there are differences in fish composition between the community of East and West community ($R^2 = 0.1012$, $P = 0.0276$). We suggest that environmental DNA technology should be used as an important supplementary means for the investigation of fish resources and diversity. This study reported the existing status of fish resources and diversity of Chongming Island and provided basic data for rational utilization and conservation of the fish resources on the Chongming Island.

Key words: environmental DNA; Chongming Island; ecological survey; biodiversity